

30 Congreso nacional **Genómica y Terapias Dirigidas**
2017

CÁDIZ **26** **MAYO**
27 Palacio de Congresos

CURSO PREVIO (TSLCB-TSAPyC) 25, 26 y 27 de mayo

“Avances en Genómica y Terapias Dirigidas”

Declarado de interés Sanitario por el
Ministerio de Sanidad,
Servicios Sociales e Igualdad.

Reconocimiento de interés
científico-sanitario
por la Consejería de Salud de
la Junta de Andalucía



ESPECIAL TRABAJOS CIENTÍFICOS

— **Comité Organizador** —

Presidente	Juan Carlos Rodríguez Pérez
Vicepresidente	José Herminio García Vela
Vicepresidenta y Directora del Curso Previo	Patricia Fernández González
Secretaría Técnica	Ignacio Pulido Letrán
Secretaría De Finanzas	Enriqueta Pumarejo Gómez

— **Junta Directiva Aetel** —

Presidente	Juan Carlos Rodríguez Pérez
Vicepresidenta	Patricia Fernández González
Tesorera	Enriqueta Pumarejo Gómez
Secretario	Ignacio Pulido Letrán
Vocales	Carmen Díaz González
	Ángel Estébanez Gallo
	José Herminio García Vela
	José María González Herbón
	María Jesús Lagarto Benito
	Jesús Carlos Revenga Prieto
	María Luisa Romero García
	Marcos Vázquez Castro

— **Comité Científico** —

Presidenta	M. ^a Jesús Lagarto Benito
Coordinadores Científicos	Carmen Casado Hernández
	M. ^a José de Cabo Morales
	Teresa Prieto Martín
	Rosaura Reguera Andrés
	Javier Sánchez Hernández



SUMARIO

- Anatomía Patológica	04
- Bioquímica	23
- Genética	85
- Hematología	99
- Inmunología	130
- Microbiología	145
- Miscelánea	203
- Índice de autores	207

DIRECTOR Juan Carlos Rodríguez Pérez

CONSEJO REDACCIÓN Patricia Fernández González, M.^a Jesús Lagarto Benito.

REDACCIÓN AETEL C/ Cabeza de Vaca, 14 - Teléfono 923 252 395 - Fax 923 252 347

37004 Salamanca - salamanca@aetel.es

EDITA AETEL

DISEÑO e IMPRESIÓN Alfredo Gráficos - alfredograficos@alfredograficos.com

Dep. Legal M-10477-89 ISSN 1699-1036 Tirada 7.000 ejemplares

DISTRIBUCIÓN AETEL se distribuye a todos los socios, suscriptores, autoridades sanitarias y educativas

ANATOMÍA PATOLÓGICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 073

SOBREEXPRESIÓN DE MET Y AXL EN PACIENTES CON CPCNP EGFR MUTADOS TRATADOS CON TERAPIAS ANTI-EGFR

Autor/a/s: Yeste, Zaira; Teixido, Cristina; Peg, Vicente; Castellví, Josep; Rodríguez, Sonia; Alonso, Lidia; Aldeguer, Erika; Jordana, Núria; Molina, Miguel Angel; Rosell, Rafael

Centro de trabajo: Pangaea Oncology, Hospital Quirón Dexeus

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: zyeste@panoncology.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer de pulmón es la primera causa de muerte por cáncer en el mundo. Pacientes con cáncer de pulmón de célula no pequeña (CPCNP) que presentan una mutación en el receptor EGFR pueden beneficiarse de un tratamiento específico con fármacos anti-EGFR que inhiben su dominio tirosina quinasa (TKI). Entre los mecanismos de resistencia descritos a las diferentes generaciones de inhibidores de EGFR-TKI se encuentran la activación de los receptores MET y AXL.

OBJETIVO:

Estudiar la expresión de MET y AXL en una cohorte de pacientes con CPCNP EGFR mutados pre-tratados y post-tratados con inhibidores EGFR-TKI.

MATERIAL Y MÉTODOS:

94 pacientes con CPCNP avanzado mutados de EGFR se han seleccionado retrospectivamente del archivo de Pangaea Oncology para la determinación por inmunohistoquímica (IHQ) de la expresión del receptor tirosina quinasa MET (clon SP44, anticuerpo primario monoclonal de conejo, Roche, 790-4430, RTU) y AXL (clon C89E7, anticuerpo monoclonal de conejo Cell Signaling, #8661, 1:100).

Para la determinación de IHQ se cortaron las muestras tumorales en secciones de 4 micras y la tinción se realizó con la plataforma automática (Benchmark ULTRA; Ventana Medical Systems, Inc. (Ventana). La expresión de AXL se ha considerado positiva a partir de 2+50%, mientras que la de MET a partir de 3+50%.

RESULTADOS:

Se han analizado 47 muestras pre-tratamiento y 51 muestras post-tratamiento. Ninguna de las muestras pre-tratamiento resultaron positivas para AXL (0/47) aunque se detectó en un 15% de ellas niveles bajos de expresión. Por otro lado, en estas mismas muestras se observó positividad de MET en 2 pacientes (2/34, 5.9%). De las muestras post-tratamiento, 6 resultaron positivas para AXL (6/51, 11.8%) y 15 para MET (15/35, 42.8%). Para ambas proteínas, las frecuencias de positividad en muestras pre y post-tratamiento resultan significativamente diferentes ($p=0.02$ y $p=0.0004$ respectivamente).

CONCLUSIONES:

La sobreexpresión de MET y AXL es más frecuente en muestras que se han sometido a tratamiento con EGFR-TKI respecto a las biopsias analizadas pre-tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 083

ESTADO DEL GEN HER2 EN EL CÁNCER DE MAMA EN EL H.U.G.C.DR.NEGRÍN 2014/2016

Autor/a/s: González Fuentes, Laura - Cepeda Pérez, Yolanda - Muñoz Criado, Isabel

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE GRAN CANARIA DR. NEGRÍN

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: pumukicanarias@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer de mama es el tumor más frecuente en las mujeres occidentales. En España se diagnostican alrededor de 25000 nuevos casos de cáncer de mama al año (situación del cáncer en España 2014).

Con lo que podemos decir que **1 de cada 8 mujeres** tendrá cáncer de mama a lo largo de su vida (AECC). Actualmente está demostrada la importancia de la determinación del gen Her2 en el cáncer de mama, sus protocolos de determinación se realizan mediante inmunohistoquímica (en nuestro hospital usamos el kit de ventana pathway) y la utilización de técnicas de hibridación in situ (usamos el SISH).

En nuestros centros la determinación del estado del Her2 se realiza principalmente sobre cortes histológicos en la pieza quirúrgica salvo en aquellos casos que el comité de mama decida que esa paciente es candidata a tratamiento Neoadyuvante (pacientes con un tumor mayor de 3 cm, axila positiva o receptores hormonales negativos).

Se tomó esta decisión teniendo en cuenta que la mayor cantidad de casos diagnosticados no son candidatos a recibir tratamiento Neoadyuvante, y en la pieza podemos contar con una mayor representación del tumor (principalmente pensado en la posible heterogeneidad tumoral).

OBJETIVOS:

Mostrar la experiencia en la determinación del estado del Her2 en el H.U.G.C.Dr.Negrín entre los años 2014 al 2016 (teniendo en cuenta el número de determinaciones sobre cortes en piezas quirúrgicas y el número de determinaciones en trucuts o biopsias incisionales) y comparar los resultados obtenidos con la media nacional de los hospitales adscritos al control de calidad ConfirmaHer2.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Recolectar los datos de todas las determinaciones de Her2 realizadas por inmunohistoquímica en el H.U.G.C.Dr.Negrín entre los años 2014 al 2016.
- Cuantificar las siguientes variables: número de determinaciones en cada año, número de pacientes por año, número de nuevos diagnósticos anuales, número de determinaciones del Her2 por inmunohistoquímica, número de determinaciones del Her2 por SISH, número de determinaciones del Her2 exclusivamente en piezas quirúrgicas, número de determinaciones del Her2 en biopsias (trucuts) número de pacientes con sobreexpresión / amplificación del Her2 totales por año.
- Determinar el porcentaje de casos positivos para Her2 al año y compararlo con la media nacional de los hospitales españoles adscritos al control de calidad ConfirmaHer2 de la Sociedad Española de Anatomía Patológica (SEAP).

RESULTADOS:

Se obtuvieron estadísticas del estudio del Her2 del H.U.G.C.Dr.Negrín cuantificando las variables mencionadas. Sus resultados se compararon con los resultados de todos los hospitales a nivel nacional adscritos al programa ConfirmaHer2.

CONCLUSIONES:

Con una técnica optimizada tanto para la inmunohistoquímica como para la hibridación in situ (SISH), realizar la determinación también sobre cortes de piezas quirúrgicas, nos da resultados óptimos que se ajustan al porcentaje de positividad del Her2 de la literatura.

Al comparar la positividad de Her2 de nuestro centro con los datos globales de todos los centros participantes del programa de calidad ConfirmaHer2 a nivel nacional, no se observan diferencias significativas en los resultados, pero si están próximos a diferenciarse (confianza de más del 90%). Con estos resultados se nos recomienda sigamos incluyendo nuevos casos y revisando esta comparativa para evaluar cómo evolucionan nuestros resultados.

ENFERMEDAD DE LYME

Autor/a/s: Juana María Marín Díaz; María José López Lorenzo

Centro de trabajo: Hospital Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: kaxarel@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La enfermedad de Lyme es una enfermedad que desencadena una espiroqueta y que se transmite a través de la picadura de una garrapata. Es desconocida por el público general pese a su frecuencia, ya que se producen 6 veces más casos anuales que el VIH.

OBJETIVOS:

El principal objetivo es identificar los síntomas para realizar un diagnóstico precoz, ya que un paciente, suele tardar 2 años en recibir el diagnóstico correcto. Esto se debe a que esta enfermedad tiene síntomas comunes a otras enfermedades como ELA, fibromialgia, esclerosis múltiple, Lupus, etc.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se basan en la detección de anticuerpos como el test ELISA. También se usan técnicas de biología molecular como western blot. Normalmente se detecta en Sangre, Líquido Cefalorraquídeo o mediante biopsia histológica.

RESULTADOS:

El test de ELISA da muchos falsos negativos y el western blot da un 39% de falsos negativos según un estudio reciente. Pero el 100% poseía eritema migrans, que podríamos decir, que es el principal test.

CONCLUSIONES:

Sospechar inmediatamente que el paciente sufre enfermedad de Lyme si posee eritema migrans. Realizar directamente western blot para evitar una prueba innecesariamente, ya que ELISA es menos fiable. Si hay sospechas de neuroborreliosis realizar punción lumbar. Si se puede realizar biopsia para identificar la espiroqueta (Biología molecular, Técnicas de Inmunofluorescencia, Warthin-Starry), realizarla, ¿Por qué? Porque actualmente no existen marcadores sensibles y fiables de esta enfermedad.

CARACTERIZACIÓN DE LAS ALTERACIONES RETINIANAS EN RATAS ZDF DIABÉTICAS TIPO II

Autor/a/s: Juan Antonio López-García (1), Iván Fernández-Bueno (1), Robert Jones (2), Sharon Cheetham (2), Yolanda Diebold (1).

Centro de trabajo: (1) Instituto de Oftalmobiología Aplicada (IOBA), Universidad de Valladolid, España; (2) RenaSci Ltd. Nottingham, Reino Unido.

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: antonio.lopez@ioba.med.uva.es

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La retinopatía diabética es una complicación de la diabetes y una de las causas principales de ceguera. Ocurre cuando la diabetes daña a los pequeños vasos sanguíneos de la retina, que es el tejido sensible a la luz situado en la parte interna del ojo. Nuestro grupo de trabajo ha establecido una colaboración internacional con la empresa RenaSci Ltd. Nottingham, Reino Unido subvencionada por el programa europeo Marie Curie FP7-PEOPLE-2013-IAPP, uno de cuyos objetivos es la caracterización de las alteraciones en la retina de ratas con diabetes tipo II.

OBJETIVO:

Caracterizar la degeneración retiniana en un modelo de ratas obesas diabéticas tipo II (ZDF) mediante evaluación histológica e inmunohistoquímica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se utilizaron ratas macho control (n=6) y ratas diabéticas ZDF (n=6). Los animales se mantuvieron en condiciones normales de estabulación. A las 24 semanas de edad se determinaron los niveles de glucosa y los pesos corporales, y posteriormente se sacrificaron de una forma humanitaria. Los ojos fueron enucleados y fijados en paraformaldehído al 4% en tampón fosfato durante un mínimo de 24 horas. Tras ello, se incluyeron en parafina y se realizaron secciones en el micrótopo a 4 micras. Las secciones oculares fueron teñidas con la tinción de rutina hematoxilina y eosina para valorar la morfología general. Para la visualización de las células en apoptosis se utilizó la técnica de TUNEL (1:10). También se emplearon diversos marcadores fenotípicos mediante inmunofluorescencia indirecta para la caracterización de las alteraciones en la retina de las ratas diabéticas ZDF, cuyas características se recogen en la siguiente tabla.

Marcador molecular	Especificidad	Anticuerpo	Dilución
Vimentina	Células gliales	Mouse monoclonal	1:250
Glial fibrillary acidic protein (GFAP)	Células gliales	Rabbit polyclonal	1:500
Recoverina	Fotorreceptores y células bipolares	Rabbit polyclonal	1:500
Retinal pigment epithelium-specific 65 (RPE65)	Epitelio pigmentario de la retina	Mouse monoclonal	1:100
Zonula occludens protein 1 (ZO1)	Epitelio pigmentario de la retina	Rabbit polyclonal	1:50
Isolectina B4 de Griffonia simplicifolia	Células endoteliales	--	1:50

RESULTADOS:

Los niveles de glucosa en sangre fueron significativamente mayores en las ratas diabéticas ZDF en comparación con los controles (38,0±1,0 y 10,6±0,6 mM, respectivamente). En los pesos corporales no se encontraron diferencias significativas. Las ratas diabéticas ZDF mostraron regiones en la retina con cambios morfológicos indicativos de degeneración, además de presentar núcleos TUNEL positivos en el área de los segmentos internos de los fotorreceptores. La expresión de Vimentina y de GFAP estaba aumentada en el citoplasma de las células de Müller hasta la capa nuclear externa en las ratas diabéticas ZDF con respecto a las ratas control. No se observaron cambios significativos en la expresión de recoverina entre las ratas control y las ratas ZDF. Se observó marcaje de la proteína RPE65 en las células del epitelio pigmentario de la retina (EPR) sin cambios entre los dos grupos de estudio. La proteína ZO1 se distribuía en la zona del núcleo de las células EPR en los controles, mientras que aparecía de forma difusa en el citoplasma de las células EPR de las ratas diabéticas ZDF. Finalmente, no se observaron cambios significativos en la expresión del marcador de células endoteliales Isolectina B4.

CONCLUSIONES:

Se han conseguido caracterizar los cambios degenerativos que aparecen en la retina en las ratas diabéticas ZDF mediante inmunohistoquímica y que son indicativos de una retinopatía diabética inicial. Este modelo animal de diabetes tipo 2 puede ser útil para comprender la patogénesis de la retinopatía diabética, así como para evaluar la eficacia de diferentes fármacos neuroprotectores en la diabetes.

FINANCIACIÓN:

FP7-PEOPLE-2013-IAPP (612218/3D-NET) y FEDER-CICYT MAT2013-47501-CO2-1-R

DESARROLLO DE UN MODELO ORTOTÓPICO Y METASTÁTICO DE CARCINOMA ESCAMOSO DE CABEZA Y CUELLO

Autor/a/s: Navas, Luis Carlos; Pavón, Miguel Ángel; León, Xavier; Quer, Miquel; Gallardo, Alberto; Mangues, Ramón y Arroyo, Irene.

Centro de trabajo: Grup d'Oncogènesis i Antitumorals, Institut de Recerca HSCSP / CIBER-BBN / Laboratori d'Infeccions i Càncer, ICO-IDIBELL.

Localidad: Barcelona.

Correo electrónico del primer firmante: lnavas@santpau.cat

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El carcinoma escamoso de cabeza y cuello (CECC) es el sexto cáncer más frecuente en los países desarrollados. El tratamiento habitual de los pacientes con CECC es multimodal y conlleva la utilización de quimioterapia, generalmente basada en cisplatino, y combinada con radioterapia y/o cirugía. Sin embargo, un alto porcentaje de pacientes sufren metástasis, desarrollan tumores secundarios o resistencia al tratamiento. En este contexto, el desarrollo de un modelo animal de CECC podría ser útil para estudiar la implicación de determinados genes y proteínas en el crecimiento tumoral y diseminación metastásica, así como testar su posible influencia en relación con el desarrollo de resistencias al tratamiento antitumoral.

OBJETIVO:

El propósito de este estudio es generar un modelo animal en el que las células tumorales presenten un crecimiento y un patrón de diseminación/colonización similar al que tiene lugar durante el desarrollo de un CECC en humanos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realizamos una transducción lentiviral en células tumorales pertenecientes a líneas de CECC (UM-SCC-22A, UM-SCC-22B, SCC-25, SCC-9 y UM-SCC-74B) con plásmidos que expresan luciferasa (pSIN-DUAL-GFP1-Luciferase). La selección de las células transducidas la obtuvimos mediante técnicas de citometría y FACS (Fluorescente-Activated Cell Sorting).

Las células tumorales fueron implantadas en ratones inmunodeprimidos siguiendo 3 procedimientos distintos: 1) Implantación a nivel subcutáneo diferentes inóculos de células tumorales (1×10^6 - 10×10^6) en 2 ratones hembra de 4 semanas de edad por línea celular y de la cepa Swiss Nude. Los ratones se sacrificaron por dislocación cervical a los 40 días o bien cuando el volumen del tumor alcanzó los 900 mm^3 ; 2) implantación 1×10^6 de células en la lengua de 3 ratones Swiss Nude por cada línea celular; 3) implantación 1×10^6 células de las líneas UM-SCC-22A y UM-SCC-74B en la lengua de 10 ratones de la cepa NOD/SCID. Procedimos a la extirpación quirúrgica de la mayor parte del tumor localizado en la lengua cuando este fue detectado macroscópicamente.

En los tumores subcutáneos mediante inmunohistoquímica analizamos la expresión de vimentina, E-cadherina y N-cadherina. En los dos experimentos de implantación ortotópica en lengua, los ratones se sacrificaron cuando su peso descendió un 15%. Tras el sacrificio del ratón se realizó un registro de señal de luminiscencia ex vivo de los ganglios cervicales, pulmón, hígado y lengua en el IVIS Spectrum. Todos los órganos, incluido el tejido tumoral, se recogieron en una solución de paraformaldehído al 4% y se conservaron para un posterior análisis histológico a través de una tinción con hematoxilina-eosina.

RESULTADOS:

La generación de líneas de CECC luminiscentes permitió el seguimiento in vivo del crecimiento de las células tumorales implantadas de una manera no invasiva de los ratones. Además permitió identificar ex vivo la aparición de focos metastásicos en órganos diana.

Las líneas UM-SCC-22A y UM-SCC-22B generaron tumores a nivel subcutáneo en el 100% de los casos en todas las condiciones de número de células inoculadas (1×10^6 , 5×10^6 , 10×10^6). La línea UM-SCC-74B generó tumores subcutáneos a partir de la condición de

5×10^6 células. Las líneas SCC-9 y SCC-25 no generaron tumores subcutáneos en ninguna de las condiciones probadas.

El análisis histológico de los tumores generados por las líneas UM-SCC-22A y UM-SCC-22B mostró que las dos tenían un fenotipo epitelial, con una marcada tinción de E-cadherina y una baja tinción de vimentina y N-cadherina. La línea UM-SCC-74B presentó un fenotipo mesenquimal, con elevada tinción de vimentina, moderada de N-cadherina y muy baja de E-cadherina.

En el modelo ortotópico de inyección de células de CECC en lengua de ratones Swiss Nude, la línea UM-SCC-22A generó tumor primario en el 100% de los ratones y una diseminación a ganglios cervicales en el 33% de los ratones implantados. La línea UM-SCC-74B generó tumor primario en el 100% de los ratones implantados y metástasis en pulmón en el 33% de los ratones. Las líneas UM-SCC-22B y SCC-25, generaron tumor primario en el 100% y en el 66% de los ratones implantados, respectivamente, pero no produjeron metástasis en ningún órgano. La línea SCC-9 no generó tumor primario en ninguno de los ratones implantados.

En el modelo ortotópico en lengua con ratones NOD/SCID realizado con la línea UM-SCC-22A, el 100% de los ratones presentaron tumor primario y metástasis en ganglios cervicales, y un 11% presentó metástasis pulmonar. En el caso de la línea UM-SCC-74B, el 21% de los ratones presentó metástasis ganglionar y el 14% presentó metástasis en pulmón.

CONCLUSIÓN:

Hemos obtenido un modelo animal murino derivado de las líneas UM-SCC-22A y UM-SCC-74B en la cepa NOD/SCID que replica la diseminación del CECC en humanos ya que hemos observado el desarrollo de metástasis ganglionares y de metástasis a distancia en el pulmón en un porcentaje elevado de los ratones implantados.

NEOPLASIA SÓLIDA PSEUDOPAPILAR DE PÁNCREAS DIAGNOSTICADA POR EUS-PAAF

Autores: María Teresa Margarita Blanco Tato, María Inés Fernández Campos, Nuria Escudero García, Silvia Margarita García Acuña, Ihab Abdulkader Nallib.

Centro de trabajo: Departamento de Anatomía Patológica y ciencias forenses y servicio de Anatomía Patológica y Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela.

Correo electrónico del primer firmante: margablantat@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La neoplasia sólida pseudopapilar de páncreas es un tumor maligno de bajo grado, poco frecuente, siendo entre el 0,9% y el 2,7% de las neoplasias pancreáticas exocrinas y un 5% de las lesiones quísticas, afectando con más frecuencia a mujeres jóvenes (con un rango de edad 7-79 años).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Presentamos el caso de una mujer de 39 años con historia de dolor abdominal inespecífico, a la que se le realizaron estudios radiológicos, en los cuales, se detectó una formación nodular sólida e hipoeoica de 32 mm en cola de páncreas. Se realizó punción aspiración con aguja fina guiada por ecoendoscopia (EUS-PAAF). Del material obtenido, mediante extensiones y lavado de aguja en Thinprep (Hologic) se realizaron diferentes técnicas citológicas para obtención de diff-quick, papanicolau y un bloque celular. En ellas se observó frotis moderadamente celular constituido por células monomorfas, con leve atipia, núcleos redondos u ovales y moderada cantidad de citoplasma, que tienden a formar agregados entre los que se identificaron ocasionales depósitos de aspecto hialino. El estudio IHQ mostró positividad en las células neoplásicas para Beta-catenina (nuclear y citoplasmática), con negatividad para marcadores neuroendocrinos

(cromogranina y sinaptofisina). El conjunto de hallazgos en la PAAF sugirió como primera opción diagnóstica el tumor sólido pseudopapilar de páncreas. Posteriormente se realizó pancreatomectomía distal con confirmación diagnóstica en la pieza.

CONCLUSIONES:

El adecuado manejo del material citológico permite un diagnóstico correcto. Este diagnóstico, a su vez permite la selección de pacientes para la realización de una técnica quirúrgica más conservadora.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 166

APLICACIÓN DE LA PATOLOGÍA DIGITAL EN LA BIOPSIA INTRAOPERATORIA

Autor/a/s: Moral Moreno Maria de los Angeles, Carvajal Arrebola Cristina, Pastor Agea Miguel, Bueno Paradas Antonio, Moreno Aranda Manuela

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad:Granada

Correo electrónico del primer firmante: ages-82@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La biopsia intraoperatoria convencional se realiza el estudio del material obtenido durante el acto quirúrgico con el fin de determinar la naturaleza de la lesión y emitir un diagnóstico que permita adoptar una conducta quirúrgica adecuada. En la actualidad no existe ninguna Unidad que utilice la patológica digital aplicada en la biopsia intraoperatoria convencional, esto es debido a que los tiempos en las intraoperatorias son reducidos y para ello sería necesario un escáner ultrarrápido.

OBJETIVOS:

Aplicar la patología digital en el procedimiento de la intraoperatoria de la biopsia intraoperatoria convencional.

Crear un proceso de intraoperatoria en el sistema de información de trazabilidad del laboratorio.

Integrar los procesos con el sistema de gestión de imágenes.

Evaluar los tiempos en los diferentes pasos de la intraoperatoria haciendo hincapié en el tiempo de escaneado.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudia 15 casos de biopsia intraoperatoria convencional utilizando patología digital con escáner ultrarrápido, mediante la integración de los siguientes softwares: sistemas de información del laboratorio, sistema de trazabilidad del laboratorio, sistema de la gestión de la imagen.

RESULTADOS:

El tiempo de escaneado de las preparaciones dentro del proceso de biopsia intraoperatoria convencional osciló entre 3-6 minutos.

El tiempo total del proceso de la intraoperatoria osciló entre 22-30 minutos.

DISCUSIÓN:

La patología digital integrada en el proceso final de la biopsia intraoperatoria convencional es un valor añadido, ya que al poder tener digitalizadas las imágenes, permiten que puedan ser visualizadas en quirófano y compartidas con todos los implicados en este proceso quirúrgico siendo más preciso el diagnóstico de la biopsia intraoperatoria con un beneficio claro en el paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 169

¿CÓMO AFECTA LA IMPLEMENTACIÓN DE LA PATOLOGÍA DIGITAL EN LOS CORTES DE CILINDROS PROSTÁTICOS?

Autor/a/s: Pastor Agea Miguel, Bermejo Casares Fabiola, Calderón Robles Patricia, Moreno Suarez Elena, Galdón Montero Felipe.

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad:Granada

Correo electrónico del primer firmante: m.pastor.agea@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La biopsia de cilindros prostáticos consiste en analizar (en el Complejo Hospitalario Universitario de Granada) hasta un total de 12 cilindros agrupándolos de dos en dos y depositándolos en esponjas de nylon para evitar la superposición y pérdida de material. De tal manera se consigue un bloque tisular óptimo para su procesamiento y posterior aplicación en el sistema de patología digital de nuestra Unidad.

OBJETIVOS:

Identificar de qué manera el óptimo procesamiento de los cilindros influye en el posterior diagnóstico en el sistema de patología digital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudian 25 casos, cada uno de ellos con 12 cilindros, 6 de cada lóbulo prostático, utilizando un escáner ultrarrápido de patología digital con secciones de diferente espesor: 2,5 micras, 5 micras y 7 micras.

RESULTADOS:

En muestras con grosor superior a 2,5 micras se observan áreas de desenfoque tisular y superposición nuclear que dificultan el diagnóstico y/o pueden alterar el grado tumoral.

CONCLUSIONES:

La implementación de un sistema de patología digital en nuestra Unidad afecta directamente a la realización las secciones, sobre todo, en lo que a espesor se refiere, ya que se necesita un corte muy fino para poder ver las estructuras íntegras sin que exista superposición celular y/o nuclear que afecte a la calidad del diagnóstico final.

A su vez, en espesor de dos micras se evita el desenfoque, y se reduce la posibilidad de petición de nuevos cortes seriados, con el consiguiente deterioro en el bloque y la muestra.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 170

EVALUACIÓN DEL NÚMERO DE MUESTRAS DE TUMORES RENALES OBTENIDAS PARA BIOBANCO EN EL COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE GRANADA

Autor/a/s: Carvajal Arrebola Cristina, Segura Pérez Ana, Moreno Aranda Manuela, Gálvez Fuentes Dolores, Montes Franco Antonia.

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad:Granada

Correo electrónico del primer firmante: cristina_carvajal93@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En la época de la medicina personalizada los biobancos cumplen un papel fundamental para la obtención de muestras que permitan comprender la patogénesis tumoral y el posterior establecimiento de dianas terapéuticas. En este contexto, es importante contar con un número adecuado de muestras que reflejen la diversa heterogeneidad tumoral.

OBJETIVOS:

Evaluar qué porcentaje del total de las muestras de tumor renal remitidas a nuestra unidad son procesadas, según el circuito protocolizado de Biobanco, tras su llegada inmediata postoperatoria al servicio de Anatomía Patológica del Complejo Hospitalario Universitario de Granada (CHUG).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se evaluaron las muestras de riñón procedentes de donantes de la provincia de Granada recibidas en la unidad en el año 2016. Las muestras son examinadas rutinariamente por el patólogo responsable, quien decide de cuáles de los riñones tumorales remitidos se procesa muestra para Biobanco.

RESULTADOS:

Del total de las 84 muestras de riñón remitidas, se obtuvo muestra para Biobanco en 40 pacientes. El resto de las muestras no fueron procesadas, principalmente por escasez de tejido tumoral o por estimarse que su procesamiento interferiría con el posterior diagnóstico. Las muestras tomadas se procesaron en congelación con OCT y almacenadas en congeladores de - 80°C por el técnico de anatomía responsable de Biobanco.

CONCLUSIONES:

Conclusiones: La Unidad de Anatomía Patológica del CHUG obtuvo muestra para Biobanco en aproximadamente el 50% de las muestras de tumor renal remitidas. La escasez de tejido tumoral o la interferencia con diagnóstico fueron los principales motivos para el no procesamiento de las muestras rechazadas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 172

VALORACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL ESTUDIO DE LA MUTACIÓN EGFR ANALIZADO POR SISTEMA COBAS EN EL SERVICIO DE ANATOMÍA PATOLÓGICA DEL H. CAMPUS DE LA SALUD DE GRANADA

Autor/a/s: Gutiérrez Ariza Marina Camila, Bueno Paradas Antonio Javier, García Pérez Inmaculada, Luzón Guindos Miriam, Carvajal Arrebola Cristina.

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: maguar00@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El EGFR o receptor del factor de crecimiento epidérmico es una proteína presente en la membrana celular, que, como su nombre indica, permite la recepción de los llamados factores de crecimiento, los cuales estimulan la proliferación celular. Es sabido que en algunos cánceres, sobre todo en el adenocarcinoma de pulmón, existe una sobreexpresión del EGFR, lo que implicaría una actividad constante y descontrolada; por ello, la identificación del oncogén responsable cada vez es más utilizada en los diagnósticos, permitiendo incluso el desarrollo de ciertas terapias dirigidas, con fármacos específicos para su regulación.

OBJETIVOS:

En el servicio de Anatomía Patológica se realiza la determinación del EGFR a través del sistema COBAS 4800 de Roche Diagnostics en el laboratorio de biología molecular. Elaboramos un seguimiento de los estudios realizados durante los dos últimos años (2015 y 2016), teniendo en cuenta las posibles consecuencias diagnósticas y la repercusión terapéutica que tiene sobre el paciente la existencia de mutación de EGFR en la formación del cáncer de pulmón que padece.

MATERIAL Y MÉTODOS:

1. Extracción de DNA: Automatizado con el sistema QIAcube de QIAGEN, kit QIAamp DNA FFPE Tissue Kit .

- Preparación del tejido: Se puede realizar partiendo desde una muestra citológica o una biopsia, realizando 8 disecciones al micrómetro a 5 µm, contenido en un tubo de elución con 180 µl de buffer y 20 µl de proteinasa K (PK).

- Digestión con PK, incubación en termobloques: 1h a 56°C seguido de 1h a 90°C.

- Extracción de DNA mediante columnas en QIAcube.

2. Cuantificación del DNA: La cuantificación se realiza mediante un Nanodrop, utilizando como blanco el Buffer de elución final del proceso de la extracción de DNA.

3. Preparación de la PCR. Amplificación: Para su determinación utilizamos el sistema COBAS 4800 de Roche Diagnostics que realiza una PCR a tiempo real. La prueba realiza la determinación e identificación cualitativa de hasta 43 mutaciones dentro de los exones 18, 19, 20 y 21 del gen EGFR.

- A través de la cuantificación de DNA, se realizan diluciones de cada muestra para evitar la saturación durante la PCR.

- Preparar las mezclas de reacción (MMX) 1, 2 y 3 (cada una realiza la determinación para una mutación distinta) para el número total de muestras más dos controles, uno positivo y otro negativo.

- Dispensar 25 µl de MMX en cada pocillo de una microplaca y, posteriormente, 25 µl de muestra en su pocillo correspondiente, homogeneizando con la micropipeta y evitando la formación de burbujas. Se sella la microplaca con una lámina adhesiva y, evitando que en el proceso se salpique la lámina, se lleva hasta el COBAS.

- El Cobas 4800 procederá a realizar la PCR a tiempo real, cuantificando la sobreexpresión del EGFR en caso de haber amplificación durante la PCR.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

Durante los años 2015 y 2016 se realizaron un total de 397 determinaciones, de las cuales 81 dieron un resultado inválido por falta de DNA, 280 dieron resultado negativo y 30 mostraron positividad a la presencia de mutaciones del gen EGFR (en los casos restantes la determinación no procedía). Gracias a este diagnóstico, los pacientes con resultado positivo han podido beneficiarse de una farmacología dirigida, aumentando la esperanza de vida y evitando así la quimioterapia y todos los efectos que esta conlleva. Además, las implicaciones que puede tener investigación soy muy importantes, pues se abren muchas nuevas puertas. Actualmente se encuentran también en estudio otros oncogenes que pueden provocar cáncer de pulmón. Es el caso de por ejemplo el ALK, PD-L1 o ROS, los cuales se proceden a determinar en caso de la negatividad de mutación de EGFR.

Las técnicas de biología molecular son cada vez más importantes en el trabajo diario en el laboratorio de anatomía patológica. Se debería incentivar la adquisición de conocimientos teorico-prácticos de biología molecular desde el inicio de la formación del técnico especialista.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 175

VENTAJAS DE LA CITOLOGÍA LÍQUIDA EN PUNCIONES ASPIRACIONES CON AGUJA FINA DE CABEZA Y CUELLO

Autor/a/s: Moreno Suárez, Elena María; Merino Álvarez, Margarita; Ros Pérez, Francisco Javier; Fito Galeano, Carlos; Gálvez Fuentes, María Dolores

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: elenamoren085@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En el Hospital Campus de la Salud de Granada se realizan 1523 punciones aspiraciones con aguja fina, de las cuales, 97 son punciones de cabeza y cuello. En torno al 40% de los pacientes son varones y 60% mujeres, de entre 16 y 90 años de edad; siendo las tumores palpables laterocervicales y de la región parotídea las más frecuentes.

OBJETIVOS:

Conocer las ventajas de la citología en medio líquido para las punciones aspiraciones con aguja fina de cabeza y cuello frente a las extensiones tradicionales realizadas por el patólogo in situ para optimizar la calidad y aumentar la sensibilidad de las muestras.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Tras la punción aspiración con aguja fina, el patólogo procede al lavado de la misma en 30 ml de solución fijadora (Cytolyt). La muestra así obtenida se centrifuga hasta obtener un botón celular a 2500 r.p.m. Durante 5 minutos.

Seguidamente, el pellet se resuspenderá en un frasco PreserCyt (solución fijadora) que tras 15 minutos será procesado automáticamente (ThinPrep 2000) para conseguir una extensión homogénea, en capa fina y con un fondo limpio.

Los portaobjetos pueden ser teñidos posteriormente con Papanicolaou, con técnicas histoquímicas e incluso pueden emplearse para técnicas de biología molecular e IHQ.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

En nuestro servicio, se han comparado muestras de punciones de cabeza y cuello de los mismos pacientes en citología en medio líquido y con extensión tradicional, observando las siguientes ventajas de la primera sobre la segunda:

La citología en medio líquido para punciones aspiraciones con aguja fina de cabeza y cuello es un método excelente debido a:

- Fijación inmediata de las células.
- Obtención de preparaciones en monocapa y con fondo más limpio, eliminando la existencia de factores distractores para la interpretación del patólogo.
- Captura de la totalidad de la muestra.
- Permite la realización de muestras adicionales o pruebas moleculares.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 182

PROCESAMIENTO RÁPIDO EN PARAFINA DE BIOPSIAS DE DONANTE

Autor/a/s: Bueno Paradas, Antonio Javier - Pastor Agea, Miguel - Ibañez Guerrero, María Lucía - Carvajal Arrebola, Cristina - Segura Pérez, Ana

Centro de trabajo: HOSPITAL CAMPUS DE LA SALUD DE GRANADA

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: ajbp81@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El trasplante de órganos se ha convertido en una técnica habitual en España pero las medidas de seguridad vial han disminuido sensiblemente el número de donantes jóvenes, por lo que cada vez se utilizan más tejidos de donantes añosos que requieren a veces una biopsia rápida que confirme su idoneidad y por el mismo motivo es más frecuente en estos donantes añosos encontrar de manera casual patología no relacionada con la causa de muerte que hay que analizar en el momento.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Biopsia renal en cuña
- Procesador LOGOS Microwave Hybrid Tissue
- Materiales y reactivos necesarios para la realización de tinciones convencionales y especiales de histoquímica

Las muestras remitidas se procesaron según el procedimiento estándar. Se han revisado todas las biopsias de donante remitidas desde enero de 2012 hasta febrero de 2017 al servicio de Anatomía Patológica.

RESULTADOS:

En total se remitieron 142 biopsias renales de donante para su evaluación preimplante. De todas las muestras remitidas se encontraron casos con patología asociada que en ocasiones invalidó el injerto.

6 carcinomas renales de células claras todos con un grado de Fuhrman menor o igual a 2

3 angiomiolipomas

1 linfoma B del área marginal

1 amiloidosis AA

3 casos con trombos intraglomerulares (su presencia está relacionada con una posible función retrasada del injerto).

CONCLUSIONES:

Este tipo de procesamiento se considera una mejor alternativa ya que constituye un ahorro considerable de tiempo en el manejo de estas biopsias. La rapidez para confirmar la idoneidad de un órgano es crucial en una situación de trasplante. La inclusión en parafina de la muestra permite una mejor aproximación diagnóstica sobre todo en lesiones neoplásicas como es el carcinoma renal de células claras. Es necesaria una valoración citológica de estos tumores para establecer

el grado de Fuhrman, que sólo es posible en parafina, ya que actualmente pacientes con carcinoma renal de células claras cuyo tamaño sea menor 2 cm y con grado de Fuhrman menor o igual a 2 siguen siendo posibles donantes del resto sus órganos.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 200

PATOLOGÍA DIGITAL SIGLO XXI. ANATOMÍA PATOLÓGICA

Autor/a/s: Montes Franco Antonia, Ros Pérez Francisco Javier, Galdón Montero Felipe, García Pérez Inmaculada y Fito Galeano Carlos.

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: jcpcmtiti@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El reto de trasladar la Patología Digital a los Servicios de Anatomía Patológica para realizar la gestión de todo el mapa de trabajo, desde la petición electrónica hasta el diagnóstico de las preparaciones, se nos planteó como mejora tanto inmediata como a largo plazo y por consecuencia en el ámbito de la trazabilidad, control de calidad, docencia e investigación.

OBJETIVOS:

Valorar las mejoras que aporta la patología digital en la Unidad de Anatomía Patológica de la provincia de Granada (UAPG).

Con un volumen anual de preparaciones: 18.808 en el Hospital de Baza 35.664 en Santa Ana (Motril) y 244.903 en el Manuel Otero del Campus de la Salud (datos del año 2.016), quisimos comprobar las prestaciones del escáner, posibles contingencias y maximizar su uso.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Partiendo de sistemas con software y hardware integrados, hicimos un estudio, con el material ya existente:

- Carga máxima-300 preparaciones-por escáner
- Tiempo medio por preparación
- Confección de estadística tanto de errores como posibles causas
- Comprobación del flujo de trabajo

RESULTADOS:

- Tiempo medio de escaneo por preparación: 2,4 minutos.
- Sobre 2% - errores graves (roturas y atascos) 98% - errores leves (etiquetado, bálsamo y cubre objetos)
- Implantación del 100% de las biopsias escaneadas como rutina de diagnóstico en tiempo real, de forma progresiva y escalonada a partir de septiembre del 2.016 con 32.000 preparaciones escaneadas a día de hoy
- Integración y automatización de los procesos preanalíticos en el cotejo de preparaciones.
- Establecimiento de medidas en el control de calidad de imágenes digitales (correlación imagen-protocolo)
- Mejora del acceso a especialidades en patología, con tiempos más cortos de respuesta en los informes anatomopatológicos, incluidas las intraoperatorias
- Elaboración de una biblioteca virtual de laminillas escaneadas mediante el uso de la imagen digital sobre casos interesantes, con la finalidad docente, investigadora integrando la formación de todos los profesionales (técnicos especialistas, médicos residentes, alumnos, investigadores o banco de tumores).
- Perdurabilidad en las tinciones que pueden sufrir deterioro tanto por su naturaleza como por el paso del tiempo (histoquímicas, inmunohistoquímicas o de inmunofluorescencia)

DISCUSIÓN:

La patología digital es un valor añadido en los servicios de anatomía patológica ya que permite obtener imágenes digitales con el fin de compartir la información de las preparaciones en este siglo XXI de redes sociales y el desarrollo de sistemas Big Data para aplicar algoritmos diagnósticos.

TINCIÓN DE ROJO CONGO: CONDICIONES ÓPTIMAS DE REALIZACIÓN Y DE OBSERVACIÓN DE LOS RESULTADOS PARA EL DESPISTAJE DE AMILOIDOSIS

Autor/a/s: BERMEJO CASARES, FABIOLA; GALEANO FITO, CARLOS; MORAL MORENO, M^a DE LOS ANGELES; PASTOR AGEA, MIGUEL; MORENO SUAREZ, ELENA

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO GRANADA

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: fabi462010@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La tinción de Rojo Congo (RC) se considera la técnica de elección para el despistaje de amiloidosis. Aunque en ocasiones se recurre a la biopsia del órgano con manifestaciones clínicas más relevantes, es muy frecuente que en la investigación clínica de un enfermo con la sospecha de amiloidosis se realice biopsia de piel y grasa subcutánea con un rendimiento diagnóstico variable, ya que los depósitos suelen ser pequeños y de distribución heterogénea. Es por ello que deben extremarse las condiciones de realización y el procedimiento de observación de esta técnica para que sea rentable.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se ha realizado una revisión de las condiciones de fijación, grosor de las secciones histológicas y procedimiento técnico que se consideran idóneas para unos resultados óptimos. En cuanto a los métodos de observación de los resultados, se ha comparado, en todas las biopsias positivas para Rojo Congo, realizadas en 2016, la observación con luz polarizada y con microscopio de fluorescencia.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

De acuerdo a la revisión realizada el resultado de la técnica se ve influenciado por el tiempo de fijación, grosor de las secciones histológicas y número de las mismas, así como las condiciones técnicas. En cuanto a la forma de valorar el resultado, la observación bajo microscopio de fluorescencia potencia la positividad de la tinción con Rojo Congo y puede ser de ayuda en casos con pocos depósitos y débil birrefringencia verde manzana, en la observación en microscopía convencional con luz polarizada.

COMBINACIÓN TECNOLÓGICA EN EL ESTUDIO DEL GEN ALK EN EL SERVICIO DE ANATOMÍA PATOLÓGICA

Autor/a/s: Rodrigo López Castro. Marina Camila Gutierrez Ariza. Ana Segura Pérez. Francisco Javier Ros Pérez. Inmaculada García Pérez.

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: rodrihlc@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El estudio del reordenamiento del gen ALK en carcinomas avanzados de pulmón de células pequeñas (NSCLC) es una indicación para la terapia dirigida por Crizotinib (inhibidor de ALK tirosina quinasa), aproximadamente un 5% de estos cánceres muestran reordenamientos en el gen ALK, estos consisten comúnmente en una inversión intracromosomal (p21;p23) con la fusión ALK con EML4 que activan el dominio quinasa de ALK, es decir, activa la cascada de señalización intracelular de diferentes vías oncogénicas.

Un problema general que suelen presentar las biopsias necesarias para su estudio es la inaccesibilidad al órgano (pulmón), se intenta utilizar técnicas poco invasivas (punciones, lavados broncos alveolares) lo que genera el problema de la escasez de material.

OBJETIVOS:

En nuestra unidad hemos incorporado las técnicas necesarias para poder combinarlas en beneficio del paciente y poder adaptarnos al tipo de muestra remitida y a su cantidad, para el estudio del gen ALK. Se ha instalado la tecnología PCR a tiempo real (PCR-RT) y técnicas FISH, y hemos aprovechado las ventajas que estas técnicas aportan individualmente haciéndolas complementarias y optimizándolas al máximo para garantizar el estudio más apropiado del gen ALK.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han implantado dos sistemas de determinación del reordenamiento para el gen ALK:

- PCR-RT: (1) 4-5 secciones a 5µ de tejido en parafina con micrótomos Leyca 2550 (2) Extracción de ARN usando kit de qiagen automatizado en Qiacube (3) PCR-RT en RotorGene, Usando reactivos y volúmenes siguiendo indicaciones del proveedor, sonda qiagen (4) Análisis de los valores cuantitativos, (5) emisión de los resultados.
- FISH: (1) Una sección a 2.5µ de tejido en parafina con micrótomos Leyca 2550, (2) desparafinación automatizada, hibridación con sonda, (3) Visualización de la muestra con microscopio de fluorescencia (4) emisión de los resultados.

RESULTADOS:

De forma rutinaria para las biopsias utilizamos la tecnología PCR-RT ya que su diagnóstico se basa en valores cuantitativos, el control positivo debe estar contenido en el canal Green entre los valores 25.44-32.16 y en el canal yellow entre 24.55-33.79. Los resultados de nuestras muestras deben estar contenidos en el canal ABL1HEX (Yellow) entre 24.23 - 31.09 y un "Ct ≤8 para valores con resultado: Detección de expresión de ALK. Para valores con "Ct ≥8 el resultado será: Expresión no detectada. Si los valores de calidad están fuera de rango (porque la cantidad de ARN sea insuficiente o de baja calidad), se repite el estudio pero esta vez por FISH, que, aunque sus diagnósticos sea cualitativo, precisa de menor cantidad de muestra.

La incorporación de PCR-RT permite el estudio del gen ALK sobre citologías previamente teñidas que ya hayan sido utilizadas para emitir diagnósticos previos, donde el FISH no era concluyente.

CONCLUSIONES:

La combinación de ambas tecnologías nos ha permitido emitir informes cuantitativos y en su defecto, por falta de material o de su calidad, informes cualitativos, pero en todos los casos somos capaces de emitir un resultado, independientemente del tipo de muestra y de su calidad, lo que repercute directamente en el paciente evitando nuevas tomas y mejorando la calidad asistencial pudiendo beneficiarse de una terapia génica adaptada a su patología.

AVANCE EN EL DIAGNÓSTICO DE LA PATOLOGÍA MOLECULAR EN LA ERA DE LA TERAPIA PERSONALIZADA EN CÁNCER COLORRECTAL. COMPLEJO HOSPITALARIO DE GRANADA

Autor/a/s: PATRICIA CALDERON ROBLES, EVA MARIA GARCIA HUERTAS, MARIA DOLORES GALVEZ FUENTES, FABIOLA BERMEJO CASARES, MARIA DE LOS ANGELES MORAL MORENO

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE GRANADA

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: patiriri77@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En los últimos años, la introducción de nuevos tratamientos dirigidos contra el EGFR ha mejorado la supervivencia global de los pacientes con carcinoma colorrectal metastásico, habiendo sido demostrada la relación entre la eficacia de estos tratamientos y la ausencia de mutación del gen KRAS. Este hecho ha motivado el aumento de la demanda de determinación de dicha mutación desde los servicios de oncología.

OBJETIVOS:

Definir y evaluar el método para la determinación del estado mutacional de los genes RAS con especial énfasis en el KRAS, para la aplicación de tratamientos diana específicos a las mutaciones determinadas con el fin de mejorar los resultados

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó una revisión de la evolución clínica de los pacientes diagnosticados de CCRm (Cáncer colorrectal metastásico) en los que se determinó la mutación de KRAS entre el 01-01-2016 y el 30-12-2016.

El estudio ha sido realizado con el sistema idylla™ de biocartis. test de diagnóstico in vitro para la detección cualitativa de las mutaciones en los exones 2, 3 y 4 de los oncogenes de k-ras analizados por pcr a tiempo real multiplex. idylla™ kras mutation test utiliza adn liberado de secciones de tejido fijado en formalina e incluido en parafina.

RESULTADOS:

Se realizaron determinaciones en 257 pacientes, de los cuales K-RAS negativos fueron 138. K-RAS positivos fueron: 118 y en el codón 12 expresaron un 96%, en el codón 13, un 4%, en el codón 59, un 1%, en el codón 61, un 5%. en el codón 117, un 17% y en el codón 146, un 9%.

De todos los estudios realizados, sólo resultó inválido un caso.

CONCLUSIONES:

El desarrollo de terapias dirigidas ha creado la necesidad de una caracterización molecular del cáncer. La determinación de la mutación RAS permite un tratamiento oncológico específico, permitiendo una terapia más eficiente para cada paciente. La instalación de la última tecnología en nuestra unidad, como es el sistema Idylla, permite dar la mejor respuesta a estas necesidades tanto en la disminución del tiempo de elaboración del informe como en la calidad diagnóstica, lo que repercute directamente en el paciente, beneficiándose en un tiempo mínimo de un tratamiento diana específico a su patología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 208

PAPEL DEL TÉCNICO EN EL DIAGNÓSTICO DE LINFOMA DE CELULAS DEL MANTO

Autor/a/s: Felipe Galdón Montero, Manuela Moreno Aranda, Fabiola Bermejo Casares, María Lucía Ibañez Guerrero, Rodrigo Lopez Castro.

Centro de trabajo: HOSPITAL CAMPUS DE LA SALUD DE GRANADA

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: fgaldon@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El linfoma es una forma de cáncer que afecta al sistema inmunológico, específicamente es un cáncer en las células defensivas del sistema inmunitario (linfocitos), un tipo de leucocito (glóbulo blanco).

Existen dos tipos fundamentales de linfoma, el linfoma de Hodgkin o enfermedad de Hodgkin y el linfoma No Hodgkin. Alrededor del 90% de los linfomas pertenecen al tipo de linfoma No Hodgkin y solo sobre un 10% son del tipo Hodgkin.

En el tipo de linfoma No Hodgkin las células B y T resultan afectadas y en el linfoma de Hodgkin las células cancerosas son por lo general un tipo anormal de linfocitos B, conocido como células de Reed-Stemberg.

El linfoma de células del manto (LCM) es un subtipo de linfoma no Hodgkin de fenotipo B que representa entre un 2.5 y un 10% de todos los linfomas.

OBJETIVOS:

Definir cual es la muestra idónea para su estudio anatomopatológico; biopsia escisional de ganglio linfático.

Describir el panel de anticuerpos con técnicas inmunohistoquímicas, expresan CD20 +, CD5 +, CD43 + y marcación nuclear con CCD-1 (Ciclina D1), siendo negativos CD23, CD10, bcl-6 y MUM-1. El índice

de proliferación mayor de 40% demostrado con MIB-1 (Ki67) se asocia a peor pronóstico. Existen raros casos negativos para la expresión de CCD-1 y t (11; 14) que expresan CCD-2 o CCD-3 y casos con inmunofenotipo aberrante como ausencia de CD5.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Utilizaremos los estudios que se han recibido en el complejo hospitalario de granada desde el día 01/01/2016, hasta fecha de 14/03/2017.

En este periodo de tiempo se han recibido 1793 casos de estudio de pacientes a los que se les ha realizado una biopsia escisional de ganglio linfático, del total de las muestras 273 casos fueron diagnosticados con algún tipo de linfoma y de estos 4 casos han sido diagnosticados como linfoma de células del manto.

RESULTADOS:

Sistema de visualización para técnicas inmunohistoquímicas; Masters Polymero Plus Detection.

Visualización digital de la muestra: realizada en nuestro novedoso sistema de scanner de Phillips.

DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL:

Debe realizarse según el patrón de crecimiento con procesos reactivos (hiperplasia del área del manto), linfoma folicular, linfoma de la zona marginal nodal, Linfoma de Hodgkin predominio linfocítico nodular y linfomas difusos de células pequeñas. En las variantes blastoides con leucemia/ linfoma linfoblástico y en variantes pleomórficas con linfomas difusos de células grandes.

CONCLUSIONES:

Gracias a la continua adaptación y mejora de las tecnologías usadas para el diagnóstico, la velocidad con que se obtienen los resultados brinda a este tipo de pacientes un tiempo valiosísimo ya que por regla general esta enfermedad tiene un carácter muy agresivo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 212

LAVADO BRONCOALVEOLAR (BAL) Y MEDIO LÍQUIDO. ESTUDIO DE 70 CASOS

Autor/a/s: IBÁÑEZ GUERRERO M^a LUCÍA, GÁLVEZ FUENTES M^a DOLORES, MORENO SUÁREZ ELENA, LÓPEZ CASTRO RODRIGO, BOLÍVAR RODRÍGUEZ DAVID

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO CAMPUS DE LA SALUD

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: mluz.i.g.4@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La aplicación del LBA en el diagnóstico de las infecciones broncopulmonares intersticiales, ha pasado a ser la indicación más frecuente por ser un procedimiento sencillo bastante bien tolerado por los pacientes que acuden a consulta. En nuestro Departamento se utiliza fundamentalmente para diagnóstico de EPI y contaje celular en pacientes con fibrosis pulmonar y granulomas no infecciosos, realizando su seguimiento en cada patología.

Para determinar la idoneidad de las técnicas (tradicionales y medio líquido), se ha realizado sobre un estudio de 70 casos

OBJETIVOS:

Establecer las técnicas empleadas en el laboratorio de citología para la demostración del Lavado Broncoalveolar, tanto con los métodos tradicionales de Papanicolaou, Perls y PAS en el cytospin convencional, como los que ofrece el procesado citológico en medio líquido.

Comparar la efectividad de la muestra y la coincidencia de diagnóstico entre preparaciones de base líquida y

Convencional. Comparar la idoneidad de estos procedimientos cuando ambos se utilizan para la práctica diaria y su aplicación diagnóstica, así como sus ventajas e inconvenientes.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Muestras de material en fresco . Cámara Neubauer y Citocentrífuga, Procesador ThinPrep (T 5000, T 3000, T2000) Teñidor, Microscopio, Vial con medio líquido, alcohol etílico 95°, Falcon, Filtro, Portaobjetos específicos y Cytolyt (medio fijador)

Técnicas de Papanicolaou, PAS y Perls.

Protocolo de actuación: suelen llegar 3 muestras en fresco y numeradas. Se realiza la descripción macroscópica del material remitido, anotando cantidad y coloración de cada uno de ellos. Los tubos 1º y 3º se dejan en el frigorífico por si fuera necesario estudio por citometría de flujo.

La 2ª muestra se procesa como sigue:

1º Recuento celular total de células en cámara neubauer (nº células x ml.) Un par de gotas en la cámara, cubre y observación al microscopio.

2º Aparte, se procesan en el cytospin un Papanicolaou, PAS Y PERLS.

3º Al líquido sobrante se le añade cytolit procesándolo en medio líquido en la Thinprep 2000. De este vial se extraen otras muestras, para las técnicas de Papanicolaou, PAS y PERLS (añadiendo solución preservcyt si fuera necesario).

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

Del estudio de los 70 casos: la edad media era de 53,4 años y el 53,3% eran mujeres, el 45,8% hombres y el 0,8% niños. En todos los casos, se procedió a un procesado en Cytospin (1 PAP, PERLS y PAS) y a otro en medio líquido realizando las mismas técnicas y su comparativa después. Con la técnica del Papanicolaou: la mayoría de los BAL ofreció un patrón normal en la celularidad, pero el recuento de macrófagos, linfocitos y polinucleares neutrófilos se observó mejor en las muestras procesadas en medio líquido.

Técnica del PAS: se observó 1% de proteinosis alveolar, en todas las muestras procesadas con ambos métodos.

Las enfermedades hemorrágicas presentaron un alto porcentaje de macrófagos con la técnica del PERLS, tanto en base líquida como en la convencional.

En los procesos linfoproliferativos (-10%) se confirmó su diagnóstico enviándolo al Citómetro de flujo.

CONCLUSIONES:

En el análisis de muestras, la citología de base líquida mostró una mejora general significativa en espesura de frotis y en la distribución de células, además de una reducción en la superposición de células y la presencia de sangre. La morfología celular se observó mejor en las preparaciones de base líquida. Así, como la posibilidad de solicitar técnicas posteriores (Inmunohistoquímica, Biología Molecular,..)

Todas las técnicas empleadas en el diagnóstico citológico (convencionales y en medio líquido) tuvieron resultados equiparables y óptimos en todos los casos donde se usó una muestra adecuada y en fresco. La citología en base líquida mostró una mejora general significativa para el recuento celular, así como una mejora significativa para su posterior escaneado en patología digital.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 213

IMPORTANCIA DEL ANÁLISIS DEL PROMOTOR DE MGMT EN EL TRATAMIENTO DEL GLIOBLASTOMA

Autor/a/s: Segura Pérez Ana María, García Pérez Inmaculada, Lopez Castro Rodrigo, Bolivar Rodriguez David, Gutierrez Ariza Marina Camila

Centro de trabajo: Hospital Campus de la Salud

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: anichu29@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

el glioblastoma (GBM) es el tumor maligno más común de las células de la glía. El tratamiento tradicional de dicha neoplasia es la cirugía y

radioterapia adyuvante pero en la actualidad los pacientes se pueden beneficiar de un nuevo fármaco denominado temozolamida (TMZ) para el tratamiento de esta enfermedad. El análisis de la metilación del promotor MGMT (metil guanina ADN metil transferasa) tiene un gran poder predictivo del uso de temozolamida en pacientes diagnosticados de glioblastoma, ya que el MGMT metilado favorece el tratamiento con este fármaco. El MGMT es una enzima responsable de reparar el ADN dañado, si se encuentra metilado se inhibe dicha reparación. Si el promotor de MGMT está hipermetilado esto se traduce en una disminución en la expresión de MGMT. Este análisis se puede realizar mediante 2 técnicas: mediante una PCR que nos dirá el número de copias de MGMT metilado o mediante pirosecuenciación que nos cuantifica el nivel de metilación del ADN en las islas CpG.

MATERIAL Y MÉTODOS:

en nuestro caso el análisis del promotor de MGMT lo realizamos mediante pirosecuenciación en una técnica que conlleva varios pasos previos antes de realizar esta pirosecuenciación. Realizamos una determinación cuantitativa del estado de metilación en cuatro islas CpG en el exón 1 del gen humano MGMT previo un tratamiento de conversión del ADN con bisulfito. Para ello utilizamos cortes a 5 micras de tejido fijado y embebido en parafina.

Los pasos son:

- Extracción de ADN utilizando el kit Paraffin-QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (Quiagen)
- Conversión del ADN con bisulfito para ello usamos el kit EpiTect® Bisulfite Kit (Quiagen). El ADN lo tratamos para que todos los nucleótidos citosina no metilados sean sustituidos por timina. Si el ADN está metilado conserva su secuencia original, si el ADN no está metilado las citosinas son sustituidas por timinas.
- Pirosecuenciación con el kit Therascreen® MGMT Pyro® (Quiagen) y el pirosecuenciador PyroMark® Q24 (Quiagen).

RESULTADOS:

para poder decir si una muestra está metilada o no deben ser usados puntos de corte. Actualmente los puntos de corte no están establecido pero se utiliza el punto de corte entre un 10-20%. En los resultados se indica la media de metilación de las cuatro zonas estudiadas. Realizamos un estudio con 2 muestras y los resultados fueron los siguientes:

- Control positivo: 95,5% de metilación. Presenta un índice muy alto de metilación, nos indica que la técnica está bien realizada.
- Caso 1: metilación de un 51,7%. Con este porcentaje podemos decir: muestra metilada.
- Caso 2: metilación del 21%, porcentaje muy cercano al punto de corte por tanto se recomienda repetir la técnica con un nuevo corte.

CONCLUSIÓN:

el análisis principalmente se realiza en paciente con glioblastoma y su realización mediante pirosecuenciación es el método ideal gracias a su robustez y gran reproducibilidad en el laboratorio. Pero lo más importante de todo esto es la expresión o no de la metilación del promotor de MGMT ya que si se expresa un alto nivel de MGMT las expectativas ante el tratamiento con temozolamida disminuye. Por tanto aquí radica la importancia de este análisis y que debe ser una práctica habitual para poder seleccionar el tratamiento adecuado para cada paciente y así avanzar hacia la medicina personalizada.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 217

SENSIBILIDAD DE LA PRUEBA DE MUTACIÓN BRAF V600 PARA COBAS® 4800 CON TEJIDOS PARAFINADOS

Autor/a/s: Eva María García Huertas, Patricia Calderon Robles, David Bolivar Rodriguez, Marina Camila Gutierrez Ariza, Antonio Javier Bueno Paradas.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: evagarr@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La activación de las mutaciones en el protooncogén BRAF se produce en numerosos cánceres humanos, como el melanoma maligno, el cáncer colorrectal, el cáncer ovárico y el cáncer tiroideo. Se han identificado mutaciones de BRAF en el 40%-60% de los melanomas malignos. Las mutaciones de BRAF también son comunes en los nevu benignos, lo que sugiere que este tipo de mutaciones se producen de forma muy temprana. El descubrimiento de estas mutaciones somáticas en el gen BRAF en melanomas y otros tumores humanos ha ayudado a dilucidar la función esencial de la quinasa BRAF en la señalización de vías que controlan la proliferación y la diferenciación celular, así como la muerte celular.

La mayoría de las mutaciones de BRAF en los melanomas y otros tumores humanos se producen en el codón 600. También se han observado, aunque de forma menos común, diversas mutaciones dinucleotídicas que afectan al codón 600 (V600K, V600R y V600D), principalmente en los melanomas y, con menor frecuencia, en otros tumores, como el cáncer colorrectal.

OBJETIVOS:

Se analizaron 33 muestras con mutación BRAF V600E, 24 muestras de BRAF no mutado y 17 muestras con mutaciones de BRAF distintas de V600E para determinar la sensibilidad de la prueba de mutación BRAF V600 para cobas® 4800 Roche a fin de detectar la mutación BRAF V600E en muestras con un contenido tumoral comprendido entre un 5% y un 50%, sin macrodissección.

Se analizó una sección de cada muestra con la prueba de mutación BRAF V600 para cobas® 4800 Roche.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La prueba de mutación BRAF V600 para cobas 4800 Roche se basa en dos procedimientos:

- (1) preparación manual de las muestras para obtener ADN genómico de un tejido impregnado en parafina y fijado en formalina (FFPET)
- (2) amplificación del ADN objetivo mediante PCR y un par de cebadores (primers) complementarios y dos sondas nucleótidas con marcadores fluorescentes distintos. Una de las sondas se ha diseñado para detectar la secuencia BRAF V600 no mutada y la otra, para detectar la secuencia de la mutación V600E. También se incluyen dos controles de análisis externos y el alelo no mutado se utiliza como control interno para todo el proceso.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

Se obtuvieron resultados Mutation Not Detected para las 24 muestras de BRAF no mutado analizadas con un contenido tumoral comprendido entre menos de un 1% y un 50%.

Se observó reactividad cruzada con dos muestras con mutación BRAF V600K y una muestra con mutación BRAF V600D. Para el resto de las 13 muestras BRAF V600K se obtuvo el resultado Mutation Not Detected, así como para la muestra con mutación BRAF V600R y un contenido tumoral comprendido entre un 5% y un 45%.

Con las pruebas realizadas se detectaron todas las muestras con mutación BRAF V600E con contenido tumoral mínimo del 15% y un porcentaje de mutación mínimo del 2,3%.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 220

PATOLOGÍA DIGITAL APLICADA A LA CIRUGÍA DE MOHS

Autor/a/s: Ros Pérez Francisco Javier, Montes Franco Antonia, Bueno Paradas Antonio Javier, Moral Moreno María de los Angeles y Pastor Agea Miguel.

Centro de trabajo: HOSPITAL CAMPUS GRANADA

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: javi_rospe@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La técnica quirúrgica de Mohs se usa en patologías cancerígenas de la piel y permite seccionar la zona tumoral capa a capa; minimizando la invasión tisular en el paciente, así como el posterior proceso de recuperación del mismo. Aplicar la patología digital a esta técnica es, actualmente, un proceso no abordado, ya que requiere el uso de sofisticadas máquinas de escaneo ultrarrápidas.

OBJETIVOS:

El objetivo principal es conseguir digitalizar las muestras obtenidas por Cirugía de Mohs. Para ello debemos modificar el sistema de trazabilidad del laboratorio, creando un espacio aparte que nos permita albergar la información correspondiente.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se necesita usar un escáner ultrarrápido que permita visualizar el portaobjetos digitalizado en el menor tiempo posible. Usando casos reales de la cirugía, medimos el tiempo que requiere el escaneo de la pieza, según su tamaño. El tiempo de escaneado de las preparaciones osciló entre 3-8 minutos, dando una media de tiempo total de la cirugía de Mohs de 22-28 minutos. Finalmente se asocia la imagen, con el software correspondiente, al patólogo encargado de dar diagnóstico.

DISCUSIÓN:

Este procedimiento, combinado con la patología digital, permite conocer de forma inmediata el diagnóstico resultado de cada sección extraída; con lo cual no sólo se consigue reducir el tiempo de la operación, sino que también se logra una mayor comunicación interdisciplinar. La idea supone sin duda una mejora en la calidad asistencial, docente y logística (evitamos el traslado de reactivos y material de un servicio a otro).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 221

N-RAS Y TERAPIAS DIRIGIDAS EN EL CÁNCER COLORRECTAL

Autor/a/s: MARIA DOLORES GALVEZ FUENTES, MARIA DE LOS ANGELES MORAL MORENO, MIRIAM LUZON GUINDOS, MANUELA MORENO ARANDA Y FABIOLA BERMEJO CASARES.

Centro de trabajo: HOSPITAL CAMPUS DE LA SALUD DE GRANADA.

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: lolagalvez83@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las terapias dirigidas son tratamientos que abordan características específicas de las células cancerosas, por ejemplo, una proteína o un gen específico que permite que las células cancerosas se multipliquen rápidamente o de forma anormal. En este caso nos va a permitir la detección cuantitativa de mutaciones en los codones 12, 13 y 61 del gen NRAS en ADN genómico obtenido de muestras de tejido humano.

OBJETIVOS:

Que los médicos dispongan de información que les ayude a seleccionar los pacientes con cáncer que tienen más probabilidades de beneficiarse de un tratamiento con terapias por inhibición del EGFR como el Cetuximab y el Panitumumab.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Equipo PyroMark Q24: para la realización de la pirosecuenciación.

Kit theascreen NRAS Pyro para la medición cuantitativa de mutaciones en los codones 12, 13 y 61 del gen NRAS humano.

Material de laboratorio necesario: Cortes de tejido fijado en formol e impregnado en parafina, pipetas ajustables, puntas de pipeta, termociclador, microcentrífuga, tubos de PCR, bloque térmico, extractor de vacío, placa de PCR, agua ultrapura, etc...

Primero procedemos al aislamiento del ADN con el kit EZ1® DNA Tissue y el kit QIAamp® DNA FFPE Tissue para la extracción de ADN humano a partir de muestras tumorales fijadas en formalina e impregnadas en parafina., después de realizar la PCR con cebadores dirigidos a los codones 12/13 y el codón 61, se inmovilizan los amplicones con las microesferas Streptavidin Sepharose® High Performance. A continuación, se prepara el ADN monocatenario y luego se hibridan los cebadores de secuenciación correspondientes con el ADN. Las muestras se analizan en el sistema PyroMark Q24 utilizando un archivo de configuración de ensayo y un archivo de ensayo. El valor de Sequence to Analyze (secuencia para analizar) se puede ajustar a fin de detectar mutaciones raras una vez finalizada la serie analítica.

RESULTADOS:

En el año 2016 se identifican un total de 278 casos de carcinoma colorrectal, de los que 150 fueron elegidos para realizarles el análisis NRAS, aproximadamente un 54% de los casos de CCR.

De estos 150 casos analizados obtenemos los siguientes datos:

- 132 casos son negativos para la mutación NRAS (88%).
- 17 casos son positivos para la mutación NRAS (11,3%).

Dentro de los 17 casos positivos las mutaciones se disponen de esta forma:

- 7 casos con mutación del codón 12/13
- 2 casos con mutación del codón 146
- 8 casos con mutación del codón 61

ÿ 1 inválido.

Las mutaciones más frecuentes de cada uno de los tres codones NRAS analizados se hallan en el nucleótido 35 (segunda base del codón 12), el nucleótido 38 (segunda base del codón 13) y el nucleótido 182 (segunda base del codón 61).

CONCLUSIONES:

A pesar que las mutaciones NRAS predicen la resistencia al tratamiento anti EGFR, no parecen estar asociadas al pronóstico, suprimen la apoptosis y aparecen tardíamente, llegamos a la conclusión que ninguna decisión relativa a la aplicación de tratamientos para pacientes con cáncer debe basarse únicamente en el estado mutacional del gen NRAS sino que también tendremos en cuenta los biomarcadores histopatológicos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 228

DIGITALIZACIÓN DE BIOPSIAS DE INMUNOFUORESCENCIA E HIBRIDACIÓN IN SITU FLUORESCENTE

Autor/a/s: Galeano Fito Carlos, Bolívar Rodríguez David, Ibáñez Guerrero María Lucía, Galdón Montero Felipe, Calderón Robles Patricia

Centro de trabajo: Hospital Campus de La Salud, Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: carlos.galeano93@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La digitalización de imágenes para el estudio histológico de muestras es un hecho relativamente reciente en Anatomía Patológica. Lo habitual es que este proceso se aplique sobre todo a secciones histológicas con técnicas convencionales mientras que su aplicación a técnicas especiales como inmunofluorescencia y técnicas de hibridación in situ (FISH y CISH) tiene un uso mucho menos extendido.

OBJETIVOS:

Optimizar el procedimiento de obtención de imágenes digitalizadas de técnicas de inmunofluorescencia convencional y de hibridación in situ (FISH y CISH).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se ha utilizado el escáner 3D Histech (Panoramic MIDI II). Se realizaron técnicas de inmunofluorescencia en biopsias renales, técnicas

de FISH (con sondas de break apart y de amplificación) y técnicas de CISH para HER2. Se procesaron de forma habitual para estos procedimientos. Se creó un perfil de escaneo específico para cada técnica. Es decir se estableció un número determinado de capas de escaneo según el tipo de muestra:

- 3 capas para muestras de inmunofluorescencia
- 7 capas para muestras de FISH
- 3 capas para muestras de CISH

RESULTADOS:

Las preparaciones de inmunofluorescencia correspondientes a tejido renal tuvieron un tiempo de escaneo medio de 2 minutos por porta. El tiempo medio de escaneo de las preparaciones de CISH fue de 1 hora por porta en un área de 0,5 cm² aproximadamente. Por último el tiempo de escaneo de las técnicas de FISH fue algo variable en función del área escaneada, estando entre 3,5 horas y 7 horas.

CONCLUSIONES:

- Los primeros resultados obtenidos ponen de manifiesto que la calidad de las imágenes es buena y por tanto es un buen método para la visualización de este tipo de muestras.
- La digitalización de imágenes permite reducir el número de portas almacenados ya que no es necesario conservar las preparaciones.
- Fundamentalmente para las técnicas de CISH y FISH, este método hace posible la aplicación de módulos externos de interpretación que permiten disminuir la variabilidad interobservador que puede existir en la evaluación de este tipo de técnicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 231

INESTABILIDAD DE MICROSATÉLITES EN EL CANCER DE COLON

Autor/a/s: BOLIVAR RODRIGUEZ, DAVID ; GALDON MONTERO, FELIPE; GALEANO FITO, CARLOS; MONTES FRANCO, ANTONIA; LUZON GUINDOS, MIRIAM.

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO GRANADA (PTS)

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: davidbr_92@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal es la segunda enfermedad maligna diagnosticada más frecuentemente, y constituye la segunda causa más común de muerte por cáncer en el mundo occidental. Según la Sociedad Americana de Oncología Clínica entre el 65-85% de los tumores son de origen esporádico, en el 10-30% existe una agregación familiar. Dentro de los síndromes hereditarios está la Poliposis Familiar Adenomatosa (FAP) que representa aproximadamente el 1% y el Cáncer Colorrectal Hereditario no Polipósico (HNPCC) que representa entre el 1-5%.

OBJETIVOS:

Ambos síndromes son considerados como enfermedades genéticas con herencia autosómica dominante. El gen responsable de la FAP es el gen APC y se ha visto que el 80% de las familias con FAP tienen mutaciones en este gen. En el síndrome HNPCC están implicados varios genes, el MLH1, MSH2, MSH6, PMS1 y PMS2, estos genes están implicados en los mecanismos de reparación del ADN, es decir, son genes reparadores de defectos en el apareamiento de bases mismatch repair genes o MMR. El 50% de las familias con este síndrome tienen mutaciones en estos genes y las mutaciones están localizadas mayoritariamente en los genes MLH1 y MSH2. El cáncer colorrectal puede inducirse a través de dos vías moleculares, la vía supresora y la vía mutadora. A la vía supresora, le acompaña una inestabilidad cromosómica que va acompañada de mutaciones en oncogenes, genes supresores y pérdidas de heterocigidad (LOH) en muchos locus cromosómicos, pertenecen a esta vía el 85% de los tumores esporádicos. La vía mutadora se caracteriza por una inestabilidad a microsátélites, perteneciendo a esta vía la mayoría de los tumores

HNPC y un 15% de los tumores esporádicos. La inestabilidad a microsatélites se vio que era una consecuencia de mutaciones en otros genes necesarios para mantener la fidelidad de replicación del ADN, es decir los genes implicados en el mecanismo de reparación. Aunque algunos de los genes implicados son conocidos, el desarrollo de métodos fiables para detectar mutaciones germinales en estos genes no es fácil, ya que por un lado son genes muy grandes como el APC y por otro las mutaciones están repartidas por todo el genoma, con lo cual hay que estudiar los genes completos. Estudio de la inestabilidad a microsatélites: Se estudian los 5 microsatélites consenso de Bethesda (BAT25, BAT26, D2S123, D5S346 y D17S250) y se consideran tumores altamente inestables aquellos que presentan inestabilidad al menos en dos locus, en caso de no poderse llevar a cabo el estudio de los 5 microsatélites por no disponer de ADN normal del paciente y sólo tener tumor, se podría hacer BAT26 sólo en el tumor, ya que es un microsatélites cuasi monomórfico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Bloque en parafina de la biopsia a estudiar, micrótopo, portaobjetos tratados, módulo PT para desenmascaramiento antigénico con el correspondiente tampón de pH 9.5 (tris-edta), inmunotransformador Autostainer 480s, kit de visualización Máster Polymer Plus Detection System (Peroxidase) que incluye bloqueante de peroxidasa, amplificador, polímero, potenciador de DAB (diaminobencidina) y sustrato para la preparación de DAB junto al cromógeno de DAB (1 gota de cromógeno por mililitro de sustrato). Anticuerpos MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, tampón buffer Tween 20 para lavado, agua destilada.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

Se puede utilizar el estudio de la expresión de las proteínas MLH1, MSH2, MSH6 y PMS2 por inmunohistoquímica. Los resultados obtenidos nos indicarían que gen deberíamos estudiar. Si apareciera positividad para las proteínas MLH1, MSH2, MSH6 y PMS2 quiere decir que se expresan dichas proteínas, lo cual se considera estable y indicaría que no hay fallo en el apareamiento de bases, si no se expresara alguna de ellas indicaría que hay una inestabilidad de microsatélites con el consiguiente fallo en el apareamiento de bases y recurriríamos al estudio genético (ej: BAT26)

Muestra A. Fijada en B5, se realizó descalcificación química con ácido nítrico al 10% y se procesó en un ciclo corto para su inclusión en parafina. Posteriormente al corte histológico se procedió a la desenzimización para eliminar el sublimado de mercurio que contiene este fijador.

Muestra B. Fijada en formol, se realizó descalcificación química con descalcificador rápido para médula ósea comercial y se procesó en el mismo ciclo que la muestra A.

Se obtuvieron seis slides de ambas muestras de unos 2µm de grosor y se tiñeron con Hematoxilina-Eosina como tinción rutinaria, Jenner's Giemsa para la visualización de detalles nucleares, Reticulina para fibras colágenas y de reticulina, Masson's (similar a la reticulina), Perls para depósitos de hierro y Gram (variante Taylor) para determinar la presencia de bacterias.

RESULTADOS:

Las secciones de la muestra fijada en B5 se muestran brillantes y firmes, con un detalle celular y arquitectónico superior a las secciones de la muestra fijada en formol bastante más opacas y con detalle celular escaso. El sublimado de mercurio que contiene el B5 parece actuar como mordiente aportando a las tinciones una mayor calidad. Otro punto destacable es la descalcificación, más laboriosa para la muestra recibida en B5, que parece proporcionar más integridad a la pieza facilitando el corte al microtopo y observándose una mayor celularidad en las tinciones Hematoxilina-Eosina y Jenner's Giemsa.

CONCLUSIONES:

Con este estudio se puede concluir que el B5 es el fijador de elección cuando se sospecha de patologías como necrosis, fibrosis, amiloidosis, infecciones y otras patologías de estudio histoquímico. Sin embargo, cuando se trata de patologías como neoplasias o cuando se necesita etapificar los linfomas, sería conveniente fijar las muestras en formol ya que, el B5 es un fijador que precipita las proteínas dificultando las interacciones antígeno-anticuerpo en estudios inmunohistoquímicos y degrada el ADN haciendo imposibles estudios moleculares.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 249

ESTUDIO COMPARATIVO DE LA REACTIVIDAD HISTOQUÍMICA DEPENDIENTE DEL MEDIO FIJADOR EN BIOPSIAS DE MÉDULA ÓSEA

Autor/a/s: Secadas Díaz, Víctor; Pumarejo Gómez, Enriqueta; Abad Beorlegui, Elena; Blanzaco Acín, Zulema Esther; García Fernández, María; Vallejo Obregón, Marta; García Pérez, Cristina; Merino Serna, María Soledad; Mazorra Horts, Remigio; Soria Navarro, Joaquín

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa

Localidad: Zaragoza

Correo electrónico del primer firmante: ketypg@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las biopsias por aguja (trocar) de médula ósea son muestras que precisan un tratamiento especial para un diagnóstico anatomopatológico óptimo. En este trabajo se valorará la idoneidad de los líquidos fijadores B5 y formol para distintas técnicas histoquímicas. Cabe destacar que las biopsias de médula ósea están indicadas cuando hay sospecha clínica de multitud de condiciones (necrosis, fibrosis, linfomas, neoplasias, metástasis, ect.) y no siempre son necesarios estudios inmunohistoquímicos y de patología molecular.

OBJETIVO:

Adecuar la muestra en función de la patología a estudio.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recibieron dos cilindros de médula ósea remitidos por diferentes servicios de Hematología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 267

ESTUDIO INMUNOHISTOQUÍMICO Y MOLECULAR DE DOS CASOS CON CARCINOMA PAPILAR DE TIROIDES VARIANTE CRIBIFORME MORULAR

Autor/a/s: María Jesús Fernández Orgales, Trinidad Yolanda Rico Rodríguez, Magali Piso Neira, Nuria Escudero García, José Manuel Cameselle Teijeiro.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Santiago

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: chusorgales@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los carcinomas de tiroides son apenas el 1% de los tumores humanos, aun siendo así de las neoplasias endocrinas más frecuentes y el cáncer que más está aumentando actualmente. El 80% corresponden a carcinomas papilares (CP). La variante cribiforme morular (VCM) de CP, es un subtipo tumoral infrecuente que corresponde al 0,16% de los CP. Aproximadamente un tercio de los casos suele aparecer en pacientes con poliposis adenomatosa familiar (PAF), un síndrome de cáncer hereditario que predispone al desarrollo de múltiples pólipos intestinales y cáncer de colon.

Se presentan dos casos de la VCM de CP, ambos pacientes sin antecedentes familiares ni personales de interés. El primero corresponde a un varón de 45 años, que acudió a consulta por presentar un bulto masa cervical, siendo sometido a tiroidectomía total. El segundo caso, corresponde a una mujer de 31 años, que presentó también una masa laterocervical derecha y a la cual se le realizó una tiroidectomía total.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Sobre el material fijado en formol e incluido en parafina se ha realizado:

El estudio histológico convencional con Hematoxilina-Eosina.

El análisis inmunohistoquímico mediante el sistema EnVision (Dako, An Agilent Technologies Company), que utiliza un polímero de dextrano ligado a peroxidasa para evitar falsas positividades por la biotina endógena o la actividad biotina-like. Como marcadores ha sido utilizada una batería de anticuerpos: Beta-catenina, Tiroglobulina, Calcitonina y el Factor de transcripción tiroideo 1 (TTF1).

Así mismo, se realizó el estudio para la detección, en línea germinal, de la mutación del gen adenomatous poliposis coli (APC) a partir de sangre de los pacientes, para excluir una asociación con poliposis adenomatosa familiar (PAF).

RESULTADOS:

En ambos casos el estudio microscópico del tumor evidenció un patrón complejo conformado por áreas papilares, foliculares, trabeculares, cribiformes y áreas sólidas con estructuras moruloides (móculas) de apariencia escamoide. En el estudio inmunohistoquímico, las células tumorales fueron intensamente positivas para beta-catenina (positividad nuclear y citoplasmática) con negatividad para tiroglobulina, calcitonina y el factor de transcripción tiroideo 1 (TTF1). El diagnóstico en los dos casos fue de carcinoma papilar, variante cribiforme morular.

El estudio mutacional reveló mutación germinal del gen APC en el primero de los pacientes, no presentándose en el segundo caso (caso esporádico).

CONCLUSIONES:

La inmunotinción nuclear para beta-catenina es altamente indicativa de la variante cribiforme-morular del carcinoma papilar de la glándula tiroidea. Ante este diagnóstico debe realizarse un estudio genético del gen APC en línea germinal, para excluir la posibilidad de una PAF.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 271

APLICACIÓN DE LOS BLOQUES CELULARES OBTENIDOS MEDIANTE GEL AGLOMERANTE A LA DETERMINACIÓN DE BIOMARCADORES

Autor/a/s: VALERA MARTÍ, SANDRA; FLAMARICH HIDALGO, CRISTINA; STROHECKER SANTOS, INGRID; BASSOLA CASANOVA, JESSICA; SAN-SANO VALERO, IRENE.

Centro de trabajo: HOSPITAL VALL D'HEBRON

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: sandra.valera@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer de pulmón constituye la primera causa de muerte por cáncer. El 70% de los pacientes con cáncer de pulmón se diagnostican en estadios inoperables, además se trata de pacientes con mal estado general y frecuentes comorbilidades por lo que el uso de técnicas invasivas es limitado (biopsia, biopsia aguja gruesa o BAG, punción aspiración fina&).

Para decidir el tratamiento de los pacientes con carcinoma de pulmón de célula no pequeña (CPCNP) en estadio metastásico, es conveniente hoy por hoy, además del diagnóstico histológico, conocer el estado de las dianas terapéuticas o biomarcadores conocidos. Los pacientes pueden beneficiarse de un tratamiento dirigido contra los mismos. Los biomarcadores de rutina son: EGFR, ALK y ROS-1, cuya determinación requiere material tumoral suficiente. Para realizar hibridación in situ fluorescente (FISH) se requieren 50 células tumorales claramente identificables. Por ello, las muestras recomendadas son las biopsias (bronquial, transbronquial, pleural o BAG), seguidas del bloque celular obtenido por citología y por último la extensión citológica. La técnica citogenética gold standard en la determinación de reordenamientos de ALK es el FISH.

A menudo los líquidos pleurales no presentan material sólido en suspensión que permita realizar un bloque celular en el momento pero existen diferentes técnicas con las que puede conseguirse.

OBJETIVOS:

Valorar la utilidad de los líquidos pleurales en la determinación del los reordenamientos de ALK-EML4, mediante la confección de bloques celulares con un gel aglomerante.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han procesado 19 líquidos pleurales. Mediante centrifugación (5 minutos a 2800 rpm) se ha obtenido un botón celular (pellet), se ha decantado el sobrenadante y se han añadido 5 gotas de HistogelTM licuado (gel aglomerante para muestras biológicas) al pellet y se ha enfriado en nevera a una temperatura inferior a 20°C para la polimerización del gel. Una vez solidificado el pellet, se ha fijado en formol y embebido en parafina. Se ha realizado un corte en hematoxilina-eosina para el recuento de células tumorales bien diferenciadas y finalmente se ha realizado el FISH de éstas.

RESULTADOS:

Los 19 casos contenían un mínimo de 50 células tumorales claramente identificables por lo que resultaron adecuados para FISH. 17 de ellos contenían más de 100 células. 2 de los FISH resultaron positivos, 14 fueron negativos y 3 de ellos no valorables por falta de imágenes de hibridación.

CONCLUSIONES:

En nuestra experiencia la realización de bloques celulares a partir de líquidos es factible aunque no exista material en suspensión aparente y que estos son aptos para el estudio de biomarcadores.

Aunque no es la técnica de primera elección puede considerarse como una buena alternativa en pacientes de los que no se dispone de otro tipo de muestra o cuando el estado clínico de dicho paciente lo requiera dado a su baja invasividad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 285

AGREGADOS DE ALFA SINUCLEÍNA FOSFORILADA (SERINA 129) EN LAS ENFERMEDADES PRIÓNICAS

Autor/a/s: Marcilla Garcia Irene, Alonso Herrero Laura, Rodríguez-Serrano Idoia, Martínez-Valbuena Iván, Valenti-Azcárate Rafael, Areal-Cuns Carolina, Lacruz Bescos Francisco, Tuñón Álvarez Teresa, Luquin Piudo María Rosario

Centro de trabajo: CIMA-Universidad de Navarra

Localidad: Pamplona

Correo electrónico del primer firmante: imargar@unav.es

RESUMEN:

OBJETIVOS:

Estudiar la expresión de sinucleína fosforilada en la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob (ECJ) y el Insomnio familiar fatal (IFF) en las que existe un cambio conformacional de la proteína PrPc a su isoforma patológica PrPsc. Depósitos de proteínas como tau y alfa-sinucleína se han descrito en enfermedades neurodegenerativas como la enfermedad de Alzheimer y la enfermedad de Parkinson. Proponemos estudiar si en los pacientes con prionopatías (ECJ familiar y en IFF) existen depósitos de agregados de alfa-sinucleína.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudiamos corteza frontal, sustancia negra y cerebelo de 2 pacientes con ECJ familiar (padre e hija), 2 con IFF y 4 sujetos control. Se realizaron técnicas inmunohistoquímicas frente a sinucleína fosforilada (pSer129), PrP, Tau (pSer 396) y su cinasa GSK3-beta (pTyr 216). Se realizaron también técnicas de doble inmunofluorescencia.

RESULTADOS:

Tanto en los pacientes con IFF como en los pacientes con ECJ observamos una mayor inmunoreactividad de sinucleína (pSer129mayor) en la corteza frontal y en el cerebelo, que en los controles, donde no se observó inmunoreactividad.

ESTUDIO COMPARATIVO DE DETECCIÓN DE MUTACIONES DE EGFR EN MUESTRAS DE CARCINOMA DE PULMÓN NO MICROCÍTICO

Autor/a/s: Bassola Casanova, Jessica; Valera Martí, Sandra; Lindo Martín, Esmeralda; Somoza Lopez de Haro, Rosa; Hernandez Losa, Javier.

Centro de trabajo: Hospital Universitari de la Vall d'Hebrón

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: jessica.bassola@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El receptor del factor de crecimiento epidérmico o EGFR, es un receptor de membrana con actividad tirosina kinasa tipo I (RTK). Su activación estimula rutas oncogénicas (como MAPK y PI3K/AKT) aumentando la proliferación celular y frenando la apoptosis. En la última década se ha demostrado que ciertas mutaciones activadoras del gen EGFR, situadas en los exones 18-21, están asociadas a una respuesta frente a inhibidores específicos de la actividad tirosina kinasa (ITKs) de dicho gen en pacientes con cáncer de pulmón no microcítico o CPCNP. También se ha observado como las mutaciones localizadas en el exón 20, especialmente las relacionadas con la mutación T790M, ofrecen resistencia a dichos tratamientos iniciales. No obstante, recientemente, se han desarrollado inhibidores de segunda y tercera generación que han mostrado beneficio en los pacientes que poseen dicha mutación. Existen varios métodos de detección y determinación de mutaciones de EGFR a partir de ADN obtenido de tejido tumoral embebido en parafina y fijado en formaldehído (FFPET). Dentro de dichos métodos existen dos ensayos comerciales basados en PCR en Tiempo Real (RT-PCR) diseñados para la detección e identificación cualitativa de mutaciones que poseen una sensibilidad del 5% de alelos mutados en un entorno nativo o wild type (WT):

- Rotor-Gene Q Therascreen PCR kit, Qiagen (29 mutaciones)
- Cobas EGFR Mutation Test v2, Roche (41 mutaciones)

Recientemente, se ha desarrollado un ensayo de PCR Convencional y posterior hibridación y detección por microarrays de baja densidad. Éste consiste en imprimir un microarray con sondas específicas, en el fondo de un pocillo de placa microtítrler, donde se produce la hibridación de los productos amplificados y capaz de detectar mutaciones del gen EGFR en muestras parafinadas.

- CLART CMA EGFR, Genomica (40 mutaciones)

OBJETIVO:

Comparar los resultados retrospectivos obtenidos mediante los métodos de RT-PCR (Therascreen RGQ PCR kit o Cobas EGFR Mutation Test), con los obtenidos por el nuevo método CLART CMA, de una serie de pacientes con tumores de pulmón de célula no pequeña en estadio IV.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizó la determinación del estado mutacional del gen EGFR en un total de 100 muestras de carcinomas de pulmón no microcítico. Todas las muestras fueron analizadas mediante tinción de hematoxilina-eosina, comprobando que existiera un mínimo de 10% de tejido tumoral para ser validadas. En todos los casos validados hubo suficiente cantidad de ADN para hacer todas las determinaciones por las diferentes plataformas, evitando la realización de extracciones de ADN adicionales. Se procedió a comparar los resultados obtenidos mediante los métodos de RT-PCR con los obtenidos con el nuevo método CLART CMA y se realizaron los análisis de concordancia entre los mismos. En caso de existir discordancias entre dichas técnicas se procedió a analizar las mutaciones EGFR de dichos ADNs mediante el uso de secuenciación Sanger para resolverlas; y en el caso en el que las muestras presenten un contenido tumoral inferior al 30% procederemos a resolverlas mediante el análisis por NGS (PGM-ThermoFisher)

CONCLUSIÓN:

presentamos por primera vez dos casos de pacientes con ECJ familiar y dos casos de IFF con inclusiones de sinucleína (pSer129) en distintas regiones cerebrales. Su implicación en la fisiopatología de las enfermedades priónicas será discutida.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 303

ESTUDIO MOLECULAR MEDIANTE FISH EN SARCOMAS EN EL CAULE

Autor/a/s: González Dorado Nuria; González Martínez Raquel; Turiel Vicente Rosario; Santín Piedrafita Engracia; Castro Val Paz; Baltasar Moreira M^a Luz; Rodríguez Casado Lourdes; Alonso Monje Ana Luisa; Badillo Llamazares Lara; Liébana Llanos Sonia; Cuesta Díaz-de Rada Ana; Honrado Franco Emiliano; De la Hera Magallanes Ana Isabel.

Centro de trabajo: CAULE

Localidad: León

Correo electrónico del primer firmante: nemes3@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Los sarcomas de partes blandas son un grupo poco frecuente de tumores, donde los estudios moleculares, como la técnica de FISH ayudan en el diagnóstico y clasificación, sobretodo en casos complejos y poco diferenciados. Los estudios moleculares han aportado muchos conocimientos de las bases genéticas de los tumores y además sirven para aportar tratamientos más personalizados. En nuestro servicio estudiamos mediante FISH la amplificación del gen MDM2 para los liposarcomas bien diferenciados, la traslocación del gen SS18 (SYT) para sarcoma sinovial y la traslocación del gen EWSR1 (22q12) para sarcoma de EWING.

OBJETIVOS:

Plasmar los resultados obtenidos con la prueba molecular del FISH en los liposarcomas bien diferenciados, sarcomas sinoviales y en los tumores de Ewing durante los años 2015 y 2016

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemos realizado el FISH en 31 casos de sarcomas durante los años 2015 y 2016: 21 casos del CAULE, 4 del Hospital Río Hortega de Valladolid, 3 del Hospital Universitario de Burgos, 2 del Complejo Asistencial de Ávila y 1 del Complejo Asistencial de Segovia.

Se utiliza para la amplificación del gen MDM2 la sonda Vysis LSI MDM2/CEP 12, para la traslocación del gen SS18 (SYT) la sonda Vysis LSI SS18 (SYT,18q11.2) y para la traslocación del gen EWSR1 (22q12) la sonda EWSR1. El proceso se realiza manualmente durante 2 días, según el protocolo establecido.

RESULTADOS:

AÑOS	MDM2 Amplificación	MDM2 No amplificación	SS18 Traslocación	SS18 No traslocación	EWSR1 Traslocación	EWSR1 No traslocación	NO VALORABLE
2015	5	5	2	2	2	2	-----
2016	2	4	0	2	0	4	1
TOTAL	16	6	8	1			

CONCLUSIONES:

La técnica del FISH aportar datos moleculares que ayudan en el diagnóstico de tumores de partes blandas a pesar de que a veces histológicamente tengan una morfología distorsionada o carente de diferenciación.

En los liposarcomas bien diferenciados hemos detectado amplificación de MDM2 en un 43,75 %.

En los sarcomas sinoviales el 33,3% presento traslocación para el gen SS18 (SYT).

En los Tumores de Ewing el un 25% de los casos presentó traslocación por EWSR1.

1 de los casos ha resultado no valorable debido a una mala fijación del tejido en parafina.

RESULTADOS:

En las determinaciones basadas en RT-PCR se detectaron un total de 18 mutaciones del gen EGFR (13 en el exón 19 y 5 en el exón 21) de las cuales 6 contenían además la mutación T790M del exón 20 y 82 secuencias WT. En los análisis de CMA se encontraron un total de 19 mutaciones del gen EGFR (13 en el exón 19 y 6 en el 21) de las cuales 6 contenían además T790M, un caso de material no válido por falta de ADN en dicha determinación y 80 secuencias WT. Se detectaron un total de 4 resultados de CMA discordantes con la RT-PCR, obteniendo un caso WT detectado como Del19 en RT-PCR y encontrando 3 muestras mutadas adicionales a las RT-PCR (2 Del19 y 1 L858R). Actualmente estamos realizando las secuenciaciones de dichos 4 casos para conocer la sensibilidad y especificidad del nuevo kit.

CONCLUSIONES:

La concordancia en general entre los métodos basados en RT-PCR y CMA fue del 96% (pendientes de confirmarse los resultados discordantes mediante secuenciación para poder determinar la sensibilidad y especificidad) y teniendo un 100% de concordancia en los casos que presentan la mutación T790M. La tecnología de CLART CMA analiza las muestras de manera individual en cada chip pudiendo analizar un total de 96 casos en un solo ensayo. Los datos obtenidos del estudio hacen considerar el uso de CLART CMA para determinar mutaciones de EGFR en un laboratorio de Biología Molecular.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 360

DESPISTAJE DE HPV EN VARONES POR PCR

Autor/a/s: CASTRO VAL PAZ, SALAS VALIÉN JOSÉ SANTOS, LAGE VÁZQUEZ GONZALO, BARREDA ALONSO RUT, BALTASAR MOREIRA M^a LUZ, SANTÍN PIEDRAFITA ENGRACIA, GONZÁLEZ HERBÓN JOSÉ MARÍA, TURIÉL VICENTE ROSARIO, ALONSO MONJE ANA LUISA, RODRÍGUEZ CASADO LOURDES, GONZÁLEZ DORADO NURIA, GONZÁLEZ MARTÍNEZ RAQUEL, FERNÁNDEZ HEVIA BÁRBARA.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL DE LEÓN

Localidad: LEÓN

Correo electrónico del primer firmante: pcastrov@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El HPV es la infección de transmisión sexual más común. Cuando el contagio se produce afecta fundamentalmente en mucosas. La mayoría de varones portadores de HPV nunca presentan síntomas y la infección por lo general desaparece por sí sola, de no ser así puede causar, verrugas genitales o ciertos tipos de cáncer, pudiendo localizarse en; Escroto, prepucio, glande y uretra. Esta infección se asocia a neoplasia intraepitelial en un 70-100% de los casos, localizándose en el carcinoma verrucoso en un 80-100% de los casos y hay una incidencia de un 30-40% en cánceres invasivos. Los virus de los Tipos 16 y 18 están implicados en casi la mitad de los tumores.

Los métodos más estandarizados para la detección del HPV son; La hibridación del ADN, PCR y la captura de híbridos.

OBJETIVOS:

Detectar la presencia de HPV en genital masculino de pacientes expuestos al virus.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En nuestro centro hemos estudiado 14 casos de varones a los que se les realiza toma uretral, genital, o ambas.

Realizamos una determinación de HPV por PCR con el método CLART® HPV2. La solicitud de la prueba se hace desde los Centros de Salud o consultas externas de Atención Especializada. La toma en 11 de los casos se realiza en nuestro servicio en los 3 restantes recibimos la muestra.

La prueba se solicitó en 9 de los casos por contacto sexual con portadora de HPV u otras enfermedades de transmisión sexual. En 4 de los casos hay lesión (2 de ellos con verrugas) y por último 1 se hizo por petición del paciente.

El rango de edad de los pacientes está comprendido entre los 21 y 65 años.

RESULTADOS:

Como resultado del estudio vemos que en 5 casos son positivos para virus de alto riesgo con los Tipos 16, 51, 52, 53 (2), y 2 para virus de bajo riesgo con los Tipos 6 y 81, 5 son negativos, otro es no concluyente para el Tipo 62 y en 1 de los casos no tenemos DNA.

CONCLUSIONES:

Al igual que en la mujer también podemos detectar el HPV en varones obteniendo una positividad de casi el 50% en las pruebas realizadas.

El 71% de los pacientes positivos para HPV lo son para virus de alto riesgo oncológico.

El principal indicador de solicitud de HPV fue el contacto con mujer portadora del virus y el segundo lugar la presencia de lesiones en el varón.

Podemos usar esta prueba como despistaje de lesión en varón y para asegurar su negatividad en caso de contacto con portadoras.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 372

PARAMETROS CITOLÓGICOS DE LA PAAF EN EL CARCINOMA PAPILAR DE TIROIDES Y SUS TÉCNICAS DE TINCIÓN

Autor/a/s: Muñoz Serrano, María José; Suarez Guedes, María del Pino, Cabrera Cardona, María del Mar y Cabrera Galván, Juan José.

Centro de trabajo: Servicio de Anatomía Patológica del Complejo Hospitalario Insular Materno Infantil.

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria.

Provincia: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: meryjoucor@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Carcinoma Papilar de Tiroides (CPT) es la neoplasia más frecuente en la patología endocrina. La Punción aspiración con aguja fina (PAAF) guiada por Ecografía, es la prueba de elección inicial en el diagnóstico de los nódulos fríos tiroideos. Para un buen diagnóstico es clave disponer de las técnicas adecuadas que nos permitan valorar los parámetros del citado tumor.

OBJETIVOS:

Nos planteamos valorar las técnicas de tinción que discriminen mejor los rasgos citológicos de la PAAF en el Carcinoma Papilar de Tiroides.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemos valorado las características citológicas de la PAAF previa en 35 casos de Carcinoma Papilar de Tiroides intervenidos en nuestro Hospital, durante los últimos años. Para ello utilizamos las características citológicas siguientes, resumidas en 10 parámetros: 1. Hiper celularidad, 2. Monocapa, 3. Waxy citoplásmico o escamoide, 4. Núcleo oval, 5. Núcleo alargado, 6. Groove o inclusión nuclear, 7. Pseudoinclusión, 8. Células gigantes multinucleadas, 9. Coloide denso o buble gum y 10. Cuerpos de psammoma. Los portas se tiñeron con Diff-Quick (Giemsa) en extensiones en seco y con Papanicolau las fijadas en alcohol de 96° y en el Cytorrich para Citología líquida teñidas igualmente con Papanicolau. Se utilizaron los grados de Bethesda para el diagnóstico citológico.

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

De los 35 casos estudiados, las variables diagnósticas citológicas más frecuentes fueron: la Hiper celularidad (83%), Núcleos ovales (80%), Grooves (80%) y Waxy citoplásmico o escamoide (71%). Respecto de la clasificación de Bethesda, los más frecuentes fueron el grado V (Sospechoso para CPT) (59%) y en menor proporción fue el IV

PROSIGNA, PRONOSTICO DEL CANCER DE MAMA

Autor/a/s: PALOMA DIAZ DIAZ,, MARIA BELEN RIVAS MARCOS, MARI CARMEN RODRIGUEZ GONZALEZ, MARIA ANTONIA NUÑEZ GARCIA, MARIA ANGELES PACIOS PACIOS, ANGIUSTIAS PEREZ SANCHEZ, ASUNCION GOMEZ MUÑOZ, MAGDALENA SANCHOZ SALAS.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: pamdiazpam@gmail.com

RESUMEN:

PROSIGNA, PRONÓSTICO DEL CÁNCER DE MAMA

INTRODUCCIÓN:

En los últimos años el conocimiento del cáncer de mama ha evolucionado de manera significativa, entendiéndose como una enfermedad compleja en la que se deben considerar distintos factores para determinar el pronóstico de la paciente. Prosigna es un análisis molecular de expresión genética que proporciona el subtipo biológico del tumor en base a 50 genes, el riesgo de recurrencia en base al tamaño del tumor, el subtipo molecular intrínseco y el estado de proliferación del tumor y la probabilidad de recurrencia a distancia a 10 años en función del riesgo de recurrencia y la situación ganglionar. Dicha prueba esta indicada para mujeres que hayan sido intervenidas quirúrgicamente y que reúnan las características siguientes como son receptores hormonales positivos y ganglios negativos en estadios I o II y receptores hormonales positivos y ganglios positivos en estadios II o IIIA.

OBJETIVO:

Establecer qué pacientes con cáncer de mama en estadio temprano tienen riesgo de recidiva después del tratamiento local y cuales no, con el fin de saber los que se beneficiaran de una quimioterapia asociada.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realiza estudio en 276 pacientes con cáncer de mama intervenidas con cirugía de mastectomía o con terapia de conservación de la mama junto con el tratamiento locoregional correspondiente y que cumple los requisitos anteriormente descritos.

La prueba de PROSIGNA se realiza en tejido de tumor de mama fijado en formaldehído y embebido en parafina. El patólogo selecciona en un portaobjetos teñido con hematoxilina y eosina el área de carcinoma de mama y mide el área de superficie del tumor que determina el número de portaobjetos sin teñir necesarios para la prueba. El técnico macrodiseciona el área en los portaobjetos sin teñir para poder aislar el ARN del tejido, para ello usamos el kit de la casa comercial Roche para aislamiento de ARN FFPET. El ARN aislado se hibrida con el kit de NCounter de NanoString en el termociclador. Tras la hibridación se purifica la muestra en la estación de preparación nCounter sobre un cartucho. Cuando termina este proceso se coloca dicho cartucho en el analizador digital nCounter para la recogida de datos.

RESULTADOS:

De los 276 casos estudiados, 181 pertenecen al subtipo Luminal A, 90 al subtipo Luminal B, 2 al subtipo Basal-like y 3 al subtipo Her2-enriched.

De los 276 casos estudiados, 74 son de alto riesgo, 115 de bajo riesgo y 87 de riesgo intermedio.

	SUPTIPO INTRINSECO										
			LUMINAL A		LUMINAL B		BASAL-LIKE		HER-ENRICHED		
	<2	>2	<2	>2	<2	>2	<2	>2	<2	>2	
TAMAÑO TUMOR	<2	>2	<2	>2	<2	>2	<2	>2	<2	>2	
GANGLIOS	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	
RIESGO	ALTO	10	2	13	20	7	19	1		2	74
	BAJO	4	96	15							115
	INTERMEDIO	26	14	3	11	25	6	1	1		87
TOTAL CASOS		150	31	58	32	1	1	1	2		
			181		90		2		3		

(50%) (Proliferación Folicular). Concluimos que, en lo que respecta a las técnicas citológicas empleadas, el Diff-Quick es útil para la Hiperplasia celular, el Waxy citoplásmico, las Pseudoinclusiones y el Coloide denso, mientras que el Papanicolau es mejor para valorar los rasgos nucleares como los Grooves y los Núcleos ovoides y alargados. La citología líquida teñida con Papanicolau, aporta información cuando el material es escaso en las extensiones de rutina, pero no es imprescindible para un diagnóstico adecuado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 376

BIOMARCADORES CLAVES EN UNA MEDICINA PERSONALIZADA

Autor/a/s: MILAGROS SANTANAVERANOTENESoya ALAMO PULIDO

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Insular Materno Infantil

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: msanveruai@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La determinación de biomarcadores moleculares predictivos de respuesta a tratamientos específicos es fundamental para el desarrollo de una medicina personalizada, evitando así el uso de terapia no apropiada que va asociada a costes y efectos indeseables. Así, la Sociedad Española de Anatomía Patológica (SEAP) y la Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM) basándose en las actuales evidencias científicas recomiendan determinar principalmente el estado genético de los siguientes biomarcadores, KRAS y NRAS en los pacientes con carcinoma colorectal metastásico y EGFR en los pacientes con cáncer de pulmón no microcítico (CPNM).

OBJETIVOS:

Estudiar el estado mutacional de los biomarcadores RAS y EGFR en pacientes remitidos por los servicios de Neumología y Digestivo para su posterior tratamiento oncológico personalizado.

MATERIALES Y METODOS:

En nuestro servicio, una vez realizado el diagnóstico histológico de las muestras se extrae el ADN de secciones de 5 micras de tejidos fijados en formol y embebidos en parafina mediante kit comercial (DNA SAMPLE de Roche). El siguiente paso es la cuantificación de estos ADNs mediante el espectrofotómetro Nanodrop y posteriormente se analiza el estado mutacional de estos biomarcadores mediante dos métodos utilizados en patología molecular, el método basado en la reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real, en el que se utilizan sondas Taqman en el COBAS 4800 para los biomarcadores EGFR y RAS, y el método de PCR y secuenciación Therascreen Pyro de Qiagen (solo para RAS). En las muestras de pulmón se estudia el estado de EGFR y KRAS y en las de digestivo (colon, recto &) el KRAS y NRAS.

RESULTADOS:

Se analizó el estado mutacional de los biomarcadores EGFR y RAS en 148 muestras obteniéndose los siguientes resultados:

- En pacientes con carcinoma de pulmón presentan un 10,41% mutación en EGFR. La presencia de mutaciones en este gen constituye un factor predictivo de eficacia al tratamiento con inhibidores de la tiorina quinasa de EGFR.
- En pacientes con patología del aparato digestivo un 46,7% no presentan mutación en K-Ras ni en N-Ras, es decir son nativos en los dos genes y por tanto candidatos a recibir una terapia antireceptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR).

CONCLUSIÓN:

Las técnicas y métodos utilizados por nuestro laboratorio en el estudio genético de los biomarcadores analizados identifican y facilitan la selección de aquellos pacientes a los que aplicar una terapia dirigida, personalizada y eficaz por el servicio de Oncología del CHUIMI.

**CARCINOMA PAPILAR DE TIROIDES SIN PRIMARIO CONOCIDO
IMPORTANCIA DE LA DISECCIÓN Y PROCESADO GANGLIONAR**

Autor/a/s: MARIA ANTONIA NUÑEZ GARCIA, PALOMA DIAZ DIAZ, NOELIA MACIAS GONZALEZ, MARIA ISABEL GARCIA MARTINEZ, ALEJANDRA ORDAS PIÑEIRO, MARIA CARMEN RODRIGUEZ GONZALEZ, JORGE FEITO PEREZ.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: mariannuga6@gmail.com

RESUMEN:

**CARCINOMA PAPILAR DE TIROIDES SIN PRIMARIO CONOCIDO
IMPORTANCIA DE LA DISECCIÓN Y PROCESADO GANGLIONAR**

INTRODUCCIÓN:

Dentro de la clasificación de tumores malignos, el número de ganglios linfáticos con metástasis tiene un papel pronóstico fundamental. Los ganglios linfáticos deben ser aislados por el patólogo, y requieren un manejo y procesado muy cuidadoso dentro del laboratorio. Ello supone un reto tanto para el patólogo como para el técnico encargado del proceso.

OBJETIVO:

El principal objetivo es disponer del mayor número de ganglios linfáticos para lograr el diagnóstico de extensión más exacto posible.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recibe un vaciamiento cervical radical que pesa 145 g. No se dispone de biopsia previa, y las punciones realizadas anteriormente son poco concluyentes, sugiriendo lesiones benignas. Las pruebas de TAC Y gammagrafías sugieren metástasis, pero no se localizan masas que puedan corresponder con un tumor primario. El diagnóstico clínico sugiere una lesión quística.

Macroscópicamente se valora en primer lugar una formación quística central de 4 x 3 cm, con material sanguíneo vellosos aparentemente poco viable.

Asimismo, se realiza disección del tejido con resultado de 75 ganglios linfáticos.

RESULTADOS:

El estudio histológico muestra una tumoración papilar muy necrosada, constituida por una celularidad atípica con núcleos de centro claro. La morfología es típica de carcinoma de tiroides. La inmunohistoquímica da apoyo a este diagnóstico, siendo positivos CK19 y TTF1. De los 75 ganglios estudiados, 3 tenían depósitos semejantes a los descritos. Uno de estos ganglios era grande (1-1,5 cm), pero los otros dos tenían un tamaño milimétrico (> 4 mm).

CONCLUSIONES:

La búsqueda de ganglios linfáticos y el manejo cuidadoso del proceso histológico favorece un diagnóstico certero. Es importante no pasar por alto ningún ganglio linfático, por muy pequeño que sea, pues a pesar de su pequeño tamaño y dificultad de manejo, puede demostrar una metástasis como ha ocurrido en este caso.

**BENEFICIOS DE LA MONITORIZACION DE PACIENTES CON
CÁNCER DE PULMÓN NO MICROCITICO EN BIOPSIA LIQUIDA**

Autor/a/s: MARIA ANTONIA NUÑEZ GARCIA, PALOMA DIAZ DIAZ, MARTA VALDIVIELSO LABARGA, CAROLINA ALVAREZ DIEZ, ELENA JULIA ALONSO MORRONDO, CRISTINA ARCE DIAZ, YOANA FRANCO RODRIGUEZ, JUAN JOSE GARRIDO GALLEGO

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

CONCLUSIONES:

Gracias a esta prueba se puede evitar el sobretratamiento de algunas pacientes con cáncer de mama y así sus efectos tóxicos y económicos, ya que nos permite determinar el subtipo intrínseco en base a la genética del tumor que esta relacionado con el pronóstico de la enfermedad y la probabilidad de recurrencia de dicho tumor. Los casos de subtipo Luminal A son los que tienen más bajo riesgo de recaída.

**ESTUDIO DEL ESTADO DE LOS GENES EGFR Y ALK EN EL
CARCINOMA DE PULMON NO MICROCITICO NO ESCAMOSO EN
MUESTRAS DE PULMON**

Autor/a/s: PALOMA DIAZ DIAZ, MARIA ANTONIA NUÑEZ GARCIA, ROBERTO RODENAS FERNANDEZ, SANDRA ISABEL MALMERCA GONZALEZ, RUTH GERVAZ RIOS, MARTA RODRIGUEZ GONZALEZ.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA.

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: pamdiazpam@gmail.com

RESUMEN:

ESTUDIO DEL ESTADO DE LOS GENES EGFR Y ALK EN EL CARCINOMA DE PULMÓN NO MICROCÍTICO NO ESCAMOSO EN MUESTRAS DE PUNCIÓN

INTRODUCCIÓN:

Las determinaciones de las mutaciones del Receptor del Factor de Crecimiento Epidérmico (EGFR) y los reordenamientos de la Kinasa del Linfoma Anaplásico (ALK) se han incorporado en la rutina de diagnóstico del carcinoma de pulmón no microcítico (CPNM) no escamoso. Los pacientes portadores de estas alteraciones han experimentado un incremento en la supervivencia y mejorado su calidad de vida.

OBJETIVOS:

El objetivo principal es revisar el número de determinaciones de EGFR y ALK realizadas en nuestro hospital sobre material de punción aspiración con aguja fina (PAAF) y su relación con características clínicas y de obtención de la muestra.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para llevar a cabo este estudio hemos realizado una revisión retrospectiva de 103 casos de CPNM no escamoso en estadios avanzados o metastásicos en los años 2015 y 2016 analizando el estado de los genes EGFR y ALK mediante técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa Transcriptasa Reversa (RT-PCR) e hibridación in situ fluorescente (FISH) respectivamente, así como características demográficas y clínicas.

RESULTADOS:

De los 103 pacientes el 76% fueron hombres con una mediana de edad de 67 años (rango 45-86 años). Se determinó el hábito tabáquico de 95 pacientes, de los que el 75% eran fumadores con una mediana de 40 paquetes/año. El material se obtuvo mediante PAAF guiada por ecografía endobronquial (EBUS) en el 76% (n=80) de los casos y guiadas por ecografía o tomografía computarizada el 24% (n=25). Todos los casos fueron p40 y CK5 negativos.

El 9% (n=9) de los pacientes presentaron mutaciones de EGFR, siendo más frecuente en mujeres (20% de las mujeres vs 5% de los hombres; P<0.05) y en pacientes sin hábito tabáquico (22% en no fumadores vs 7% en los no fumadores; P<0.05). El tipo de mutación más frecuente fue la L858R (n=5) seguida de la del(19) (n=4).

Se estudió el reordenamiento de ALK en 89 de los 103 totales, estando presente en 4 casos (4%). Ningún caso presentó de forma simultánea mutaciones de EGFR y reordenamientos de ALK.

CONCLUSIONES:

Nuestros resultados son concordantes con la literatura publicada, y reflejan la utilidad de PAAF en el diagnóstico y estudio de las alteraciones moleculares en CPNM no escamoso.

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: mariannuga6@gmail.com

RESUMEN:

BENEFICIOS DE LA MONITORIZACIÓN DE PACIENTES CON CÁNCER DE PULMÓN NO MICROCÍTICO EN BIOPSIA LÍQUIDA

INTRODUCCIÓN:

El cáncer de pulmón no microcítico presenta como alteración génica más común y tratable la mutación del Receptor del Factor de Crecimiento Epidérmico (EGFR), que puede ser identificada en biopsia líquida. Esto va a permitir la detección temprana de mutaciones asociadas a respuesta a tratamientos, la resistencia a los fármacos administrados, analizar la heterogeneidad del tumor y la monitorización del paciente.

OBJETIVOS:

Determinar e identificar mutaciones en el gen EGFR asociadas a carcinoma de pulmón no microcítico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudian 10 pacientes con adenocarcinoma pulmonar en estadio IIIA/B. Todos presentan mutación de EGFR diagnosticada en tejido. Se toman muestras de sangre periférica y se analiza el material genómico utilizando la plataforma CLART CMA EGFR BL (Genómica), realizándose determinaciones seriadas en alguno de ellos, con un intervalo entre las mismas de 1-2 meses en función de criterios clínico-oncológicos y estado mutacional.

RESULTADOS:

En la primera determinación y tras terapia no se detecta mutación en el 60% de los pacientes. En el 40% restante persistía la mutación original.

Estos hallazgos se relacionan según la evolución clínica con respuesta al tratamiento y revelan alta concordancia entre biopsia tisular y biopsia líquida.

CONCLUSIONES:

La biopsia líquida es una prueba no invasiva que permite realizar análisis periódicos para conocer la evolución de la enfermedad en el paciente.

Es un método rápido, específico y rentable.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 395

IMPORTANCIA DE LA ORIENTACIÓN DE LAS BIOPSIAS ENDOSCÓPICAS EN EL DIAGNÓSTICO DE LAS ENFERMEDADES CELÍACAS

Autor/a/s: RAQUEL GONZÁLEZ MARTÍNEZ; NURIA GONZÁLEZ DORADO; LAURA ATIENZA REBOLLAR; ENGRACIA SANTÍN PIEDRAFITA; PAZ CASTRO VAL; DEVORA PÉREZ IBEAS; BARBARA FERNÁNDEZ HEVIA; FELIX MATILLA MATILLA; INMACULADA MATANZA RODRÍGUEZ.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE LEÓN

Localidad: LEÓN

Correo electrónico del primer firmante: rgonzalezma@saludcastillayleon.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La enfermedad celíaca cada vez afecta a un mayor número de población y se caracteriza por la atrofia de las vellosidades de la mucosa intestinal tras la ingesta del gluten, lo que ocasiona una mala absorción de los nutrientes. El diagnóstico se confirma con la biopsia de duodeno ó yeyuno. Para el estudio histológico es primordial la correcta orientación de las muestras en el momento de la realización de los bloques.

OBJETIVOS:

Resaltar la importancia de la orientación de las muestras endoscópicas en las enfermedades celíacas y evidenciar el aumento de biopsias de duodeno.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante los años 2015 y 2016, en el servicio de Anatomía Patológica del CAULE, se reciben y orientan 777 biopsias de duodeno para descartar enfermedad celíaca.

Se orientan las muestras de tal forma que se observe el epitelio, la lámina propia y la muscular de la mucosa. Se tiñen con H-E, Azul Alcian-Pas y por IHQ con el anticuerpo CD3 que facilita la visualización de linfocitos intraepiteliales.

RESULTADOS:

Se ha orientado correctamente en un 99,61% observándose al microscopio una superficie mucosa plana, con ausencia de las vellosidades intestinales, así como linfocitos intraepiteliales en la fase infiltrativa, hiperplasia de las criptas en la fase hiperplásica, y atrofia de las vellosidades ya nombradas en la fase destructiva.

En un 0,39% la orientación ha sido incorrecta observándose cortes tangenciales de las vellosidades lo que imposibilita ver la arquitectura de las mismas.

Durante el año 2015 se orientaron como biopsias con sospecha de enfermedad celíaca 276 y de las cuales 11 fueron positivas para dicha enfermedad, con pacientes de edades comprendidas entre los 10 - 66 años y con un grado de afectación, según la Escala de Marsh, desde el Tipo I hasta el IIIC.

En el año 2016 fueron 501 las biopsias endoscópicas recibidas con sospecha, de las cuales 22 fueron finalmente diagnosticadas como enfermedad celíaca, con rangos de edades desde los 19 años hasta los 71 y con afectación que comprenden desde el Grado I hasta el IIIC.

CONCLUSIONES:

- La correcta orientación de la biopsia endoscópica, en caso de sospecha de enfermedad celíaca, es imprescindible para posibilitar un diagnóstico microscópico certero.
- Las consecuencias negativas de un procesado y orientación no correctas del bloque, sería dada la imposibilidad de reorientar la muestra una vez cortada, dificultar y/o impedir un diagnóstico de certeza de enfermedad celíaca.
- En el año 2016 el número de muestras de duodeno para descartar enfermedad celíaca aumentó un 44,91% con respecto al 2015 y en los casos diagnosticados como enfermedad celíaca un 50% con respecto al 2015.
- Un 3,99% de las biopsias de duodeno correspondieron a enfermedad celíaca en el 2015 y un 4,4% en el 2016.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 399

RESULTADOS DE LA TÉCNICA EBUS (ELTRASONIDO ENDOBRONQUIAL) EN EL SERVICIO DE ANATOMÍA PATOLÓGICA DEL HCU DE VALLADOLID EN EL AÑO 2016

Autor/a/s: Cristina Arias Ubillos, Rocio Guijarro Perez, Silvia Cantero Gonzalez, Henar Borrego Pintado, Juan Jose Mateos Otero

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: crisarub@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

EL EBUS es una técnica mínimamente invasiva que no requiere anestesia, solo sedación consciente, por lo que se realiza de forma ambulatoria, evitando así la realización de técnicas quirúrgicas más costosas e invasivas como la mediastinoscopia. El índice de complicaciones informadas es inferior a 0,5%, en la mayoría de los casos son episodios menores.

El ecobroncoscopio sectorial permite visualizar por medio de ultrasonidos, las estructuras adyacentes a la vía aérea y la realización de la punción-aspiración (PTB) simultánea con visión directa en tiempo real. Se realiza punción de ganglios mediastínicos con un diámetro entre 5 y 10 mm; consiguiendo una rentabilidad diagnóstica del 95% con una sensibilidad del 92,5% y una especificidad del 100%.

Las regiones que deben ser exploradas por el EBUS son las estaciones mediastínicas 2R y 2L, 4R y 4L y 7 (área subcarinal). También se pueden acceder a los ganglios hiliares e interlobares (estaciones 10y 11).

La situación ideal, sería el manejo de las muestras, con el patólogo/técnico en la sala de broncoscopias (llamado ROSE).

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo es demostrar la utilidad de la técnica EBUS en el diagnóstico y estadiaje en el cáncer de pulmón.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante el año 2016 hemos recibido material obtenido por EBUS de 113 pacientes, con un total de 485 muestras citológicas, que corresponden a diferentes estaciones ganglionares de los mismos pacientes.

El material citológico se ha procesado con el método THIN PRET y teñidas con la técnica de Papanicolaou.

RESULTADOS:

De todos estos estudios (por paciente) se han diagnosticado: 22 Adenocarcinomas 19.5%, 24 Carcinomas escamoso 21.23%, 4 Carcinomas neuroendocrinos 3.53%, 20 Otras patologías 28%, 36 negativos 31.84%

De las 36 muestras negativas, en 14 se ha realizado biopsia por métodos invasivo (mediastinoscopia). Únicamente en un caso no hubo concordancia del 100%.

CONCLUSIONES:

Es una técnica mínimamente invasiva, con poco riesgo para el paciente y que aporta una gran información para el tratamiento, con un bajo coste y alta rentabilidad.

El EBUS, junto al TAC y TAC-PET, permite distribuir a los pacientes con cáncer de pulmón en diferentes grupos para optimizar sus opciones terapéuticas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio se ha realizado sobre 29 cirugías oncológicas de neoplasia de ovario de casos localmente avanzados durante un año. De cada caso se han realizado improntas directas del tumor. Las citologías de los lavados peritoneales fueron centrifugadas durante 5 a 2800 rpm. Ambas muestras fueron fijadas en alcohol de 96° y teñidas con Papanicolaou. El estudio citomorfológico se realizó con tres observadores diferentes. Se compararon los resultados por ambos procedimientos en lo que concierne a coincidencia o no de diagnóstico (positivo; negativo); y en caso de coincidencia, nivel de gradación de semejanza (discreto, moderado y alto). Se recogieron los resultados en unas tablas Excel y se realizó el estudio estadístico.

RESULTADOS:

De los 29 casos estudiados se ha obtenido una concordancia impronta-lavado positivo de 14 (48.27%). 8 de los casos obtuvieron una semejanza alta y fueron diagnosticados como 2 carcinomas (ca.) de células claras, 1 ca. endometriode, 1 ca. mucinoso y 4 ca. serosos. 3 de ellos tuvieron una semejanza moderada y fueron diagnosticados de carcinoma serosos. En los últimos 3 la semejanza fue discreta siendo 2 de ellos ca. seroso borderline y 1 ca. mucinoso borderline.

CONCLUSIONES:

A tenor de los resultados obtenidos, el empleo de la realización de improntas citológicas sobre tumores de ovario parece tener un papel importante a la hora de mejorar el diagnóstico citológico; al ser obtenida directamente sobre el tumor, no presenta células de acompañamiento, como ocurre en los líquidos peritoneales, permitiendo así una mejor correlación de las células atípicas obtenidas por ambos métodos y evitar errores de apreciación. Igualmente, el uso continuado de este procedimiento posibilitará próximamente un mejor conocimiento citológico de todos los tipos histológicos, lo que permitirá un mayor peso específico de la citología en el estudio oncológico de estas patologías.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 414

PAPEL POTENCIAL DE LA IMPRONTA CITOLÓGICA EN EL PROCESO DE DIAGNÓSTICO DE NEOPLASIAS DE OVARIO

Autor/a/s: Bassola Casanova, Jessica; Ubalde Rizos, Susana; Strohecker Santos, Ingrid; Flamarich Hidalgo, Cristina; Valera Martí, Sandra; García Jimenez, Ángel.

Centro de trabajo: Hospital Universitari de la Vall d'Hebron

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: jessica.bassola@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En la actualidad el estudio citológico de los tumores de ovario en la práctica clínica queda relegado en la mayoría de los casos al empleo de lavados peritoneales, cuya finalidad se basa en el estadiaje. Dado el limitado conocimiento citológico de estas patologías y el descubrimiento de casos localmente avanzados en que la cirugía no es el tratamiento de elección, la citología debe asumir este rol, con todas las dificultades que conlleva con ello. La complejidad en la interpretación citológica es debida a la reactividad mesoteial.

Las improntas directas sobre el tumor reflejan la verdadera morfología celular, su uso sistemático puede ahondar en el conocimiento de estas patologías y ser de ayuda si se compara con la información que proporciona únicamente el estudio del lavado peritoneal.

OBJETIVOS:

Estudio comparativo de la morfología celular obtenida mediante impronta directa del tumor con la obtenida del lavado peritoneal, de casos en estadios localmente avanzados que previamente han sido diagnosticados por histología, para mejorar y aumentar el rendimiento diagnóstico de los lavados.

BIOQUÍMICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 006

COMUNICACIÓN DE UN VALOR DE ALARMA DE UN FÁRMACO INMUNOSUPRESOR DESDE EL LABORATORIO

Autor/a/s: BORREGO PAREDES GEMMA, CALERO RUIZ MARÍA MERCEDES, DE BRINGAS POSADILLO MARÍA ESPERANZA, ARES DE VEGA AMALIA, CORONILLA PARAZUELO FRANCISCO.

Centro de trabajo: UGC HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTA DEL MAR.

Localidad: CÁDIZ

Correo electrónico del primer firmante: confabulhadas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Un valor de alarma es aquel cuya comunicación supone un beneficio para el paciente. Los fármacos inmunosupresores habitualmente utilizados en el trasplante de órganos son susceptibles de monitorización. Este tratamiento tiene como finalidad prevenir el rechazo pero debe mantener intacta la inmunidad no relacionada con el injerto evitando así la morbilidad infecciosa y neoplásica derivada. En nuestro centro, los niveles de inmunosupresores fuera del rango terapéutico no consideramos que comprometan la vida del paciente.

OBJETIVOS:

Dar a conocer la importancia de comunicar un resultado con valor de alarma en un corto periodo de tiempo para poder reajustar en cada caso la dosis y por tanto un beneficio para el paciente.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudia el caso de un paciente de 49 años diagnosticado de diabetes Mellitus tipo 2 con complicaciones de anemia ferropénica hiperlipemia e hipertensión arterial. Tras ser sometido a un trasplante renal hace 4 meses recibe tratamiento inmunosupresor con micofenolato de mofetilo (MMF360 mg / horas vías oral) y tacrolimus (FK506, 150 mg/ 24horas vía oral). Acude a visita de control a la consulta de nefrología realizándose una extracción sanguínea previa a la administración del fármaco.

El analizador usado por nuestro laboratorio es el Dimension Xpand Plus de Siemens.

RESULTADOS:

Se obtuvieron los siguientes resultados:

MMF: 0,10 µg/mL (valores aconsejados de 1-4 ng/mL).

FK506: 32,40ng/mL (valores aconsejados 5-10ng/mL).

Se confirman estos valores en el laboratorio y tras comprobar que no existen causas que justifiquen estos niveles se avisa telefónicamente al médico solicitante.

CONCLUSIÓN:

Poner de manifiesto la trascendencia en la comunicación de valores de alarma siendo ésta una herramienta de mejora en la seguridad para el paciente. En este caso la notificación desde el laboratorio el mismo día de la extracción supuso que al paciente se le ajustara el tratamiento evitando así posibles complicaciones derivadas de una posible intoxicación por FK506 (>10) ya que el paciente confundió el intervalo posológico de ambos fármacos. Y finalmente comprobar tras una nueva extracción como los valores estaban dentro del rango terapéutico.

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: barbero_magda@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La determinación de la glucemia constituye una medición de primera línea para el diagnóstico y seguimiento de la diabetes mellitus. El método de referencia para su determinación es el método enzimático hexoquinasa (en suero o en plasma) y en nuestro laboratorio disponemos de un método de medida (analizador automático) que cuantifica la glucemia de las muestras remitidas diariamente usando este método. Además en la sala de extracciones disponemos de un glucómetro para el control glucémico de los pacientes diabéticos en sangre total. Los resultados obtenidos por ambos métodos deberían ser equiparables pero se han detectado diferencias, por eso se procederá a su estudio.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados de la glucosa obtenidos mediante el método de medida analítico de rutina en el módulo c701 del Cobas 8000® (Roche Diagnostics) y los medidos en un glucómetro FreeStyle OptiumH® (Abbott).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogieron 241 muestras de rutina de pacientes adultos durante los meses de febrero a abril de 2016, recepcionadas en el laboratorio de nuestro hospital. Se determinaron los niveles de glucemia en suero mediante el autoanalizador Cobas 8000 ® (método enzimático hexoquinasa). Al mismo tiempo se determinaron los niveles de glucosa en sangre total capilarmente utilizando el dispositivo FreeStyle OptiumH® (electroquímica amperométrica).

Los resultados obtenidos fueron analizados con el coeficiente de correlación de Pearson y el coeficiente de correlación de Spearman. Asimismo los cálculos han sido realizados con el programa estadístico SPSS versión 21.0. Los valores de $p < 0.001$ han sido considerados estadísticamente significativos.

RESULTADOS:

Se realizó un estudio de Passing-Bablok obteniéndose los siguientes resultados:

Coefficiente de correlación: $r = 0.295$

Ecuación de regresión: $y = 0.543x + 48.95$ Pendiente: 0.543 IC 95% (0.395 ; 0.589) Constante: 30.35 IC 95% (40.66 ; 57.24).

El análisis de resultados mostró un coeficiente de correlación de Pearson entre ambos métodos de 0,516 ($p < 0.001$) y un coeficiente de correlación de Spearman: 0,409 ($p < 0.001$). Los datos obtenidos indican una correlación moderada entre ambos métodos.

CONCLUSIONES:

La determinación de la glucemia por ambos métodos presenta diferencias significativas. Por lo tanto es imprescindible disponer en el laboratorio de un autoanalizador que determine los niveles de glucosa empleando el método de referencia; aunque la posibilidad de obtener resultados mediante un glucómetro permita tomar decisiones de forma rápida y fácil.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 010

CARACTERIZACIÓN ESPECTROFOTOMÉTRICA DE UNA SUSTANCIA DERIVADA DE FTALOCIANINAS PARA TERAPIA FOTODINÁMICA ANTITUMORAL

Autor/a/s: Barbero García María Magdalena, García Sánchez María Stella, Gallego Revuelta María Jesús, Besga García Beatriz, García Sánchez María Isabel, Andrés Ledesma Cristina, Vega Sancho, Ana María.

Autor/a/s: Gallego Revuelta María Jesús, Barbero García María Magdalena, García Sánchez María Stella, Besga García Beatriz, García Sánchez María Isabel, Andrés Ledesma Cristina.

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La terapia fotodinámica antitumoral constituye un novedoso tratamiento que está generando numerosas expectativas. Basado en sustancias fotosensibles consiguen destruir las células tumorales al ser activadas por la luz. El mecanismo de acción consiste en generar radicales libres que aumentan los niveles de estrés oxidativo. Nuestro grupo ha sintetizado una de estas sustancias a la que hemos llamado PZ. Se trata de un derivado de ftalocianina novedoso debido a su activación por luz dentro del espectro visible y a su inocuidad.

OBJETIVOS:

Estudiar las características espectrofotométricas de la sustancia PZ para definir la longitud de onda de irradiación. Esta longitud de onda debe ser la de mayor absorción de Energía en el espectro. A esta longitud de onda la sustancia se activa y destruye la célula tumoral.

Definir la longitud de onda emitida por la sustancia a la que será visible al microscopio para su localización en la célula. El compuesto se irradia a 365 nm ya que es una longitud de onda común en los microscopios y a la que las ftalocianinas emiten energía de forma ya conocida.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Sustancia derivada de las ftalocianinas (PZ). Hemos generado 3 variantes de esta sustancia: PZ1 (sustancia sintetizada), PZ2 (PZ1 más cadenas de azúcar que permitirán la entrada en la célula). Las mediciones se han realizado a una [] x de peso/volumen.

Espectrofotómetro UV- 1800 y espectrofluorímetro RF- 5301PC. Las unidades son Unidades Arbitrarias.

RESULTADOS:

ABSORCIÓN	Control (Agua)	PZ1	PZ2
340 nm	-	0.13000	0.06432
658 nm	-	0.07000	0.02521
962 nm	-	0.03453	0.02603

Tabla 1: Se muestran las energías de Absorción máximas para cada sustancia (picos de absorción).

EMISION(365nm)	Control (Agua)	PZ1	PZ2
449 nm	-	21.967	30.969
731 nm	-	50.866	6.338

Tabla 2: Se muestran las energías de Fluorescencia de la sustancia irradiándola a 365 nm.

CONCLUSIONES:

Hemos demostrado que nuestro producto absorbe Energía en el espectro visible (658 nm) lo cual es de vital importancia para utilizar PZ como un agente terapéutico. PZ se activará dentro de la célula con un haz de luz, sin necesidad de utilizar luz ultravioleta que destruiría los tejidos sanos donde no penetre el producto. También observamos que absorbe Energía en la longitud de onda correspondiente al infrarrojo lo que nos da nuevas posibilidades de activar el producto mediante calor.

Tanto PZ1 como PZ2 son visibles en el microscopio al irradiarlos con 365 nm por lo que nos permitirá observar su localización intracelular y sus lugares de actuación.

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Sepsis grave (SG) y Shock séptico (SS) son un problema sanitario de primera línea que afecta a millones de personas en el mundo cada año y cuya incidencia está en aumento. Su complejidad y la gran variabilidad de signos y síntomas inespecíficos que provoca, hacen que su diagnóstico temprano y la determinación de su gravedad sean difíciles de establecer. Los biomarcadores pueden jugar un papel importante en el diagnóstico precoz y determinación del pronóstico de la sepsis. No obstante hasta el momento los biomarcadores utilizados rutinariamente no han demostrado la sensibilidad y especificidad suficientes. La proadrenomedulina (ProADM) es un péptido con actividad vasodilatadora y bactericida con propiedades inmunomoduladoras. Se ha demostrado que existe un aumento de sus niveles en la sepsis.

OBJETIVOS:

Analizar la correlación existente entre los niveles plasmáticos de este biomarcador con los niveles de leucocitos. Así mismo, se pretende establecer si existe correlación estratificando por diferentes rangos de edad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio prospectivo de cohortes observacional en el que fueron reclutados 110 pacientes adultos ingresados con diagnóstico de Sepsis severa/Shock séptico. Los niveles de ProADM se analizaron en plasma (EDTA) por medio del analizador Kryptor Compact (Brahms) empleando la tecnología TRACE (señal emitida desde un inmunocomplejo con retardo de tiempo). La determinación de los niveles de leucocitos se realizó en un Sysmex XN-1000® (Roche Diagnostics) igualmente en plasma (EDTA). Se analizó la correlación entre los niveles de leucocitos y los niveles de ProADM mediante el test Rho de Spearman. Para la comparación de los niveles de ProADM basándonos en diferentes rangos de edad empleó el análisis de la varianza (ANOVA).

Los cálculos han sido realizados con el programa estadístico SPSS 21.0. Los valores de $p < 0.05$ han sido considerados estadísticamente significativos.

RESULTADOS:

Se analizó la existencia de correlación entre niveles de ProADM y leucocitos, para ello, se establecieron tres grupos: pacientes leucopénicos (<4200 l/mm³), pacientes con valores normales (4200-10000 l/mm³) y pacientes con leucocitosis (>10000 l/mm³).

Se repitió el mismo análisis estratificando por diferentes rangos de edad: 30-60, 60-70, 70-80 y >80 años. Al realizar la comparación de niveles de ProADM entre diferentes grupos de edad, no se observan diferencias estadísticamente significativas.

Grupo de pacientes	Coefficiente Rho Spearman
Leucopenia	- 0,415
Valores normales	-0.129
Leucocitosis	0.254*

Tabla 1: Correlación entre niveles de ProADM y leucocitos

CONCLUSIONES:

Existe correlación escasa entre niveles de ProADM y cifra de leucocitos en pacientes con leucocitosis. Por otra parte, el valor pronóstico de ProADM es independiente de la edad en Sepsis severa/Shock séptico. Se necesita ampliar estos estudios para profundizar en el comportamiento de este biomarcador en pacientes leucopénicos.

IMPORTANCIA DE LA INSTAURACIÓN DE UN PLAN DE CONTINGENCIA EN UN LABORATORIO CLÍNICO HOSPITALARIO: PAPEL DEL TÉCNICO ESPECIALISTA DE LABORATORIO

Autor/a/s: LUISA MARIA RUEDA DURAN, MARIA ANGELES MARTIN GARCIA, NURIA ALONSO GARCIA, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rufoa2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Denominamos Plan de Contingencia al conjunto de normas y procedimientos que se realizan en el área de pre-analítica (también denominada policlínica) del Laboratorio Central de nuestro Complejo Hospitalario, permitiendo actuar de manera rápida y efectiva ante una situación no previsible que pudiera afectar al área de extracción analítica y recogida de muestras domiciliarias de los pacientes con citación previa.

OBJETIVOS: Nuestro objetivo con esta comunicación es demostrar la importancia de establecer unas pautas claras y sencillas de actuación ante al hipotético caso de un fallo o caída de la red de comunicaciones (informática) en nuestro Complejo Hospitalario, impidiendo registrar, los volantes tramitados por petición electrónica, en el sistema informático del Laboratorio (ModulabGold de Werfen Company-LIS-Sistema de Información del Laboratorio), así como el etiquetado normal y protocolizado de las muestras, garantizando la reducción o falta de equivocaciones en la identificación de la muestra/paciente, impidiendo producir graves consecuencias en el diagnóstico, monitorización y tratamiento de los pacientes (seguridad del paciente).

MATERIAL Y MÉTODOS:

En nuestro Centro Hospitalario, se emplea durante el desarrollo del Plan de Contingencia de una cuartilla con etiquetas de colores pre-impresas, con una numeración única para cada paciente y con los correspondientes códigos de barras, necesarios para identificar de forma rápida y segura a los contenedores o tubos de aquellas pruebas más solicitadas que a su vez llevan un código numérico para cada prueba.

Etiquetas: Sistemático de sangre, Estudio de Linfocitos, Grupo, Rh y Coombs, Coagulación, Bioquímica, Sistemático de orina, Orina de 24 horas (sin conservante), Urocultivo, Orina de una Micción, Coprocultivo y Parásitos, Hemoglobina Glicosilada, Serología de Microbiología, Perfil Férrico). Éstas se completan con una serie de etiquetas con códigos de barras genéricos para aquellos contenedores o tubos con los parámetros analíticos menos solicitados (muchos de ellos de pruebas especiales), como pueden ser: PTH, Tiopurina, Lactato, Gasometría, Fármacos, Crioaglutininas, Cromogranina A, Gastrina, entre otros.

Pasos del Protocolo a seguir antes esta eventualidad:

1. Comunicación al Servicio de Informática de la incidencia ocurrida intentando determinar el tiempo que va a durar el problema.
2. El celador asignado a la policlínica hospitalaria informará a los pacientes del problema acaecido y del procedimiento a seguir. Se empleará el listado de pacientes citados por hora e irá distribuyendo a los pacientes según hora y minuto en los puestos asignados para el personal administrativo.
3. El personal administrativo se encargará de etiquetar e identificar el resguardo de petición electrónica, devolviéndole al paciente, junto con el resto de etiquetas no utilizadas, la petición analítica para su posterior extracción.
4. Los Técnicos Especialistas de Laboratorio se encargarán de revisar y preparar los contenedores dependiendo de las determinaciones solicitadas. Se colocarán las etiquetas correspondientes a los tubos dependiendo de las pruebas solicitadas, así como identificando en el tapón de los tubos, de forma visible, aquellas características necesarias para el correcto procesamiento analítico (hielo, oscuridad,

calor, tiempos de análisis como los del test de O`Sullivan (60'), curvas de prolactina (30'), como muestra de algunos ejemplos y, recogiendo el resto de muestras biológicas como orina, heces, esputos, torundas y otros con su correspondiente identificación. Debemos asegurarnos que la recogida ha sido correcta y en el caso de no ser así, se le proporcionará al paciente la posibilidad de volver a recoger la muestra domiciliaria, explicándole, verbalmente y/o por escrito (si fuera necesario), claramente, el procedimiento a seguir.

5. Una vez los tubos y diferentes contenedores han sido preparados, los pacientes pasarán a la zona de extracción (boxes o estaciones de extracción) donde se encuentran ubicadas las enfermeras encargadas para tal fin.
6. Los tubos/contenedores pasarán a la zona pre-analítica, donde, nuevamente, los Técnicos Especialistas de Laboratorio centrifugarán y tratarán los tubos de forma convenientemente, evitando el deterioro o el inadecuado manejo de la muestra y, de esta manera, poder garantizar que los resultados sean los más precisos y fiables. Posteriormente, se distribuirán a las diferentes secciones para su procesamiento.
7. Una vez el problema informático se haya solucionado, el personal administrativo se encargará de registrar las peticiones en el programa informático del Laboratorio (ModulabGold-SIL)
8. Una vez registrado todas las peticiones, los Técnicos Especialistas de Laboratorio, se encargarán de activar y enviar (Host) los resultados obtenidos en los distintos analizadores, para que sean supervisados y validados si procede por los diferentes Facultativos Especialistas.

RESULTADOS:

Tras sucesivos problemas en el funcionamiento de la red informática hospitalaria, asociado al caos que ello genera, tanto en el manejo de los pacientes (hospitalizados y ambulatorios/consultas) como en la realización de las pruebas diagnósticas, se requiere la elaboración necesaria de un protocolo de actuación ante estos contratiempos, ajenos al Laboratorio Central. Este protocolo evitará la paralización de la actividad hospitalaria, así como del Servicio y reducir el tiempo de reacción y los errores pre-analíticos. Nuestra comunicación demuestra que no hay diferencias estadísticamente significativas al comparar el tiempo de actuación normal vs. tiempo protocolo de contingencia, a excepción del tiempo necesario para poner en marcha el protocolo (Media= 18 minutos). Tras la puesta en marcha de este protocolo, en posteriores situaciones de esta índole, se ha reducido el tiempo de atención al paciente (que llegó a ser de horas, al carecer del protocolo) a escasos minutos hasta que se activa la infraestructura necesaria. Siendo atendidos los pacientes con la misma rapidez, agilidad y seguridad que en condiciones normales.

CONCLUSIÓN:

Destacar el importantísimo papel que juegan los Técnicos Especialistas de Laboratorio, responsables de controlar todo el proceso y poner en marcha el protocolo y Plan de Contingencia, garantizando la correcta identificación muestra/paciente, la elección de los tubos/contenedores adecuados y el tratamiento de la muestra extraída. Todo ello, con el fin último, de garantizar la eliminación de las posibles interferencias que puedan dar errores que repercutan en el correcto diagnóstico, evitando un errores de tratamiento y efectos secundarios en el paciente. Es prioritario que el Plan de Contingencia sea conocido por parte de todo el personal implicado, a través de formación y actualización continuadas, que aseguren una buena actuación y una disminución del nuevo de errores y heterogeneidad a la hora del procedimiento.

IMPORTANCIA DE LA IMPLANTACIÓN DE PROTOCOLOS DE MONITORIZACIÓN DEL GRADO DE HEMÓLISIS DE MUESTRAS HOSPITALARIAS POR SERVICIOS

Autor/a/s: LUISA MARIA RUEDA DURAN MARIA ANGELES MARTIN GARCIA

CIA, NURIA ALONSO GARCIA, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rufoa2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Uno de los objetivos fundamentales del Laboratorio Clínico es proporcionar resultados con una alta precisión y exactitud. La hemólisis es uno de los grandes inconvenientes con los que nos encontramos a la hora de procesar las muestras de nuestros pacientes.

La hemólisis es la ruptura de los eritrocitos cuyo efecto provoca la liberación de hemoglobina y del resto del contenido hemático al espacio extracelular plasmático. Normalmente, es consecuencia de una mala extracción y/o transporte de la muestra, lo que supone, la interferencia analítica más frecuente en el Laboratorio clínico y la causa de hasta el 60% de las muestras rechazadas, ocasionando alteración en los resultados, además de, la posibilidad de errores diagnósticos y/o terapéuticos.

Objetivos: Nuestro objetivo es realizar una monitorización o estudio pre-analítico de las muestras de sangre hemolizadas recibidas en nuestro Laboratorio para análisis bioquímico desde los diferentes Servicios y/o Unidades de nuestro Hospital y valoración de los resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante el periodo comprendido de enero a diciembre de 2016 se estudiaron un total de 52.981 muestras procedentes de las Unidades hospitalarias: Urgencias, Medicina Interna Hospitalaria, Unidad de Cuidados Intensivos, Pediatría/Neonatología, Cirugía/URPA, Ginecología-Obstetricia y otros. El grado de hemólisis o índice hemolítico fue medido por absorbancia en el sistema integrado Vitros® 5600 (Ortho-ClinicalDiagnostics) y en la plataforma analítica modular Cobas® 8000 (Roche) a través del índice estandarizado HIL (hemólisis, ictericia y lipemia) y clasificando la hemólisis en 3 tipos (no hemolizado, ligeramente hemolizado y hemolizado/intensamente hemolizado). Según se realice la determinación en el Laboratorio de Urgencias (Vitros®5600) o en el Laboratorio General (Cobas®8000), los índices de hemólisis serán, respectivamente: no hemolizado ≤ 50 mg/dl y ≤ 35 mg/dl de hemoglobina; ligeramente hemolizado > 50 y < 100 mg/dl de hemoglobina y suero hemolizado o intensamente hemolizado ≥ 100 mg/dl.

RESULTADOS:

Del total de las 52.981 muestras estudiadas, el mayor número procedían del Servicio de Medicina Interna Hospitalaria con el 27,9 % (14787 muestras), en segundo lugar, las recibidas del Servicio de Urgencias (14 %), seguido de Cirugía (10,7 %), UCI (5,5 %), Pediatría (3,1 %), Ginecología-Obstetricia (0,3) y, por último, el resto de Servicios (38,3 %). Observamos como los Servicios con mayor número de muestras hemolizadas son Urgencias y Pediatría, con un 15 y 12,7 % de muestras, respectivamente. Si a ello sumamos las muestras ligeramente hemolizadas, objetivamos que hasta el 55,54 % de las 6526 muestras procedentes de estos dos Servicios, presentan este importante error preanalítico, siendo muy similar los porcentajes en ambos Servicios, 28,42 % de Urgencias, frente al 27,17 % de Pediatría. También, es muy interesante resaltar los datos obtenidos de los Servicios de UCI, con un 96,1 % de muestras no hemolizadas, y solamente un 3,9 % de muestras alteradas y, sobretodo, destaca el Servicio de Ginecología-Obstetricia, donde no se obtuvo ninguna muestra hemolizada ni ligeramente hemolizada.

CONCLUSIONES:

Se observa que el porcentaje de hemólisis es muy diferente dependiendo del Servicio/Unidad hospitalario. Consideramos que la causa principal de estas diferencias es la extracción de las muestras. En los Servicios de Urgencias y Pediatría/Neonatología los niveles de hemólisis in vitro son los más elevados, en este último Servicio la causa fundamental es la dificultad que conlleva la extracción de muestras en este tipo de pacientes, mientras que en el Servicio de Urgencias

podríamos considerar una serie de causas como la extracción por venopunción directa con aguja y posterior trasvase al tubo de vacío, menor entrenamiento y mayor rotación o sustituciones del personal de Enfermería, con mayor volumen de trabajo, pacientes en peor situación clínica (reanimaciones) y tipo de paciente pluri-patológico (ancianos), menor tiempo de respuesta, envío de muestras sin coagular por el tubo de transporte neumático, entre otros motivos. Por otra parte, observamos que las muestras menos hemolizadas provienen de las unidades de Cirugía/URPA y de Ginecología-Obstetricia, probablemente por causas contrarias a las de los otros dos Servicios. Consideramos fundamental llevar a cabo una monitorización de la frecuencia de hemólisis de las diferentes Unidades hospitalarias, así como implementar de planes de mejora por parte del personal de Enfermería en las diferentes unidades implicadas, ya que serán quienes mejor conozcan las posibilidades y limitaciones del desarrollo de esta labor.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 017

IMPORTANCIA DEL LABORATORIO CLÍNICO EN EL DIAGNÓSTICO DE FEOCROMOCITOMA MALIGNO: INCIDENTALOMAS SUPRARRENALES SILENTES

Autor/a/s: LUISA MARIA RUEDA DURAN, MARIA ANGELES MARTIN GARCIA, NURIA ALONSO GARCIA, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rufoa2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Se denomina incidentaloma suprarrenal silente al hallazgo casual de una masa localizada en una o ambas glándulas suprarrenales, sin manifestaciones clínicas y, aparentemente, sin alteraciones hormonales. Estas lesiones son objetivadas a partir de técnicas de imagen de la región abdominal (ecografía tomografía axial computarizada-TAC o resonancia nuclear magnética-RNM) solicitadas por cualquier motivo clínico. Presenta una prevalencia, aproximada, del 6% de los estudios autópsicos y hasta en un 10% de los estudios de imagen.

Dentro de los incidentalomas, la masa descubierta con mayor frecuencia corresponde a los feocromocitomas, suponiendo el feocromocitoma maligno entre el 10-20% del total. Es una neoplasia de mal pronóstico, con una supervivencia a los cinco años del 40%. No existen criterios para determinar la malignidad de este tumor, excepto la demostración de tejido tumoral en aquellas localizaciones donde no existen células cromafines, principalmente, hígado, pulmón, hueso y ganglios linfáticos.

Objetivos: Nuestro objetivo es destacar la importancia primordial del Laboratorio Clínico en el correcto diagnóstico y seguimiento de incidentalomas suprarrenales silentes o asintomáticos, con objeto de diagnosticar lesiones malignas subyacentes de extrema gravedad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Paciente varón de 49 años, sin antecedentes de interés, ingresado en nuestro Centro Hospitalario por presentar neumonía en los lóbulos superior y medio derechos. Como antecedentes, destaca el fallecimiento de un hermano por carcinoma hepático a la edad de 26 años. En los estudios de pruebas complementarias, se descubre la presencia de un incidentaloma suprarrenal, sin signos ni síntomas de hiperproducción hormonal, hipertensión arterial (HTA), crisis hipertensivas, mareos, cefaleas, palpitaciones, dolor torácico, pérdida de peso, anorexia, astenia ni ninguna otra clínica asociada a hiperproducción adrenérgica de interés. No fenotipo cushingoides.

Analizador y reactivos: Los parámetros analíticos se determinaron en un sistema de HPLC Agilent® 1100 (Tecnología: Cromatografía Líquida de Alta Resolución) empleando kits comerciales de BIO-RAD®: Urinary Catecholamines by HPLC de, VMA/HVA/5-HIAA by HPLC.

Tipo de Muestra: Se requiere orina de 24 horas, recogida en contenedor con 15 ml de HCl (Ácido Clorhídrico) al 50% como conservante estabilizador. El pH de la muestra debe ser < 3,5. Si no cumple esta característica la orina no será procesada y se solicitará nueva muestra. La muestra es estable hasta un mes si se conserva refrigerada a 2-8°C. Plasma recogido en muestra de sangre total en tubo de plástico de 10 ml con anticoagulante EDTA tipo BD Vacutainer®, congelar hasta su procesamiento por enzimoanálisis en Laboratorio Externo de Referencia.

RESULTADOS:

En el estudio analítico realizado en orina, destacan: Ácido Vanilmandélico: 20,1 mg/24h (1,8-6,7), Adrenalina 30,2 µg/L, excreción Adrenalina 36,2 µg/24h (1,7-22,4), Metanefrinas 3388 µg/24h (hasta 341 µg/24h), Normetanefrinas 1545 µg/24h (hasta 444 µg/24h); mientras que en plasma obtenemos: Metanefrina 1098 pg/mL (hasta 90 pg/mL), Normetanefrina plasmática 394 pg/mL (hasta 180 pg/mL) y Cromogranina A 458,3 ng/mL (19,4-98,1 ng/mL).

Los estudios de imagen objetivaron la presencia de una masa en la glándula suprarrenal izquierda (35x37x35mm) con focos hemorrágicos y un intenso realce periférico tras administración de contraste, lo que nos sugiere un feocromocitoma versus metástasis, observándose, asimismo, numerosas lesiones nodulares hepáticas con captación de realce tras contraste. El estudio gammagráfico (fundamental en discrepancias diagnósticas clínico-bioquímicas, pruebas de imagen como el TAC y/o la RNM no concluyentes y el diagnóstico de incidentalomas con 123I-MIBG (previo bloqueo tiroideo con solución de Lugol al 5%) resulta ser positivo para feocromocitoma en la glándula suprarrenal izquierda, mostrando, además, importante captación nodular hepática. El estudio anatomopatológico confirmó el diagnóstico de feocromocitoma asociado con metástasis hepáticas.

CONCLUSIONES:

Debido al uso aumentado de técnicas no invasivas de alta resolución (TAC y RNM) ha aumentado de forma exponencial el hallazgo de incidentalomas suprarrenales, constituyendo un importante reto poder descartar la malignidad de la lesión y/o su posible hiperfunción endocrinológica. Se demuestra que, aunque, clínicamente silentes o asintomáticos, estos tumores, a menudo, demuestran una importante actividad hormonal, como se demuestra con la determinación en orina de 24 horas o plasmática, de Metanefrinas, totales o, incluso mejor, fraccionadas (Metanefrinas y Normetanefrinas), constituyendo el método de elección para confirmar o excluir la presencia de un feocromocitoma (presencia de la enzima catecol-O-metiltransferasa, catalizadora del paso de Catecolaminas a Metanefrinas en la célula tumoral), con producción tumoral continua, además de un mejor reflejo de la masa tumoral secretora. Por ello y, atendiendo a las publicaciones más recientes, resulta fundamental aplicar un protocolo diagnóstico, que permita detectar, de manera precoz, las graves patologías que pueden llegar a ocultar un incidentaloma silente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 018

IMPORTANCIA DEL LABORATORIO CLÍNICO EN LA MONITORIZACIÓN DE PACIENTES CON TRASTORNO BIPOLAR: ALTERACIÓN TIROIDEA

Autor/a/s: LUISA MARIA RUEDA DURAN, MARIA ANGELES MARTIN GARCIA, NURIA ALONSO GARCIA, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rufoa2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Litio es el fármaco de elección en el tratamiento de pacientes con trastorno afectivo bipolar, conocido antiguamente como trastorno maniaco-depresivo, describe un trastorno del estado de ánimo caracterizado por la presencia de uno o más episodios anormalmente elevados de energía, manía, o, en casos más leves, hipomanía, alternando con

episodios de depresión. Se considera que la causa es secundaria a un desequilibrio electroquímico en los neurotransmisores cerebrales. Adicionalmente, estos sujetos presentan un mayor riesgo de mortalidad por enfermedades cardiovasculares. Este fármaco es necesario pautarlo durante todo el transcurso de la enfermedad, debido a la gravedad de esta patología mental que incluye serios episodios de manía y depresión, que pueden asociarse con alto riesgo de intentos autolíticos por parte del paciente. Presenta la característica de presentar un estrecho margen terapéutico (entre 0,6 y 1,2 mmol/L), por lo que su monitorización es de especial importancia para controlar la enfermedad psiquiátrica y evitar posibles efectos adversos, destacando en la literatura una alta prevalencia de bocio e hipotiroidismo (20-30%) en los pacientes con tratamiento de Carbonato de Litio. Sin embargo, los trabajos publicados hasta la actualidad poseen un tamaño muestral pequeño y los resultados varían de unos estudios a otros ante la influencia de factores como el sexo y/o la edad.

Objetivos: Nuestro objetivo es valorar si el cumplimiento de la terapia con Litio puede causar alteración de la función tiroidea y valorar la influencia de aquellos factores más relevantes (sexo y edad).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se clasificaron los pacientes en dos grupos: Pacientes con adecuado cumplimiento y aquellos con incumplimiento de la terapia con Litio. Todo ello, en base a sus niveles en suero determinados en el sistema integrado Vitros® 5600 de Ortho-ClinicalDiagnostics. La existencia de alteración tiroidea se valoró en función de las concentraciones de TSH y T4L séricas determinadas en el analizador Architect® i2000SR de Abbott Diagnostics (CMIA: Inmunoensayoquimioluminiscente).

Siendo el sexo y la edad las variables a estudio en los pacientes seleccionados. Es de destacar que, todos los pacientes con patología tiroidea previa conocida fueron excluidos para la realización del estudio.

RESULTADOS:

Durante un periodo de un año se recopilaron un total de 388 pacientes. 180 pacientes fueron clasificados como no cumplidores (aquellos que presentaban concentraciones de Litio indetectables o $\leq 0,6$ mmol/L) y 208 como cumplidores.

Respecto a la función tiroidea, consideramos la existencia de hipotiroidismo cuando en al menos una determinación se evidenció una TSH > 4 mU/L (clínico: TSH > 10 mU/L y T4L < 0,8 ng/dL subclínico: TSH > 4 \leq 10 mU/L y T4L entre 0,8-2,0 ng/dL). La presencia de hipotiroidismo fue superior en los cumplidores (62 pacientes: 30%) respecto a los no cumplidores (23 pacientes: 13%). Esta diferencia se observó fundamentalmente en el hipotiroidismo subclínico, ya que el porcentaje fue similar para el hipotiroidismo clínico. A su vez, respecto al sexo, hubo diferencias en el grupo de los cumplidores para el hipotiroidismo, apareciendo el 73% de mujeres versus al 27% en varones. Respecto a la edad y distribuyendo a los pacientes en 3 grupos (< 50 años, 50-65 años y > 65 años), no se encontraron diferencias significativas entre pacientes con y sin hipotiroidismo.

CONCLUSIONES:

El tratamiento del trastorno afectivo bipolar con Litio aumenta la probabilidad de presentar hipotiroidismo subclínico, presentándose con mayor frecuencia en pacientes cumplidores que en no cumplidores, indicando la importancia de la alteración tiroidea como efecto adverso del tratamiento de esta patología psiquiátrica. Por otro lado, destaca la mayor frecuencia en mujeres que presentan un riesgo tres veces mayor de desarrollar hipotiroidismo que en los varones, mientras que no se observaron diferencias respecto a la edad. En conclusión, es fundamental realizar una estrecha vigilancia de aquellos pacientes en tratamiento con Litio, no sólo como consecuencia de su estrecho margen terapéutico, sino por la gran cantidad de efectos secundarios que puede desencadenar, destacando como afectación endocrinológica más importante, el hipotiroidismo, siendo más frecuente en mujeres de cualquier rango de edad y cumplidoras del tratamiento, hecho desconocido con gran frecuencia, por una gran cantidad de médicos no psiquiátricos en la práctica clínica diaria.

ESTUDIO COMPARATIVO DE ANALIZADORES DE URINANÁLISIS: URISYS Y UF 1000I VS COBAS 6500

Autor/a/s: Seijas Santamariña, María; González Rieiro, Isabel

Centro de trabajo: HMI Teresa Herrera

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: maria.seijas.santamarina@sergas.es

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

En el Laboratorio del CHU A Coruña se han instalado los aparatos de urianálisis Cobas 6500, de Roche, una solución completamente automatizada en una plataforma analítica modular, para laboratorios que procesan alrededor de 1000 muestras de orina al día. Compuesta por los módulos cobas u601 que procesa las tiras reactivas de forma automatizada, con fotómetro de última generación para la lectura automática de tiras mediante sensor, que realiza mediciones de reflectancia en cada campo de la tira reactiva y el cobas u701 que analiza automáticamente el sedimento proporcionando imágenes reales, determinando por microscopía automatizada el sedimento urinario, captura, guarda e informa imágenes reales de cada muestra. Estos aparatos van unidos al distribuidor de muestras Cobas p 612 por una cadena y forman un sistema de automatización en cadena.

Hasta ahora se venían usando el aparato de urianálisis Urisys 2400 para la lectura de las tiras reactivas y el Citómetro Uf 1000i que usa citometría de flujo fluorescente para realizar el sedimento urinario.

OBJETIVOS:

El propósito de este estudio fue comprobar cuál de los analizadores es más rápido procesando urianálisis y sedimento, la combinación de Urisys 2400 y UF1000i o el Cobas 6500, combinación de Cobas u601 y Cobas u701. La importancia de la rapidez en la obtención de los resultados radica en que en pocas horas deben procesarse alrededor de 1000 muestras.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los TEL del Laboratorio de Fluidos Biológicos del Complejo Hospitalario Universitario A Coruña en el mes de enero de 2017 han analizado 50 muestras de orina para urianálisis en el Urisys 2400 y en el Cobas u601; y el sedimento urinario en el Uf 1000i y en el Cobas u701, midiendo el tiempo que tardan en obtenerse los resultados en el sistema informático del Laboratorio.

RESULTADOS:

Urisys 2400 y Uf 1000i: 50 urianálisis y sedimento: 43 minutos 52 segundos en tener los resultados en el sistema informático del Laboratorio.

Cobas 6500: 50 urianálisis y sedimento: 37 minutos 10 segundos en tener los resultados en el sistema informático del Laboratorio.

CONCLUSIONES:

Los resultados de este estudio muestran que el sistema Cobas 6500 es más rápido obteniendo resultados, ya que va haciendo al mismo tiempo urianálisis y sedimento, que la combinación de Urisys 2400 y UF 1000i, lo cual es beneficioso en un Laboratorio en el que en pocas horas deben procesarse gran cantidad de muestras.

EVALUACIÓN DE LOS VALORES DE ÁCIDO FÓLICO OBTENIDOS EN DOS AUTOANALIZADORES DIFERENTES: COBAS 8000® Y ARCHITECT I2000 SR®

Autor/a/s: Prieto Sainz, Belén; González Fernández, Ana María; Fuentes Rebollo, Carmen; Soret Frontela, Javier; Carrión Prieto, Paula; Trapiello Fernández, Wysali; Moreno Mayordomo, Raquel.

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: belenprisa@yahoo.es

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El folato, entre sus múltiples funciones, resulta esencial en la síntesis de metionina. Actúa como la coenzima necesaria para la absorción y el metabolismo de nutrientes, es imprescindible en la maduración de los precursores eritrocitarios -y, por lo tanto, para la eritropoyesis- e interviene en la síntesis de bases púricas y pirimidínicas.

Es por ello que niveles séricos bajos de folato pueden deberse a un déficit alimentario o a una malabsorción, pudiendo provocar anemia megaloblástica. En cambio, unos niveles elevados se deben a la toma de suplementos, no conociéndose patologías asociadas.

OBJETIVOS:

Analizar la correlación de los resultados de folato obtenidos mediante el autoanalizador Cobas8000® (Roche) y el equipo Architect i2000 SR® (Abbott), estableciendo si ambos son intercambiables.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En abril de 2016 se recogieron un total de 110 muestras de suero de pacientes de ambos sexos, llevadas a laboratorio para la determinación de folato. Dos alícuotas fueron hechas de cada muestra, procesándose en paralelo en los siguientes autoanalizadores: Architect i2000 SR® (Abbott), que utiliza un inmunoanálisis quimioluminiscente competitivo; y Cobas8000® (Roche), que emplea la misma técnica (re-estandarizada ese mismo mes). No se incluyó ninguna muestra hemolizada ya que este factor interfiere aumentando significativamente los valores de folato.

Los resultados obtenidos se agruparon en bajos (valores menores de 4,6 ng/mL), medios (valores entre 4,6-18,7 ng/mL) y altos (valores superiores a 18,7 ng/mL) y se analizó estadísticamente mediante el cálculo de la media y la desviación estándar (SD) para cada método en cada grupo, y mediante el cálculo de los coeficientes de correlación de Pearson y el de intraclass de consistencia. Los valores de $p < 0,05$ han sido considerados estadísticamente significativos, teniendo una buena correlación los valores de $p > 0,9$. Los cálculos se han efectuado con el programa estadístico SPSS versión 20.0.

RESULTADOS:

De las 110 muestras analizadas, el 31% presentaba valores bajos de folato (34 muestras) mientras que el 38% eran valores intermedios (42 muestras) y el 31% lo eran altos (34 muestras).

		Valores bajos	Valores intermedios	Valores altos
X±δSD	Roche	2,31±0,99	12,98±3,84	19,00±1,49
	Abbot	2,30±0,97	10,32±2,57	14,80±2,43
Coef. Correlación	Pearson	r=0,982 (p<0,01)	r=0,871 (p<0,01)	r=0,518 (p<0,05)
	Intraclass	r=0,982 (p<0,001)	r=0,555 (p<0,005)	r=0,523 (p no signif.)

CONCLUSIONES:

Los resultados indican que, para valores bajos de ácido fólico, existe una alta concordancia entre los resultados de ambos autoanalizadores; mientras que en resultados intermedios o altos no son transferibles, observándose que con el autoanalizador de Roche se obtienen valores considerablemente mayores. No obstante, los valores elevados de folato no tienen significación clínica, pues se asocian habitualmente a la ingesta de suplementos vitamínicos.

IMPORTANCIA DE LA COMUNICACIÓN DE UN VALOR CRÍTICO: A PROPÓSITO DE UN CASO

Autor/a/s: REY JARQUE ROSA, QUINTANILLA ALBACETE DOLORES, CALVENTE PEREZ ANA

Centro de trabajo: H.U. Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: mercaru@ono.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Un valor crítico es aquel resultado tan alejado de la normalidad que compromete la vida del paciente. Un valor de alarma, en cambio, es aquel cuya comunicación supone un beneficio para el paciente. Los fármacos inmunosupresores habitualmente utilizados en el trasplante de órgano sólido son susceptibles de monitorización.

OBJETIVO:

Poner la importancia de comunicar un valor crítico en la monitorización de fármacos para realizar un reajuste de las dosis y por consiguiente un beneficio para el paciente.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Paciente de 57 años diagnosticado de Diabetes Mellitus tipo 2 con complicaciones macro y microvasculares desde hace 20 años, anemia ferropénica, hiperlipemia e hipertensión arterial. Recibe tratamiento inmunosupresor postrasplante renal desde hace 4 meses con micofenolato de mofetilo (MMF, 360 mg / 12 horas vía oral) y tacrolimus (FK506, 150 mg / 24 horas vía oral) con buen cumplimiento del mismo. Acude la visita de control en la consulta de nefrología realizándose esa misma mañana extracción sanguínea previa a la administración del fármaco.

RESULTADOS:

Se obtuvieron los siguientes resultados:

MMF = 0.10µg/mL (valores aconsejados 1-4µg/mL); FK506 = 32,40 ng/mL (valores aconsejados 5-10ng/mL). Se confirman estos valores en el laboratorio y se revisa la historia clínica (dosis, hora de extracción, interacción con otros fármacos competidores del sistema enzimático del citocromo P450). Tras corroborar que no existe ninguna causa que justifique estos niveles se avisa telefónicamente al médico solicitante. El clínico se pone en contacto con el paciente y se hace evidente que el paciente ha confundido el intervalo posológico de ambos fármacos. Desde el laboratorio realizamos un ajuste de dosis y aconsejamos dejar

de administrar el FK506 durante 4 días (Vida media 15 horas) y seguir con la misma pauta para el MMF.

Trascurrido este tiempo se realiza una nueva extracción y se comprueban que los valores están dentro del rango terapéutico: 5.90 ng/mL de FK506 y 3.20µg/mL de MMF. Se refuerza la comprensión en la toma de la medicación e instauramos de nuevo la dosis de administración de mantenimiento de FK506 previa a la intoxicación y MMF.

CONCLUSIONES:

Este caso pone de manifiesto la importancia del laboratorio en la comunicación de valores de alarma siendo ésta una herramienta de mejora en la seguridad del paciente. La notificación supuso que el mismo día que el paciente se

extrajo la muestra se ajustara el tratamiento, evitando así las posibles complicaciones derivadas de una intoxicación por FK506. En los laboratorios debemos hacer un esfuerzo para la mejora de la seguridad del paciente potenciando la comunicación entre profesionales. Deberemos también establecer un equilibrio, puesto que un exceso de comunicaciones puede saturar al clínico y restar importancia a la comunicación de resultados verdaderamente urgentes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 030

EVALUACIÓN DE LAS SOLICITUDES DE OXALATO Y CITRATO EN URINA DESDE ENERO DE 2014 HASTA JULIO DE 2016

Autor/a/s: GEMMA BORREGO PAREDES, IRATXE LÓPEZ PELAYO, MARIA ESPERANZA DE BRINGAS POSADILLO, FERNANDO HERNANDEZ PACHO,, JAVIER GUTIERREZ ROMERO

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTA DEL MAR

Localidad: CÁDIZ

Correo electrónico del primer firmante: confabulhadas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La formación de los cálculos urinarios se deben en su mayoría a la presencia de alteraciones metabólicas como son hipercalciuria, hiperoxaluria, hiperuricosuria, hipocitraturia e hipomagnesiuria. Los oxalatos en orina son promotores de la formación de los cálculos urinarios. El estudio de citrato se realiza como uno de los inhibidores de la cristalización más estudiados ya que reduce la sobresaturación de la misma.

OBJETIVOS:

Se calcularon los oxalatos y citratos solicitados desde enero del 2014 hasta julio del 2016 en nuestro centro. Se analizó qué servicios lo solicitaron y cuantos dieron como resultado positivo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para la determinación de oxalato y citrato se necesita orina de 24 horas conservada con ácido clorhídrico 6N en cantidad suficiente para acidificar la orina en torno a un pH =2. Se procesaron por reacciones enzimático- colorimétricas y cinético-enzimático respectivamente en un laboratorio externo.

Los resultados obtenidos de los oxalatos y citratos procesados desde enero del 2014 hasta julio del 2016, se obtuvieron del programa OMNIUM de Roche Diagnostics y se exportaron a hoja excel. Se analizaron cuántas solicitudes hubo, los servicios solicitantes y los resultados de ambas pruebas por servicio solicitante.

Se consideró como resultado positivo:

Oxalato: >45mg/24 horas en hombres (VN:7-44mg/24 horas) y en mujeres >32mg/24 horas (VN:4-31mg/24h)

Citrato: <140 (VR:140-940mg/24 horas)

RESULTADOS:

De los servicios que solicitaron estas determinaciones, el resultado fué de: Análisis clínicos[oxalatos 17(18,5%), positivos 2(11,76%), citratos 17(15,6%) positivo 1(5,9%)], anestesia y reanimación[oxalato1(1,1%), citrato 1(0,92%)], angiología[oxalato1(1,1%), citrato 1(0,92%)], consulta de maxilofacial[oxalato 1(1,1%), citrato1(0,92%)], digestivo[1 citrato (0,92%), positivo 1(100%)], consulta de endocrinología[oxalato 1(1,1%), positivo 1(100%), citrato 1(0,92%)], medicina familiar[oxalatos 2(2,2%), positivo 1(50%), citratos 3(2,75%)], medicina interna[oxalatos 3(3,3%), citratos 3(2,75%), positivo1(3,33%)], nefrología[oxalatos 19(20,6%), positivos 4(21,1%), citratos 19 (17,4%), positivos 4(21,1%)], pediatría[oxalatos 36(39%), positivo 1(2,8%), citratos 50(45,9%), positivos 5(10,0%)], urgencias[oxalatos 2(2,2%), citratos 2(1,8%), positivo 1(50,0%)], urología [oxalatos 3(3,3%), positivos 2(66,7%), citratos 4(3,7%)], y por último servicios que han quedado sin informar [oxalatos 6(6,5%), citratos 6(5,5%)].

CONCLUSIONES:

El servicio que más solicita estas pruebas es pediatría pero en este caso no es por estudios de litiasis sino por sospechas de errores innatos del metabolismo en recién nacidos.

Nuestro centro dispone de un protocolo de estudio de litiasis donde van incluidas estas pruebas junto con otras de bioquímica en orina.

El servicio de análisis clínicos solicita el 18% de las peticiones pero esto es debido a que por defecto si no se indica el servicio se asume análisis clínicos

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 031

“UTILIDAD CLÍNICA DE LA CICLOSPORINA COMO FÁRMACO DE ELECCIÓN DE LAS ENFERMEDADES REUMÁTICAS”

Autor/a/s: Belén Vizcaíno Hernández, María del Carmen Martínez Nalda, Jose Manuel Méndez Legaza, Pilar Bueno Requena

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: mmartineznalda@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La ciclosporina (CSA) es un fármaco inmunosupresor que ha marcado una importante etapa en la terapia del trasplante de órganos.

Se utiliza para pacientes trasplantados para evitar el rechazo, en la artritis reumatoide, psoriática, el lupus eritematoso sistémico, vasculitis o esclerodermia.

El efecto de la ciclosporina para impedir el rechazo de órganos ha sido documentado en numerosos estudios. Las concentraciones y dosis inadecuadas de ciclosporina pueden llevar al rechazo del órgano trasplantado.

Los niveles tóxicos de ciclosporina se asocian a muchos efectos secundarios serios, entre los que se cuentan la nefrotoxicidad, la hepatotoxicidad y otras complicaciones.

OBJETIVO:

Evaluar el uso de la CSA en el laboratorio para la monitorización del tratamiento en estos pacientes en el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se determinaron los niveles de CSA en un total de 83 pacientes mediante la técnica de electroquimioluminiscencia con el analizador Cobas 6000 (Roche) módulo 601.

El procesamiento se realiza en sangre total en tubo con anticoagulante EDTA.

El intervalo de medición de la técnica empleada es (15-500 ng/mL), (12,5-41.6 nmol/L).

RESULTADOS:

Se realizaron 214 determinaciones analíticas de CSA en 83 pacientes con edades comprendidas entre 18-78 años. Del total de pacientes, 62 eran mujeres y 21 fueron hombres.

De todos ellos, 68 pacientes lograron beneficiarse del tratamiento, 13 lo suspendieron o se trasladaron de hospital y 3 fallecieron.

CONCLUSIONES:

Por su rápido inicio de acción la CSA es particularmente útil en el tratamiento de patologías reumáticas especialmente en la artritis reumatoide.

Es necesario realizar controles periódicos y una monitorización continua de los niveles plasmáticos de este fármaco para evitar los potenciales adversos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 038

CAROTENODERMIA EN LACTANTE

Autor/a/s: Carmen de la Fuente Huerga, María Estrella Madrid Martín de Lucía, Raquel Raya Llamas, Ana Belen Roso Canadillas, Laura Rincón de Pablo

Centro de trabajo: Hospital General Universitario de Ciudad Real

Localidad: Ciudad Real

Correo electrónico del primer firmante: carmenfuenteh@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La carotenodermia se caracteriza por la pigmentación amarillenta de la piel secundaria al aumento de betacarotenos en sangre. La causa más frecuente de carotinemia es el consumo excesivo de alimentos ricos en carotenos. En la exploración física destaca coloración amarillo-naranja de predominio en palmas de las manos, plantas de los pies y pliegues faciales, respetando la conjuntiva (lo que nos permite realizar el diagnóstico diferencial con la ictericia).

Un lactante de 9 meses de edad que acude a urgencias por referir la madre más irritabilidad en los últimos días. Así mismo refiere coloración anaranjada-amarillenta desde hace unas dos semanas. Presenta síntomas catarrales, vómitos con flemas y deposiciones duras de coloración marrón. Tiene rechazo a la alimentación y presentó fiebre autolimitada hace 2 días y en el momento actual se encuentra afebril.

En la exploración se observa tinte icterico de predominio en hemitrueno superior y no presenta exantemas ni petequias. Se encuentra bien hidratado, nutrido y perfundido. En el resto de la exploración no se evidencian otros hallazgos de interés.

OBJETIVO:

Buscar la causa de la carotenodermia tras el estudio analítico en el laboratorio de urgencias y el estudio diferencial con la ictericia.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Diagnostico diferencial: Se diferenció la carotinemia de la ictericia por la ausencia de pigmentación escleral. También se realizó un estudio analítico y ecografía abdominal para descartar enfermedades hepáticas, renales, tiroideas, hematológicas, metabólicas, tóxicas y medicamentosas que pueden causar carotinemia (carotinemia secundaria).

La historia dietética ayuda a sospechar la ingesta elevada de alimentos ricos en carotenos (carotinemia primaria) como zanahoria, tomate, naranja, pimiento y espinacas). La desaparición progresiva de la pigmentación después de la suspensión de los alimentos nos confirma el diagnóstico.

Informe de laboratorio: se realiza una analítica que incluye hemograma, bioquímica y sistemático de orina.

RESULTADOS:

Los resultados de la analítica se observa una elevación de los leucocitos, linfocitos y PCR, y una disminución del hierro y ferritina. Bilirrubina total se encuentra dentro de los valores normales.

Se completa el estudio con los niveles de carotenos en suero, dando 2890µg/L (100-850), confirmándose así la hipercarotinemia.

CONCLUSIONES:

Debido a que la bilirrubina es normal y por la exploración física, el diagnóstico definitivo es tinte carotinoide cutáneo. El tratamiento es evitar comer alimentos ricos en carotenos desapareciendo así la pigmentación en 4-6 semanas.

La importancia del papel del laboratorio para confirmar niveles elevados de carotenos en sangre y diferenciarlo de una posible ictericia.

La carotinemia es un estado benigno causado por la ingestión de grandes cantidades de alimento que contiene caroteno. El caroteno es un precursor de la vitamina A, estando presente en diversos alimentos.

Alimentos preparados para niños pequeños a menudo contienen vegetales y frutas con alto contenido de caroteno. Como la absorción gastrointestinal de caroteno aumenta por el proceso de cocción, licuación, o preparación de puré, los alimentos para niños constituyen una fuente particularmente rica en caroteno.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 054

EVALUACIÓN Y COMPARACIÓN DE LA SENEIBILIDAD OBSERVADA CON LA SENSIBILIDAD PUBLICADA DE DISTINTOS TESTS DE EMBARAZO EN URINA

Autor/a/s: MONGE CAMACHO MARIA DEL PATROCINIO; VILORIA PEÑAS MARIA DEL MAR; LEPE BALSALOBRE ESPERANZA

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: Patrichi16@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La prueba HCG (Gonadotropina Coriónica Humana) de embarazo es un test cualitativo visual que presenta distintas aplicaciones clínicas importantes: confirmación de un diagnóstico clínico de embarazo durante el primer trimestre de gestación, identificación de mujeres gestantes antes de prescribir un medicamento o un examen radiográfico o cuando va a ser implantado un dispositivo intrauterino.

Actualmente, existe en el mercado una gran diversidad de pruebas rápidas de embarazo para uso en el laboratorio que se encuentran básicamente en dos presentaciones ampliamente utilizadas: test en placa con pipeta o test de tira reactiva. Es importante que la técnica utilizada presente una sensibilidad lo más elevada posible con el objetivo de conseguir que el número de falsos negativos sea el mínimo posible.

OBJETIVO:

Evaluar la sensibilidad de distintos test de embarazo en muestras de orina de pacientes con HCG positiva débil en sangre.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron 45 muestras de orinas de mujeres que presentaban una concentración de HCG en sangre entre 5 y 25 mUI/mL (valor considerado como positivo débil), utilizando dicha determinación como prueba de referencia. De las 45 muestras analizadas, 4 muestras presentaron una concentración entre 5 y 10 mUI/mL, 33 presentaban una concentración de hormona entre 10-20 mUI/mL, Y 8 con una concentración entre 20-25 m UI/mL. Los test de embarazo que se testaron fueron los siguientes:

- Test en placa: BIOGEN DIAGNOSTICA S.L., GRUPO TAPER, MONLAB S.L. y RAL S.A.

- Test en tira reactiva: ATOM S.A y BECKMAN COULTER ALERE.

La determinación de HCG en sangre se realizó por electroquimioluminiscencia en el módulo 601 del cobas 6000 (Roche Diagnostics) y la lectura de los resultados de los test de embarazo en orina se realizó por dos observadores independientes.

RESULTADOS:

Los resultados obtenidos fueron los siguientes: Las cuatro muestras con una concentración entre 5-10 m UI/ mL resultaron negativas con todos los tests. Las muestras con una concentración entre 10-20 m UI/m L fueron positivas con Biogen, Taper, Monlab y RAL. Mientras que las muestras con una concentración entre 20 y 25 fueron positivas con todos los tests.

En nuestra serie observamos que existe un aumento de la sensibilidad diagnóstica respecto a la publicada en un 75% para los test de Biogen, Taper, y RAL. El aumento de sensibilidad encontrado para los tests de Beckman es del 25%. Y no encontramos diferencia con lo publicado para ATOM y Monlab.

CONCLUSIONES:

Por tanto, en algunos de los tests de embarazo testados, en nuestra serie hemos obtenido una sensibilidad mayor a la observada. Este hecho tiene una especial importancia en aquellas orinas con una concentración en gonadotrofina en sangre entre 5-25 (valor considerado como positivo débil), ya que disminuirían considerablemente el número resultados falsos negativos.

El hecho de disponer de un test en orina con una alta sensibilidad supone una ventaja desde el punto de vista de ser una prueba incruenta para el paciente además de presentar un coste inferior a la determinación en sangre.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 055

ESTUDIO DE LIQUIDO CEFALORRAQUIDEO EN EL LABORATORIO

Autor/a/s: RIOS RAMOS MARÍA JOSEFA; MONJE RIOS MARÍA DOLORES; LEPE BALSALOBRE ESPERANZA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: mj.rios.ramos@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Líquido Cefalorraquídeo (LCR) se produce en los plexos coroides de los ventrículos, baña el SNC, circula por ventrículos cerebrales y el canal medular, se almacena en las cisternas cerebrales. Se extrae por

punción lumbar, cisternal o ventricular, generalmente se elige la punción lumbar entre la 4ª y 5ª vértebras lumbares. Es un procedimiento complejo y delicado que puede suponerle complicaciones para el paciente, desde parestesias transitorias hasta procesos infecciosos.

LCR en un individuo sano presenta una coloración transparente (agua de roca) y carece de turbidez. No contiene hematíes y no más de 5 leucocitos/ml. El estudio bioquímico muestra una concentración de proteínas entre 0,15-0,45 g/l y de glucosa entre 0,5-0,8 g/l (60-70% de la glucemia). Numerosas enfermedades alteran su composición, su estudio resulta de vital importancia, siendo con frecuencia determinante en las infecciones meningéas, carcinomatosis y hemorragias.

OBJETIVO:

Analizar las muestras de LCR remitidas al Laboratorio de Urgencias, comprobando que hay un gran porcentaje que no son patológicas, y a pesar de presentar riesgos para el paciente, su análisis es importante para llevar puede a un diagnóstico correcto.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras recibidas en el laboratorio de urgencias durante el período julio 2016 octubre de 2016 fue de 128 muestras. La descripción del aspecto se realizó mediante observación del color por el analista o técnico, considerándose como no patológico aquellas muestras con aspecto denominado agua de roca. El recuento celular se realiza por recuento microscópico en cámara de Neubauer, considerado patológico a toda muestra que supera las 4 células/ microlitro. Las determinaciones de glucosa y bioquímica se realizó en el autoanalizador de Cobas 6000 de Roche.

RESULTADOS:

Los resultados quedan expresados en forma de tabla, del total de muestras analizadas se observó un gran número de muestras no patológicas, superando en porcentaje a las patológicas:

Total de LCR 128 muestras

No patológicas 70 (55%)

Patológicas 58 (45%)

CONCLUSIONES:

Existe un alto número de muestras de LCR no patológicas remitidas al Laboratorio de Urgencias de nuestro Hospital. La punción lumbar es un proceso complejo que reporta riesgos importantes para el paciente. Según el estudio, el alto porcentaje de muestras que no presentan patologías podría llevar a revisar los protocolos. También es necesario tener en cuenta que el estudio de LCR es en muchos casos de vital valor diagnóstico, lo que hace que sea una prueba diagnóstica, de la que muchas veces no se puede prescindir y esencial para el diagnóstico

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 056

EL AMONIO EN RELACIÓN CON LA ENCEFALOPATÍA HEPÁTICA

Autor/a/s: MONGE CAMACHO MARÍA DEL PATROCINIO; MONJE RÍOS MARÍA DOLORES; OSUNA MAESTRE MARÍA DOLORES

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: patrichi16@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El amoníaco es un gas que en solución se ioniza y da lugar al ión amonio- El conjunto formado por el amoníaco y el ión amonio en equilibrio se denomina amonio. En condiciones fisiológicas (pH=7,3), en el plasma hay un 99% de ión amonio y 1% de amoníaco. El amonio es el producto final del metabolismo proteico y se forma por acción de las bacterias intestinales y por la hidrólisis renal de la glutamina. Normalmente se elimina el 80% en su primer paso por el hígado. El amonio generado se absorbe en la sangre en la vena porta, ésta contiene los niveles más altos. El hígado sano metaboliza rápidamente el amonio de la sangre, cuando la sangre portal no pasa por el hígado; el amonio

puede elevarse a niveles tóxicos y ocasionar Encefalopatía Hepática (EH). Esta alteración neurológica se produce por trastornos que reducen la función hepática como la cirrosis o la hepatitis. En pacientes con EH existe en el encéfalo concentraciones de amonio mayores.

OBJETIVOS:

Relacionar las cifras de amonio sérico con la severidad de la encefalopatía hepática en pacientes del servicio de digestivo de nuestro hospital.

Determinar la concentración de amonio sérico en los pacientes con EH.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo de 70 pacientes con diagnóstico de EH. El diagnóstico se estableció por criterios clínicos: alteración de la conciencia, alteración del funcionalismo hepático (disminución de la proteína plasmática, aumento de la bilirrubina, aumento de las transaminasas, alargamiento de los tiempos de coagulación y cifras de amonio sérico elevadas). La intensidad de la EH se clasificó en 4 grados:

Grado I: Confusión leve, euforia o ansiedad, disminución e la atención bradipsiquia, alteración del ritmo del sueño.

Grado II: Letargia o apatía, alteración de la personalidad, comportamiento inadecuado, desorientación intermitente en tiempo y espacio.

Grado III: Estupor con respuestas a estímulos verbales, incapacidad para tareas mentales, intenso trastornos de lenguaje, confusión amnésica, desorientación tiempo-espacial.

Grado IV: coma, sin respuesta a estímulos verbales y posición de decerebración.

RESULTADOS:

De los 70 pacientes: 18 de ellos (25,72%) presentaron encefalopatía Grado I, con un resultado de amonio 40,86 mmol/l \pm 20,73; 28(40%) Grado II con promedio de amonio 63,89mmol/l \pm 30,91; 12(17,14%) Grado III con un promedio de amonio de 149,55 mmol/l \pm 95,67 y 12(17,14%) Grado IV con un promedio de amonio de 383,11 mmol/l \pm 104,66. Presentan diferencias significativas corroborado por una $p=0,0001$.

CONCLUSIONES:

Se encontró relación entre los niveles de amonio sérico con la severidad de EH, siendo más notorio en los pacientes con Encefalopatía Grado IV-

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 066

UTILIDAD DE LA PRUEBA DE SANGRE OCULTA EN HECES EN EL CÁNCER COLORRECTAL Y LAS LESIONES PREMALIGNAS

Autor/a/s: Pilar Guillen Esteban, Diana Pérez Torrella, Eva María Nuevo Barbera, María Dolores Pastor Becerril, Patricia Pulido Gomez, Veronica Fernandez Blasco, Mirian Rebollo Garcia,

Centro de trabajo: Hospital Universitario Mostoles

Localidad: Mostoles

Correo electrónico del primer firmante: brevas2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal (CCR) es el más frecuente en los países desarrollados, suponiendo la segunda causa de muerte por cáncer. Se han instaurado programas de cribado en sujetos asintomáticos cuya finalidad es su detección precoz,

identificando las lesiones premalignas, o tumores en su fase inicial. Este screening se realiza mediante la detección de sangre oculta en heces (SOH). En el caso de nuestra comunidad, se realiza a sujetos de entre 50 y 69 años, y se toma una muestra por persona. En caso de ser negativo se volverá a realizar en dos años, y si presenta positividad será necesario realizar una colonoscopia.

OBJETIVOS:

Analizar los resultados de las colonoscopias realizadas durante 2 años en nuestro hospital, y contrastarlos con los valores de SOH, valorando así cuál es el punto de corte que nos ofrece una mayor rentabilidad para el diagnóstico del CCR y las lesiones premalignas.

Utilidad de la realización de tres muestras consecutivas para el diagnóstico de CCR y lesiones premalignas

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudiamos retrospectivamente a 4108 sujetos que se realizaron una colonoscopia durante los años 2014 y 2015. El número de casos de CCR fue 191, mientras que 217 presentaron lesiones premalignas (adenomas con displasia de alto grado).

De los 4108 sujetos, 486 realizaron la prueba de SOH con un período máximo de diferencia de 1 año. Clasificamos los resultados en cinco grupos, habiendo: 33 casos de CCR, 43 con lesiones premalignas, 265 con adenomas de bajo riesgo, 97 presentaban otros hallazgos, y 48 eran normales.

Se analizaron 3 muestras de SOH por sujeto.

El método utilizado para el análisis de SOH fue el OC-Sensor®, un test inmunoquímico basado en la aglutinación en látex. El estudio estadístico se realizó mediante el programa SPSS 22.

RESULTADOS:

De los 33 casos de CCR, 22 eran hombres y 11 mujeres. Mientras que de los 43 casos de lesiones premalignas, 24 eran hombres y 19 mujeres. Ambos grupos con una media de edad de 67 años.

Comparamos las medias de SOH mediante la t de student. Hay diferencias significativas entre el grupo de CCR, con una media de 2903 ng/mL; y el grupo de lesiones prealignas, con una media de 1346 ng/mL.

Analizamos la curva ROC, considerando positivos los grupos de CCR y lesiones premalignas. Obtuvimos un área bajo la curva de 0,75. El punto de corte con mayor rentabilidad diagnóstica fue de 86 ng/mL, con una sensibilidad de 82% y una especificidad de 50%.

Usando una muestra en vez de tres, perderíamos un caso de CCR, y 12 casos de lesiones premalignas.

CONCLUSIONES:

El punto de corte que hemos hallado (86 ng/mL), es similar al que ofrece la casa comercial (80 ng/mL), así que confirmamos su rentabilidad diagnóstica para el diagnóstico de CCR y lesiones premalignas.

En el caso de Screening de CCR una muestra de SOH sería suficiente, pero para diagnosticar las lesiones premalignas seguimos pensando que es útil la petición de 3 muestras consecutivas ya que diagnosticamos 12 casos más. No obstante, son necesarios más estudios y de mayor tamaño muestral para llegar a conclusiones más definitivas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 071

DETERMINACIÓN DEL TIPO Y FRECUENCIA DE LOS ERRORES PREANALÍTICOS OCURRIDOS EN EL LABORATORIO DE URGENCIAS DE BIOQUÍMICA

Autor/a/s: MONGE CAMACHO MARIA DEL PATROCINIO; VILORIA PEÑAS MARIA DEL MAR; MONJE RIOS MARIA DOLORES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: patrichi16@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En los Laboratorios Clínicos, la gestión de la calidad requiere el control del proceso en su totalidad, lo que incluye las fases preanalíticas, analíticas y postanalíticas.

En la fase preanalítica ocurren diversos procesos como la petición por parte del médico solicitante, preparación del paciente, toma de muestra, transporte hasta el laboratorio y termina cuando se inicia el procedimiento analítico.

Numerosos estudios demuestran que es esta fase donde se cometen la mayoría de los errores.

OBJETIVO:

Determinar el tipo y frecuencia de los errores encontrados durante un periodo de 3 meses en el Laboratorio de Urgencias de nuestro Hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio descriptivo, realizado durante los meses de septiembre a noviembre de 2015 en el Laboratorio de Urgencias de nuestro Hospital. Se registraron todas las muestras que presentaban algún tipo de incidencia preanalítica, entendiéndose como tales, cualquier defecto desde la realización de la solicitud por el médico hasta que la muestra presente alguna incidencia para su procedimiento (hemolizada, coagulada, volumen insuficiente, & ..)

Las incidencias se clasificaron en:

1 Incidencias datos demográficos

- No identificación
- Sin NUSHA/Nº historia
- Sin selección de pruebas
- Sin médico solicitante
- Identificación errónea del paciente

2 Incidencias extracción

- No identificación de volante y/o muestra
- Tipo de tubo incorrecto

3 Incidencias muestras

- Muestra coagulada
- Muestra insuficiente
- Muestra probablemente contaminada
- Muestra hemolizada

4 Volante de petición sin muestra

5 Muestra sin volante de petición

RESULTADOS:

Se realizaron un total de 27.198 peticiones en el Laboratorio de Urgencias de Bioquímica durante los meses de septiembre a noviembre de 2015. Se detectaron un total 5.004 incidencias (18,39%). Dentro de ellas, un 40,73% corresponde a incidencias de datos demográficos, un 6,52% a incidencias en la extracción, un 41,87% a incidencias en muestras, un 7,07% a volante de petición sin muestra y por último, un 3,81% corresponde a muestra sin volante de petición.

CONCLUSIONES:

La mayoría de los errores preanalíticos ocurren por errores humanos y se podrían evitar fácilmente. Por ejemplo, como ocurre con las muestras hemolizadas, se sabe que depende de la técnica de toma de muestra, de la forma de relleno de la muestra en los tubos y de si el mezclado se realiza de manera adecuada, por lo que este tipo de incidencia se podrían disminuir con un buen entrenamiento.

Cada incidencia significa una demora en el tiempo de respuesta del Laboratorio, un reproceso de muestras, demora en el diagnóstico del paciente y un aumento del tiempo de estancia hospitalaria. Por tanto, se está diseñando un plan de mejora con acciones correctivas y preventivas para poder disminuir y/o eliminar las causas de los errores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 072

PTH INTRAOPERATORIA COMO MARCADOR DE ÉXITO DE LA PARATIROIDECTOMÍA

Autor/a/s: Jéssica Sánchez del Valle, María del Carmen Toribio Prieto, Verónica Rodríguez López, María del Carmen García Vicente, Antonia María Baños Guerrero, Silvia Urdiales Gómez, Juan Carlos Fernandez Senovilla
Centro de trabajo: Hospital Universitario Río Hortega

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: yessik939@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La parathormona (PTH) es una hormona secretada por las glándulas paratiroides implicada en el metabolismo fosfocálcico. Su vida media plasmática es muy breve (3 a 5 minutos), lo que permite su utilización intraoperatoria para valorar, en los adenomas paratiroides, el éxito de la cirugía.

OBJETIVO:

Revisar el procedimiento para determinar PTH intraoperatoria (PTHio) en el Hospital Universitario Río Hortega de Valladolid durante los años 2015-2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante el período de estudio se realizaron 53 intervenciones quirúrgicas en las que se solicitó monitorización de los niveles de PTHio. El protocolo vigente en nuestro hospital incluye:

1. La realización de dos tomas de muestra (plasma- EDTA), una previa al inicio de la cirugía y otra 10 minutos después de la exéresis.
2. El transporte de la muestra al laboratorio mediante celador (para evitar incidencias con el tubo neumático) y se prioriza su procesamiento una vez recibida.
3. La cuantificación de la PTHio (se determina PTH intacta) se realiza en un autoanalizador DXI800 de Beckman- Coulter mediante un inmunoensayo de quimioluminiscencia de partículas paramagnéticas en protocolo reducido con un tiempo de respuesta 14 minutos.

Se considera que la cirugía ha sido satisfactoria cuando la PTHio post-exéresis muestra una reducción de al menos un 50% respecto de la PTHio basal.

RESULTADOS:

Durante los años 2015-2016 se han realizado un total de 53 intervenciones con monitorización de PTH intraoperatoria, 12 de ellos fueron hombres (22.65%) y 41 mujeres (77.35%) con una edad media de 58.26 años (rango 31-78años). De los 53 casos, 51 (96.22%) cumplieron criterios de éxito quirúrgico y dos casos no (3.78%), uno de ellos es una paciente en estado de reevaluación por pruebas de imagen sospechosos de adenoma hiperparatiroideo que probablemente será reintervenido, el otro está en seguimiento con calcemias normales.

En 14 casos (26.41%) no se cumplió el protocolo, ya que se realizó más de una extracción post-exéresis, sin que estas fueran necesarias puesto que la PTHio ya se había reducido más del 50%.

CONCLUSIONES:

La monitorización intraoperatoria de la PTH intacta permite la confirmación bioquímica de que todo el tejido paratiroideo hiperfuncionante ha sido resecaado, mejorando así el porcentaje de éxito y evitando, en muchos casos, segundas intervenciones.

Se podría mejorar el protocolo unificando criterios respecto al número de muestras y los tiempos en que se envían al laboratorio ya que en algunos casos se realiza una tercera muestra en distintos momentos de la intervención a criterio del cirujano.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 076

COMPOSICION DE LAS LITIASIS RENALES EN NUESTRA AREA SANITARIA

Autor/a/s: Morales Aguilera, Mercedes; Márquez Galàn, María Milagros; Moya Carretero, Teresa; Rios Quesada, Catalina;
Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar
Localidad: Cádiz
Correo electrónico del primer firmante: mercedesmorales66@yahoo.es

RESUMEN:

La litiasis renoureteral es una enfermedad caracterizada por la aparición de cálculos en el aparato urinario superior. Aunque no es causa frecuente de fracaso renal, provoca una importante morbilidad en la sociedad cuya incidencia ha ido en aumento en los países económicamente desarrollados hasta alcanzar cifras que oscilan entre el 4-20%. Además existen otros factores modificadores como son la zona geográfica, el clima o la alimentación, alteraciones anatómicas del riñón o de sus conductos, infecciones de repetición, estrés o diversas alteraciones genéticas.

OBJETIVOS:

Realizar una revisión del análisis de la composición de las litiasis renales remitidas a nuestro laboratorio, con la finalidad de ayudarnos a conocer los posibles mecanismos etiopatogénicos implicados

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudiamos la composición y distribución por edad y sexo de los cálculos renales recibidos en nuestra Unidad de Gestión Clínica (Bioquímica) durante el año 2016.

Para analizar la composición de los cálculos, se utilizó el método cualitativo Kit Cálculos Urinarios de Biolabo que nos permite detectar: oxalato cálcico, hidroxapatita, estruvita, ácido úrico, urato amónico, cistina y carbonato.

Los datos demográficos se obtuvieron del sistema informático de nuestro hospital, y el estudio estadístico se realizó mediante el programa informático SPSS, versión 11.5 para Windows.

RESULTADOS:

Durante el año 2016 se recibieron 109 cálculos, de ellos 76 casos (69.7%) procedían del Servicio de Urología y los 33 casos restantes (30.3%) de diversos Servicios, predominando los de Atención Primaria.

El 62% de dichas muestras pertenecían a varones y el 38% a mujeres, siendo la edad media de 50,4 años (rango 8-72)

Considerando el total de las muestras analizadas, las más frecuentes fueron los combinados de oxalato cálcico con hidroxapatita (40.4%) seguidos por los combinados de oxalato cálcico con estruvita (14.8%) o ácido úrico (12.8%). Los siguientes en frecuencia son los puros de oxalato cálcico con un (10.1%), seguidos de hidroxapatita, estruvita y ácido úrico (10.1%).

El 11.8% son de otro tipo no valorables por la poca cantidad que representan en el total de las muestras.

No se han encontrado diferencias significativas entre pacientes varones o mujeres, siendo bastante homogénea su distribución, ni tampoco en cuanto a la edad, pero creemos que hay un importante sesgo debido a las pocas muestras remitidas de pacientes menores de 30 años.

CONCLUSIONES:

La enfermedad renoureteral es una entidad clínica muy prevalente, caracterizada por episodios recurrentes de cólico renal. Entre los clínicos está generalizada la indicación del estudio del sedimento de orina, a pesar de que en estos casos se recomienda el análisis de la composición del cálculo para realizar un tratamiento más eficaz y prevenir las recidivas.

En cuanto al análisis de los datos recogidos, observamos que los cálculos, cuya composición depende fundamentalmente de oxalato cálcico, son los más frecuentes, como se refleja en otros estudios bibliográficos. A pesar de que no existieron diferencias significativas con respecto a la edad ni al sexo, es de destacar la mayor frecuencia de ácido úrico en varones (2/1) asociados a una alimentación más proteica y de estruvita en mujeres (3/1) asociados a infecciones urinarias de repetición.

En definitiva es crucial insistir en la importancia de realizar el estudio de los cálculos para hacer una aproximación a su etiopatología, prevención o tratamiento, sobre todo en pacientes con litiasis recurrentes.

Autor/a/s: RAQUEL RAYA LLAMAS, CARMEN DE LA FUENTE HUERGA, MARIA ESTRELLA MADRID MARTIN DE LUCIA, MARIA PILAR ORTIZ MARTIN-SERRANO, IRENE PEREZ LUCENDO

*Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE CIUDAD REAL
Localidad: CIUDAD REAL*

Correo electrónico del primer firmante: raquelrayallamas@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Existen diversas circunstancias preanalíticas que ocasionan una elevación artificial de los niveles séricos de potasio.

El laboratorio clínico debe conocer y detectar estas circunstancias para emitir un comentario en el informe que alerte a cerca de la interferencia en los resultados y de la necesidad de remitir nuevas muestras biológicas.

OBJETIVOS:

Conocer los resultados analíticos que nos hacen sospechar de una hiperpotasemia ficticia con la presentación de dos casos clínicos.

MATERIAL Y MÉTODOS:**RESULTADOS:**

CASO 1: Analítica con resultados:

glucosa 59 mg/dL (74 - 106), urea, creatinina, transaminasas y bilirrubina normales. Sodio 134 mmol/L (136 -145), potasio 11.5 mmol/L (3.5 - 5.5), y cloro 105 mmol/L.

Para revelar la presencia de EDTA tripotásico en la muestra se determina el calcio 9.4 mg/dL (8.7 10.4), que no está quelado, por lo tanto la muestra no tiene EDTA y el potasio no procede de este anticoagulante.

El resultado de glucosa tan bajo y el potasio tan alto, nos hace sospechar que las muestras han podido permanecer muchas horas sin centrifugar, por lo que se decide llamar al control de enfermería, que nos confirma que las muestras se pincharon por la mañana y se enviaron al laboratorio por descuido por la tarde. Se solicitan nuevas muestras con resultado de potasio 4.3 mmol/L.

CASO 2: Analítica con resultados glucosa 142 mg/dL (74 - 106), urea 180 mg/dL (12.8 42.8), creatinina 1.78 mg/dL (0.7 1.3), transaminasas y bilirrubina normales. Sodio 142.7 mmol/L (136 -145), potasio 13.9 mmol/L (3.5 - 5.5), cloro 105 mmol/L y calcio 2.5 mg/dL (8.7 10.4).

El potasio muy elevado y calcio muy bajo nos hace sospechar la presencia de EDTA tripotásico procedente del llenado del tubo de suero con sangre del hemograma, por lo que se contacta con el control de enfermería y se solicitan nuevas muestras con resultados totalmente normales de potasio 4.9 mmol/L y calcio 9.1 mmol/L.

CONCLUSIONES:

El clínico sospechará la existencia de una hiperpotasemia ficticia, ante un resultado inesperadamente elevado de potasio y un paciente asintomático.

Los resultados analíticos por sí mismos también nos hacen sospechar esta circunstancia por lo que debemos estar alerta, e informar al clínico de la sospecha, para que remitan nuevas muestras.

Las circunstancias preanalíticas que ocasionan una hiperpotasemia ficticia son:

1. Hemólisis.
2. Retraso en la centrifugación de las muestras de suero (muchas horas sin centrifugar).
3. Presencia de EDTA tripotásico en el tubo de suero, procedente del tubo de hemograma.
4. Otras: en muestras con marcada trombocitosis y leucocitosis se produce liberación de potasio desde las células al suero.

PSEUDOHIPERCALEMIA EVITABLE

Autor/a/s: Carmen Pino Martín, Mónica Cogolludo Sánchez, Ana María Córdoba Escolar, Verónica Cámara Hernández, Ramiro Antonio Torrado Carrión y Luz del Mar Rivas Chacón

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Getafe

Localidad: Getafe

Correo electrónico del primer firmante: cpinomartin@yahoo.es

RESUMEN:

Introducción. Como es sabido, la mayoría de las decisiones clínicas se basan en los resultados del laboratorio, siendo el potasio uno de los parámetros más analizados. De ahí la importancia de evitar que el laboratorio proporcione valores elevados de potasio en pacientes que no presentan signos de hipercalemia, lo que se conoce como pseudohipercalemia. En la última década se ha llevado a cabo diversos estudios donde se analizan los distintos factores que pueden dar lugar a la misma, desde las condiciones de tratamiento de la muestra (temperatura de conservación, tiempo de procesamiento, centrifugación), hasta la hemólisis o lipemia, entre otros. Sin embargo, cabe señalar que la mayoría de los factores que pueden dar lugar a dicha pseudohipercalemia se pueden corregir con una buena praxis de laboratorio.

OBJETIVOS:

A raíz de un caso clínico nos propusimos estudiar la influencia de una segunda centrifugación en los valores de potasio, en muestras de suero que han sido previamente centrifugadas y guardadas en nevera.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se ha utilizado un total de 15 muestras de sangre venosa ($n = 15$) recogidas a temperatura ambiente en tubos con gel separador. Se han centrifugado durante 10 minutos a 25°C y 3100 rpm, y se han procesado. Una vez finalizado el análisis, dichas muestras se han guardado en cámara frigorífica (2-8 °C) entre 30-34 horas. Posteriormente, se repite la medida de potasio sin centrifugar y centrifugando por segunda vez.

Todas las muestras fueron procesadas en un analizador Dimension Vista 1500 (Siemens) mediante potenciometría indirecta para la determinación de potasio, utilizando un multisensor integrado QuiKLYTE. Antes de procesar las muestras se comprobó que la calibración y controles analíticos eran los adecuados y cumplían los requisitos exigibles para el análisis. También se comprobó que ninguna de las muestras estuviese hemolizada.

RESULTADOS:

Después de analizar los datos obtenidos de las medidas de potasio, se puede ver que la diferencia entre las medidas obtenidas antes y después de almacenar en nevera, en ningún caso supone un aumento mayor al 1.6%, lo que incluso se puede asociar a la variabilidad del método. Sin embargo cuando se centrifuga, almacena en nevera y se vuelve a centrifugar por segunda vez, todas las muestras experimentan un incremento mínimo del 16% y máximo del 35%, respecto a la primera medida.

CONCLUSIONES:

A pesar de que hay numerosos estudios que ponen de manifiesto el efecto de las bajas temperaturas en las medidas de potasio, con los datos que a priori hemos obtenido podemos decir que dicha influencia es mínima. A las temperaturas a las que se conservaron la muestra, la bomba Na/K-ATPasa se inhibe favoreciendo la liberación del potasio de los hematíes de la sangre al suero. Sin embargo hemos comprobado que el efecto que esta inhibición tiene en los resultados es mínima siempre y cuando no haya una segunda centrifugación. Sin embargo, si ésta se lleva a cabo, el potasio liberado de los hematíes se transfiere al suero, pues el gel existente en el tubo, y que en principio separa las dos fases, no es suficiente barrera para que no se produzca dicho traspaso, lo que conlleva un aumento de los valores de potasio en todas las muestras proporcionando resultados

de pseudohipercalemias en pacientes que a priori no presentan una clínica compatible con los resultados.

IMPORTANCIA DE LAS CONDICIONES TÉCNICAS EN LA INMUNOFIJACIÓN EN SUERO

Autor/a/s: Gómez Martín M.Manuela; Vizcaya Horno, Angustias;González Jato, C.Raquel; Escobar Porcel, Mauricio César; Farinós Celadrán, Ignacio; Puerta Fonollá, Paloma

Centro de trabajo: Hospital Universitario 12 de Octubre

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: manuelagm2218@gmail.com

RESUMEN:

COMPARACIÓN DE CAMBIOS EN LA METÓDICA DE INMUNOFIJACIÓN DE PROTEÍNAS para LA IDENTIFICACIÓN DE BANDAS MONO Y OLIGOCLONALES

INTRODUCCIÓN:

La inmunofijación en suero es una técnica en tres pasos para la detección e identificación de paraproteínas en pacientes con sospecha o en seguimiento por gammapatía monoclonal (GM) y/o Mieloma Múltiple. Las muestras se someten inicialmente a una electroforesis alcalina en agarosa y posteriormente se enfrentan a anticuerpos específicos frente a cadenas pesadas y ligeras de las inmunoglobulinas. Si existe paraproteína se formará una banda de precipitación que se tiñe con violeta ácido para permitir su visualización. Las bandas pueden ser monoclonales (BM) y/u oligoclonales (BO).

A veces el perfil monoclonal y oligoclonal podría pasar desapercibido mediante inmunofijación por la elección de metódicas no adecuadas para parámetros como: el voltaje de la cámara de migración, la temperatura, el tiempo de migración, la longitud de migración y el ajuste de la dilución de las muestras, según sus niveles de inmunoglobulinas, mediante la aplicación de fórmulas correctivas

OBJETIVOS:

Comparar el ajuste de parámetros predefinida vs. la metódica ajustada en el equipo de inmunofijación Interlab G26 Easy Fix.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio se realizó con una muestra de 36 pacientes ($n=36$), divididos en 2 grupos, 15 con inmunofijación positiva para bandas oligoclonales y 21 con paraproteína monoclonal. Se compararon las 2 metódicas de inmunofijación en el equipo Interlab G26 Easy Fix. Se evaluó la presencia de bandas nítidas vs. difusas teniendo en cuenta cada metódica (predeterminada vs. ajustada, ver tabla 1). Se realizó Análisis Estadístico con SPSS v.21, aplicando el coeficiente Kappa de Cohen para evaluar la concordancia entre las dos metódicas; se obtuvo también la sensibilidad (S), especificidad (E) y valores predictivos (VP+ y VP-) de ambas metódicas.

	Metódica predeterminada Interlab g26	Metódica ajustada Interlab g26
Voltaje Cámara de migración	220 voltios	250 voltios
Temperatura de migración	20 °C	15°C
Tiempo de migración	12 min	14 min
Dilución	1/11	Según niveles de Ig's

RESULTADOS:

En nuestro estudio se logró obtener un índice Kappa de 0,57 ($p < 0,001$), estableciéndose un grado de acuerdo moderado al comparar la metódica predeterminada vs. ajustada; la metódica ajustada presenta una mejor sensibilidad que la predefinida (83% vs 67% respectivamente); ambas pierden especificidad (33%) pero con valores predictivos positivos del 55% en ambos casos.

Medidas simétricas

	Valor	Error típ. asint.a	T aproximadab	Sig. aproximada
Medida de acuerdo Kappa	,571	,144	3,795	,000
N de casos válidos	36			

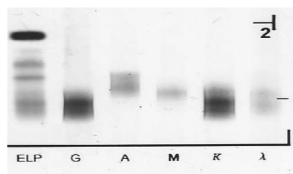


Imagen 1. Método predefinido Interlab G26

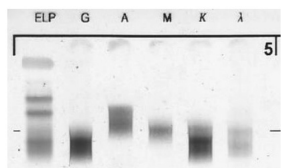


Imagen 2. Método ajustado Interlab G26

CONCLUSIONES:

La concordancia kappa encontrada (0,57), representa un grado de acuerdo moderado, lo cual quiere decir que ambas metodías difieren al cambiarse los ajustes del equipo Interlab g26 (voltaje, el tiempo, temperatura de migración y la dilución) ($p < 0,001$). La sensibilidad de la metodología ajustada es mayor (83%) que la predefinida en el equipo (67%), lo cual avala la elección del método ajustado. Es importante establecer los ajustes necesarios en estas técnicas, para favorecer una mejor y más correcta visualización de las posibles BM y BOS. La elección de una u otra técnica está determinada, fundamentalmente, por los objetivos diagnósticos y por el grupo de población en estudio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 089

HIPOGLUCEMIA FACTICIA INDUCIDA POR SULFONILUREAS

Autor/a/s: MONGE CAMACHO MARIA DEL PATROCINIO; VILORIA PEÑAS MARIA DEL MAR; LEPE BALSALOBRE ESPERANZA

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: patrichi16@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La hipoglucemia se caracteriza por niveles plasmáticos bajos de glucosa asociados con un grupo de síntomas que se alivian mediante la ingestión de comida o hidratos de carbono.

La hipoglucemia facticia representa un reto diagnóstico y terapéutico que precisa de numerosas pruebas complementarias y en algunos casos, intervenciones quirúrgicas innecesarias.

Entre las causas más frecuentes que pueden llegar a provocar una hipoglucemia están: exceso de insulino terapia, déficit de ingesta de carbohidratos, excesiva producción de insulina por un tumor de células de páncreas (insulinoma), situaciones clínicas de supresión de la producción endógena de glucosa (insuficiencia hepática o consumo de alcohol) o toma fármacos que incrementan la liberación de insulina, como las sulfonilureas o pentamida.

OBJETIVOS:

Comprobar si la hipoglucemia que presenta nuestra paciente, es debido a una patología importante del páncreas, insuficiencia hepática o consumo de fármacos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Paciente de 25 años de edad que acude a Urgencias por presentar episodios de malestar general, cefalea, sudoración intensa, sensación de calor, nerviosismo, polifagia, que ceden con la ingesta de alimentos azucarados.

La exploración física sin hallazgos patológicos y con un peso de 63kg y una talla de 165cm. Exámenes complementarios hemograma y bioquímica normal. Glucemia basal de 91 mg/d L y hemoglobina gli-

cosilada de 5,3 %. Radiografía de tórax: sin alteraciones. Hormonas tiroideas, insulina, resistencia insulínica y péptido C normales.

Se realizó una ecografía y RMN abdominales que fueron estrictamente normales.

RESULTADOS:

Se realizó un test de ayuno corto resultando hipoglucemia con insulina y péptido C elevado, y un test de sobrecarga oral de glucosa a las 5 horas con índice insulinemia/glucemia $> 0,4$, sugestivo de hiperinsulinismo. Con estos resultados se consideraron dos posibles diagnósticos: la existencia de un insulinoma o la toma subrepticia de sulfonilureas. Ante la sospecha de toma de antidiabéticos orales, se solicitó una muestra de orina a la paciente y se detectó la presencia de antidiabéticos orales tipo sulfonilureas, confirmándose así la hipoglucemia facticia.

Ante estos resultados, la paciente confiesa la toma de antidiabéticos orales, sulfonilureas, por lo que se deriva al Servicio de Psiquiatría.

CONCLUSIONES:

La incidencia de hipoglucemia facticia iguala prácticamente a la del insulinoma y ambas enfermedades son indistinguibles desde el punto de vista bioquímico.

La paciente presenta una concentración elevada de insulina y péptido C. Ambos resultados son típicos de insulinomas e hipoglucemia inducida por sulfonilureas. Por tanto, gracias a la determinación de sulfonilureas en orina se pudo determinar el diagnóstico.

La hipoglucemia facticia está fuertemente asociada a desórdenes de la personalidad, depresión y suicidio.

Es importante, por tanto, un diagnóstico temprano de este tipo de desórdenes, lo que disminuye el riesgo de muerte o daño permanente en el paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 090

DIFERENCIAS ENTRE ATENCIÓN ESPECIALIZADA Y ATENCIÓN PRIMARIA EN LAS INCIDENCIAS DE MPA DIRAYA

Autor/a/s: MONGE CAMACHO MARIA DEL PATROCINIO; VILORIA PEÑAS MARIA DEL MAR; MONJE RIOS MARIA DOLORES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: patrichi16@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La implantación en Atención Primaria (AP) el Módulo de Pruebas Analíticas (MPA) de Diraya comenzó en julio de 2010 y provocó que las incidencias en la fase preanalítica disminuyeran considerablemente, aunque como contrapartida aparecieron nuevas incidencias derivadas de un mal uso del módulo en los diferentes Centros de AP. La petición electrónica de Diraya en Atención Especializada (AE) se implantó en el año 2015, incluyendo Hospitalización y Consultas Externas, implantándose también en éstas áreas la petición electrónica urgente.

OBJETIVOS:

Determinar los tipos de errores producidos en el manejo de MPA Diraya en AE, y las diferencias encontradas con los errores que se producen en AP.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Registro de todas las incidencias del total de peticiones recibidas del módulo MPA Diraya, durante Marzo-Abril de 2016, diferenciándolas en dos grupos: de AP y AE, y en este último grupo las urgentes de no urgentes (rutina).

RESULTADOS:

Se clasifican las incidencias en 4 grupos: 1º) No extracción: extracción física de los tubos pero en MPA no se modifica el número de muestra que le corresponde 2º) No asignación del laboratorio receptor. 3º) No pendiente de extracción: utilización del mismo volante de petición

para extracciones distintas. 4º) Incidencias evitables: a) número de petición igual número de muestras: Se escanea el número de la petición en el lugar designado para el código de muestra; b) número de muestra con diferentes número de dígitos; c) error en los dígitos; d) cruce de pacientes: asignación a un paciente de número de muestra de otro; e) reetiquetado de volantes; f) volantes sin código de barras, g) envío de peticiones urgentes como peticiones de rutina y viceversa.

CONCLUSIONES:

En AE, el hecho por parte de enfermería de no notificar en el módulo MPA que se ha realizado la extracción, adquiere un valor del 28% en rutina y del 63% en Urgencias.

También observamos un incremento de la realización de peticiones no generando peticiones nuevas y reimprimiendo peticiones ya utilizadas. Sin embargo, los porcentajes varían considerablemente en AP donde la mayoría de las incidencias son motivadas por un mal uso del módulo MPA, las hemos denominado como evitables puesto que con formación se podrían evitar. Las incidencias que clasificamos como evitables en AP son prácticamente inexistentes en AE. Sin embargo, aparece una importante nueva incidencia en AE que genera graves problemas organizativos en el laboratorio y de seguridad del paciente, que consiste en el envío de peticiones de distinto carácter, rutina o urgente, fuera del horario establecido.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 091

PROTEINOGRAMAS SERICOS (HEMOLISIS)

Autor/a/s: HONRUBIA HERRERA ROSALIA, PEREZ JURADO MARIA CARMEN, GALAN LOPEZ MARTA, MUÑOZ JARA RAQUEL, GOMEZ LOPEZ AMPARO

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rhh.1976@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La utilización del índice de hemolisis sérico determinado en los equipos de bioquímica asegura una detección fiable y sistémica, mucho más objetivo que la valoración visual.

La mayoría de los estudios publicados sobre la significación de las hemolisis utilizan criterios de error sistemático basados en los estudios de variabilidad biológica.

OBJETIVOS:

Evaluar la interferencia de la hemolisis en la medición de las distintas fracciones del proteinograma según los índices séricos de hemolisis, para estandarizar de una forma objetiva los comentarios en los informes de resultados de estas muestras.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se añadieron cantidades crecientes de hemolizado a alícuotas de suero. Se determinó el índice sérico de cada alícuota por duplicado en el modular COBAS 711C. (ROCHE). Y se realizó el proteinograma de cada alícuota por electroforesis capilar. Se calculó el coeficiente de variación de cada fracción y se comparó con el coeficiente de variabilidad biológica.

RESULTADOS:

En la electroforesis capilar la hemoglobina migra en la fracción beta-1 globina del proteinograma por lo que esta es la principal fracción que se altera.

Según establecen las normas de la IUPAC, se considera una interferencia analítica clínicamente significativa si modifica el resultado en un valor superior a la mitad del coeficiente de variación que en este caso corresponde al 5,05 %.

La primera alícuota realizada, en orden de hemolisis creciente que tiene un coeficiente de variación de la fracción beta-globulina que supera a la mitad del coeficiente de variación biológico, corresponde a un índice sérico de hemolisis de 51. Teniendo en cuenta que

la principal utilidad del proteinograma no es la exacta cuantificación de las fracciones sino la detección de perfiles proteicos anómalos, creemos que es correcto librar el informe incluso con un resultado del índice sérico de hemolisis superior a esta cifra pero incluyendo un comentario adicional.

CONCLUSIONES:

En la determinación de los proteinogramas por electroforesis capilar nos es de utilidad saber que la fracción de la beta-globulina se altera con la hemolisis. A partir de un índice sérico de hemolisis de 51, esta alteración es clínicamente significativa. Con un valor de índice de hemolisis inferior a 51, no sería necesario poner ningún comentario.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 092

DETERMINACIÓN DE TOXICOS EN ORINA

Autor/a/s: HONRUBIA HERRERA ROSALIA, GUTIERREZ MELENDEZ MARIA DEL CARMEN, PEREZ JURADO MARIA CARMEN, GOMEZ LOPEZ AMPARO, GALAN LOPEZ MARTA

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rhh.1976@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

En el laboratorio de urgencias se utiliza un test de detección de tóxicos que se realiza en orina, es un método rápido.

Cuando se introducen drogas en el cuerpo humano son metabolizadas por el hígado y transformadas en sustancias eliminables llamadas metabolitos, y se eliminan por el riñón, por eso se detectan en orina, también por sudor y heces.

La analítica se realiza a través de un test de detección rápida y es cualitativo, el resultado nos indica la presencia y ausencia de tóxicos y sus metabolitos en la orina. Lo que no nos indica es la magnitud de la intoxicación.

El test nos informa la presencia de opiáceos, cocaína, metanfetaminas, tetrahidrocannabinol, feniclidina, benzodiazepinas, antidepresivos tricíclicos, anfetaminas, barbitúricos y metadona.

OBJETIVOS:

Lo que queremos evaluar los resultados de la cantidad de tóxicos positivos en el laboratorio de urgencias del Hospital Virgen de la Salud de Toledo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realizamos un estudio retrospectivo de las peticiones en las que se piden drogas de abuso en orina que recibimos en el servicio de urgencias. Los análisis los hemos realizado con el test TOX/ see Drug screen de BIO-RAD. Basado en un inmunoensayo cromatográfico del flujo lateral de 12 analitos. (AMP, BAR, BZO COC, THC, MTD, MET, MDMA, OPI, OXY, PCP, TCA). Los resultados se informaron cualitativamente como positivos o negativos según aut-off del fabricante.

RESULTADOS:

En este estudio hemos analizado 250 muestras en el periodo de cinco meses desde enero hasta mayo del año 2016, en estas muestras se ha realizado la determinación de tóxicos en orina.

La técnica para la determinación de tóxicos en orina se determina por inmunoanálisis cromatográfico de fase sólida. La prueba se basa en la competición para enlazarse con los anticuerpos entre los conjugados de la droga y las drogas que pueden estar presentes en la muestra de orina.

Las orinas proceden de urgencias y del servicio de uvi.

De las 250 muestras analizadas 203 dan positivas a algún tóxico y 47 negativas.

De estas muestras positivas 103 dan positivas a un tóxico.

- 69 dan positivas a dos tóxicos.

- 23 positivas a tres tóxicos.
- 7 positivas a cuatro tóxicos.
- 1 positiva a cinco tóxicos.

CONCLUSIONES:

Es una determinación automatizada y que nos permite la detección de tóxicos en orina muy rápido, esta prueba se realiza en el laboratorio de urgencias.

Y lo que podemos observar es que vemos un consumo muy elevado de benzodiazepinas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 104

VALIDACIÓN DE UN NUEVO PROCEDIMIENTO PARA MEDIR EL METABOLITO DE LA HEROÍNA

Autor/a/s: Rebeca Muñoz Gómez, Rosa María Fernandez Bonifacio, Lourdes Mares y Bernardino Gonzalez

Centro de trabajo: Hospital Clínico de Barcelona

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: muxulo13@gmail.com

RESUMEN:

Los opiáceos son un grupo de sustancias entre las que se incluye la morfina, la codeína y la heroína. La morfina y la codeína son alcaloides que se encuentran de manera natural en el opio. La heroína es un derivado semisintético de la morfina. Los opiáceos se caracterizan por una absorción rápida y por su excreción por la orina. La heroína se metaboliza a 6 monoacetil morfina (6-MAM) y a morfina. Habitualmente en los procedimientos de medición de opiáceos en orina la especificidad del anticuerpo usado es a la morfina por lo que son capaces de detectar consumo de heroína, morfina o codeína. La presencia de 6-MAM en una muestra de orina es indicativa de consumo de heroína, ya que solo aparece tras su consumo. La posibilidad de disponer en el ámbito de la urgencia hospitalaria de un procedimiento para medir 6-MAM ayudaría a discriminar entre los pacientes positivos a opiáceos cuáles han consumido heroína y cuáles no. Recientemente ha aparecido un nuevo procedimiento de enzimoanálisis para medir 6-MAM en orina que permite su incorporación en analizadores automáticos.

OBJETIVOS:

Validación del nuevo método de enzimoanálisis Emit II Plus 6-Acetylmorphine Assay Ref 9R039UL de Siemens Diagnostics.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para medir los opiáceos se ha usado el procedimiento de enzimoanálisis, Emit Plus OPI Dimension Ref DF93A de Siemens Diagnostics incorporado en el analizador Dimension EXL. Las muestras para los confirmatorios se extrajeron en fase sólida (SPE) y se midieron por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas usando el analizador HP 5975 C 7890 (Agilent). Como valor discriminante método de inmunoanálisis para medir 6-MAM se usó 10 µg/L.

Para este estudio se seleccionaron 21 muestras de opiáceos positivos por el procedimiento de inmunoanálisis. A continuación se hicieron los confirmatorios y se midió el 6-MAM por inmunoanálisis en todas las muestras.

RESULTADOS:

De las 21 muestras positivas a opiáceos por inmunoanálisis, 9 dieron positivas a 6-MAM en el confirmatorio y 13 dieron negativas. De estos 9 positivos en todas se detectó el 6-MAM por inmunoanálisis sin que se haya observado ningún falso negativo. En estas muestras positivas se confirmó en todas la presencia conjunta de 6-MAM y morfina, y además en 5 de ellas codeína y en 4 metadona.

De las 13 muestras que dieron negativas a 6-MAM en el confirmatorio, en 12 no se detectó la presencia de 6-MAM en el inmunoanálisis y únicamente en una de las muestras se obtuvo un falso positivo débil a 6-MAM en el inmunoanálisis. De estas 13 muestras negativas en 12 de ellas se detectó en el confirmatorio la presencia de morfina

y además en 2 de ellas metadona y en una codeína. En una de las muestras negativas se detectó solamente codeína.

CONCLUSIONES:

Todas las muestras positivas al 6-MAM en el confirmatorio dieron positivas en el inmunoanálisis sin haberse observado ningún falso negativo. Por tanto, se trata de un método de cribaje con una elevada sensibilidad y valor predictivo negativo.

En cuanto a las muestras negativas al 6-MAM en el confirmatorio únicamente uno de los casos dio positivo para el 6-MAM en el inmunoanálisis, siendo por tanto un falso positivo. Los positivos a 6-MAM por inmunoanálisis se deberían confirmar por un método de mayor especificidad analítica como la CG EM. El uso de un valor discriminante más elevado podría evitar algunos de estos falsos positivos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 105

IMPLANTACIÓN DEL CRIBADO DE CÁNCER COLORRECTAL EN EL ÁREA DE PUERTOLLANO

Autor/a/s: Montserrat Buitrago Molina; Ana María Piedrabuena González; María Teresa Caballero Sánchez-Toledo; Ana Isabel Domínguez Márquez; Consuelo Gil Fernández; Inmaculada Quesada Valderas; María Del Carmen Vera Rodríguez; María Del Carmen Caravantes Almena; Ana Belén Pedrero Gallego.

Centro de trabajo: HOSPITAL SANTA BARBARA

Localidad: PUERTOLLANO

Correo electrónico del primer firmante: casillasai@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal (CCR) constituye el tumor más frecuente en el mundo occidental y la segunda causa de muerte por cáncer. Sin embargo el cáncer colorrectal es una enfermedad prevenible en la actualidad.

La supervivencia a los 5 años del cáncer colorrectal en nuestro medio sigue siendo mejorable, del orden de 50-60%, mientras que la supervivencia del cáncer colorrectal detectado por procedimientos de cribado es superior al 90%.

OBJETIVOS:

El objetivo general del cribado será la detección precoz de la enfermedad en fase asintomática con el fin de realizar pruebas complementarias a aquellas muestras con resultado positivo en sangre oculta en heces y conseguir un correcto diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

1. Test inmunoquímico cuantitativo. (inmunoensayo con partículas de látex)
2. El autoanalizador utilizado para esta técnica es el OC-SENSOR IO.
3. Colonoscopia completa sin/con sedación para confirmación de casos positivos de detección de Sangre oculta en heces.

Se realizaron 1099 peticiones de sangre oculta en heces, obtenidas desde el 1 de Julio de 2016 hasta el 31 de Enero de 2017 en el que la población sana recogió una sola muestra en un kit especial en una solución tampón aportado por el laboratorio para la determinación. El punto de corte utilizado es de 100 ng/mL.

La población sana seleccionada hasta el momento, estaba comprendida entre 60 y 69 años, de riesgo medio, sin antecedentes familiares de cáncer colorrectal, sin patologías digestivas susceptibles de seguimiento colonoscópico específico o aquellas personas a las que se les hubiera realizado una colonoscopia previa y hubiera resultado negativa.

RESULTADOS:

De las 957 muestras analizadas con resultado, 863 obtuvieron un resultado negativo (90,1%) y 94 obtuvieron un resultado positivo (9,9%). De éstas positivas un 52% eran muestras pertenecientes a hombres y un 48% correspondían a mujeres.

Se realizó colonoscopia a 55 pacientes (58%) que habían dado positivo en el test de sangre oculta en heces obteniendo los siguientes diagnósticos:

- Un 22% se clasificó como Adenoma Tubular
- Un 15% resultaron normales
- Un 12.7% se clasificaron como Adenocarcinomas
- Y el resto incluían diagnósticos de displasias de alto y bajo grado, colitis, diverticulitis, hemorroides o pólipos hiperplásicos.

CONCLUSIONES:

La implantación del cribado de cáncer colorrectal permite la detección temprana de adenocarcinomas y otras lesiones premalignas en población aparentemente sana, aumentar la detección de la enfermedad en estadios tempranos y como consecuencia mejorar la calidad de vida de los pacientes y reducir el riesgo de mortalidad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 106

INTOXICACIÓN GRAVE POR DILTIAZEM

Autor/a/s: Gómez hoyos, Olga María; Landi Moreno, Alicia; Gil Macías, Celia; Rico Rodríguez, Marta

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: haziel21@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Diltiazem es un fármaco que ejerce su acción bloqueando los canales de calcio, siendo su aplicación clínica el tratamiento de la angina de pecho inestable y la hipertensión arterial de leve a moderada.

La intoxicación por bloqueadores de los canales de calcio puede dar lugar a un cuadro extremadamente grave con shock severo y refractario a las medidas de sostén convencionales, con elevada mortalidad.

OBJETIVOS:

Caso clínico de un paciente varón de 81 años de edad, con antecedentes de hipertensión arterial, diabetes mellitus tipo 2 e hiperplasia benigna de próstata.

Acudió a urgencias derivado de un cardiólogo privado por objetivar fluter auricular. Se realiza analítica y ecocardiograma (ECG) con hallazgo de insuficiencia renal crónica. Durante la estancia en observación permanece estable y sin episodios arrítmicos y se da de alta al domicilio en tratamiento con diltiazem y apixabam y citado para revisión en cardiología.

CASO CLÍNICO:

Pasados 15 días, acude a urgencias por sensación vertiginosa, malestar y náuseas. Se objetiva anuria con estabilidad hemodinámica y respiratoria y empeoramiento de la función renal, destacando creatinina igual a 5.3 mg/dL (0.4-1.2 mg/dL), urea=113mg/dL (19-50 mg/mL) Y potasio=5.42 mmol/L (3.5-5 mmol/L) sin hemólisis. A la mañana siguiente desarrolla bradicardia (35-40 lpm) y deterioro cardiorespiratorio. El ECG muestra bradicardia rítmica sin actividad auricular apreciable. Tras esto se traslada a UCI para administración de fármacos vasoactivos y posterior colocación de marcapasos. A las dos horas de este procedimiento el paciente entra en parada cardiorespiratoria a pesar de las maniobras de reanimación y finalmente fallece. El diagnóstico al ingreso en UCI es infarto de ventrículo derecho secundario a un fracaso renal crónico reagudizado. Ante la sospecha de intoxicación por antagonista del calcio, contacta con el laboratorio para consultar la posibilidad de realizar una determinación que confirme su sospecha de intoxicación. Desde el laboratorio consultamos con nuestro laboratorio externo de referencia, encontrando que no es posible detectar fármacos antagonistas del calcio de forma general, sino que habría que analizar la muestra del paciente para un fármaco en concreto, también la posibilidad de tener el resultado en menos de 24 horas, si el envío de la muestra se gestiona de forma urgente.

Ese mismo día, mandamos la muestra al laboratorio externo, para la determinación de los niveles de Diltiazem, que recibimos el día siguiente y se encuentra en 305 ng/mL, encontrándose fuera del rango terapéutico (hasta 200 ng/mL). Desgraciadamente, el paciente fallece a las pocas horas de conocer el resultado analítico de los niveles de diltiazem y los familiares no quieren realizar autopsia; por lo que la causa del fallecimiento se registra como parada cardíaca secundaria intoxicación por diltiazem.

DISCUSIÓN:

Es muy importante la comunicación con el clínico para apoyar e intentar solucionar sus dudas sobre determinaciones poco frecuentes, como es el caso de este antagonista del calcio. El hecho de contar con un laboratorio externo de referencia, que realice aquellas determinaciones que no realizamos en nuestra laboratorio es de suma importancia, así como la facilidad de contactar con ellos y gestionar del envío de muestras relativamente urgentes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 113

LIPOPROTEINA A: ANÁLISIS DE SU IMPORTANCIA EN EL ÁREA SANITARIA DE A CORUÑA

Autor/a/s: González Rieiro, Isabel ; Seijas Santamariña, María;

Centro de trabajo: HMI Teresa Herrera

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: isisrie@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La lipoproteína A (Lp (a)) es una proteína plasmática transportadora de colesterol, descubierta por Kare Berg en 1963. Estructuralmente similar a las LDL, está constituida por la molécula proteica Lipoproteína A que se une a la Apo B 100 de la molécula LDL por puente disulfuro. Presenta similitud estructural con el plasminógeno, lo que le otorga capacidad aterogénica, ya que se une a los receptores del plasminógeno inhibiendo la fibrinólisis. Se acumulan en la placa de ateroma con las LDL favoreciendo la formación de trombos y dificultando la fibrinólisis, por ello presenta un gran interés clínico como marcador de riesgo cardiovascular importante, sobre todo en pacientes con Hipercolesterolemia Familiar y en pacientes con Cardiopatía Isquémica de presentación temprana. Las concentraciones elevadas de Lp(a) constituyen un factor de riesgo para desarrollar enfermedades coronarias. Está condicionada genéticamente, sus valores se mantienen estables toda la vida y además tiene difícil manejo terapéutico ya que los tratamientos convencionales para reducir el colesterol no modifican la Lp(a). Aparecieron tratamientos con nuevos fármacos con anticuerpos monoclonales anti – PCSK9 que la disminuyen en un 40%, aunque en caso de Hipercolesterolemia Familiar Grave que no responde al tratamiento se utiliza la LDL aféresis que ayuda a disminuir LDL y Lp (a).

OBJETIVO:

El propósito de este estudio es el análisis de la importancia del uso de la Lp(a) como marcador de riesgo de Enfermedad Cardiovascular en el Área Sanitaria de A Coruña, analizando la importancia dada a la Lp(a) como marcador de Enfermedad Cardiovascular en la población general a la luz de las peticiones de Lp(a) realizadas en 2016, en comparación con las peticiones de LDL. Y además relacionar las peticiones de Lp(a) con la Hipercolesterolemia Familiar.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los TEL del Laboratorio de Área del Complejo Hospitalario Universitario A Coruña hemos analizado los resultados de Lp(a) obtenidos del Sistema Informático del Laboratorio, después de haber analizado muestras de suero para determinar la Lp(a) con el ensayo Advia Chemistry Lipoprotein A en los analizadores Advia 2400 de Siemens, ensayo basado en inmunoturbidimetría mejorada con partículas de látex con un intervalo de ensayo en suero de 10,00-110,0 mg/dl. El riesgo de Enfermedad Cardiovascular aumenta considerablemente a

niveles de Lp(a) superiores a 30 mg/dl, siendo el riesgo independiente de otros factores de riesgo cardiovascular.

RESULTADOS:

Peticiones de LDL en 2016: 218.356. Peticiones de Lp(a) en 2016: 156. De las peticiones de Lp(a) la distribución por el tipo de patología que solicita determinación de Lp(a) es: En Hipercolesterolemia Familiar y/o LDL aféresis: 113 y en otros trastornos del metabolismo lipídico (Hipobetalipoproteinemia, &), Enfermedad Vasculatura Temprana, etc: 43.

CONCLUSIÓN:

De la observación de los resultados obtenidos se concluye que la LDL es utilizada mayoritariamente como marcador de riesgo cardiovascular en el cribado de la población general de Enfermedades Cardiovasculares en detrimento de la Lp(a). De las Lp(a) analizadas se deduce que la Lp(a) es utilizada como marcador de Enfermedad Cardiovascular en la Hipercolesterolemia Familiar y en el control del tratamiento de estas con la LDL aféresis.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 116

SUSTITUCIÓN DE UN TEST INMUNOCROMATOGRAFICO POR UN TEST DE AGLUTINACIÓN EN LÁTEX PARA LA DETERMINACIÓN DE SANGRE OCULTA EN HECES

Autor/a/s: Pedrero Gallego, Ana Belén; Vera Rodríguez, María del Carmen; Caravantes Almena, María del Carmen; Quesada Valderas, María Inmaculada; Domínguez Márquez Ana Isabel; Caballero Sánchez-Toledo, María Teresa; Piedrabuena González, Ana María; Buitrago Molina, Montserrat; Gil Fernández, Consuelo.

Centro de trabajo: Hospital Santa Bárbara

Localidad: Puertollano

Correo electrónico del primer firmante: anabelenpedrero@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal (CCR) es actualmente el tumor maligno más frecuente en Europa si se analizan ambos sexos conjuntamente, y es la segunda causa más frecuente de mortalidad por cáncer. A pesar de estos datos, el CCR es una neoplasia prevenible, la detección precoz de CCR y la extirpación de su lesión precursora, el pólipo adenomatoso, reduce la incidencia y la mortalidad de esta neoplasia de forma significativa. Los test de sangre oculta en heces inmunológicos, basados en una reacción antígeno-anticuerpo que detectan específicamente hemoglobina humana, han experimentado un gran desarrollo en los últimos años, convirtiéndose en una herramienta potente para la determinación de sangre oculta en heces (SOH).

OBJETIVO:

Sustituir un test inmunocromatográfico por un test de aglutinación en látex para la determinación de SOH, definiendo el punto de corte y el número de muestras analizadas, que aporten una mayor rentabilidad diagnóstica para la indicación de colonoscopia en una población de alto riesgo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Test Inmunológicos para la determinación SOH.

- Método Inmunocromatográfico: Insure Inform:

Límite de detección: 50 microgramos de Hemoglobina/gramos de heces.

Lectura e Interpretación: Visual Cualitativo.

Número de muestras procesadas: 3.

- Método Aglutinación en látex: OC-SENSOR:

Límite de detección: 20 microgramos de Hemoglobina/gramos de heces.

Lectura e Interpretación: Automatizado Cuantitativo.

Número de muestras procesadas: 1.

RESULTADOS:

Analizamos la tasa de positividad en un periodo de 5 meses para ambos Test en paralelo (agosto del 2016 a enero del 2017).

- Método Inmunocromatográfico: Insure Inform:

Número de muestras: 904

Positivos: 199

% Positivos: 22

- Método Aglutinación en látex: OC-SENSOR:

Número de muestras: 904

Positivos: 159

% Positivos: 17.6

CONCLUSIONES:

- La tasa de positividad disminuye cuando pasamos del test inmunocromatográfico (22%) al test de aglutinación en látex (17.6%), a pesar de la mayor sensibilidad de este último, posiblemente por que el número de falsos positivos con el test inmunocromatográfico es mayor. La verdadera precisión de ambos test en términos de sensibilidad y especificidad para la detección de neoplasia colorrectal es difícil de conocer, debido a la dificultad logística de realizar la colonoscopia como prueba confirmatoria en los pacientes con un test negativo.

- Con la implantación del test de aglutinación por látex que tiene un LD más bajo:

- Pasamos a analizar 1 muestra de heces frente a las 3 que analizábamos con el método inmunocromatográfico, apoyándonos en que en la bibliografía revisada no hay estudios que confirmen la rentabilidad diagnóstica de analizar 3 muestras de heces.

- Optimizamos el punto de corte (50 µg Hb/g heces) para establecer indicación de colonoscopia, revisando bibliografía y en consenso con el Servicio de Digestivo.

- Con las mejoras realizadas hemos reducido en un 4.4% en número de colonoscopías desde su implantación.

- Destacar que la implantación del test de aglutinación por látex nos proporciona un análisis automatizado fiable y preciso, evitando el factor subjetivo de la lectura cuantitativa y permite procesar mayor número de muestras en menos tiempo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 119

¿SE PUEDEN UTILIZAR LOS COCIENTES PROTEÍNA/CREATININA Y CALCIO/CREATININA EN ORINA ESPORÁDICA (MICCIÓN AISLADA)?

Autor/a/s: MUÑOZ JARA RAQUEL, CANTALEJO GUTIERREZ ADOLFO, FERRELO MUÑOZ MARÍA GEMA

Centro de trabajo: HOSPITAL NTRA. SRA. DEL PRADO

Localidad: TALAVERA DE LA REINA (TOLEDO)

Correo electrónico del primer firmante: raquemj22@gmail.com

RESUMEN:

Tradicionalmente se han utilizado las excreciones de calcio y proteínas en 24 horas para evaluar su cuantificación ya que se eliminan de forma variable durante el día. Pero la recogida de orina de 24 horas es complicada y frecuentemente se producen errores durante la recogida que van a dar lugar a cuantificación inexacta de estos analitos. Estudios previos sugieren que existe una correlación directa entre las excreciones de proteínas y calcio con los índices Proteínas/creatinina y Calcio/creatinina. El objetivo de este estudio es determinar si se pueden utilizar estos índices y evitar de esta manera la recogida de orina de 24 horas.

MÉTODO:

Estudio prospectivo observacional en el que se incluyeron un total de 68 pacientes mayores de 18 años que acudieron a las consultas externas del hospital y se les requería que recogieran los dos tipos de muestra, micción aislada y orina de 24 horas. La concentración

de creatinina se realizó mediante el método de Jaffé compensado, las proteínas en orina mediante un método turbidimétrico y el calcio mediante la formación de un complejo con NM-BAPTA. Todas las determinaciones se realizaron en un Cobas 8000 de Roche Diagnostic.

El análisis de correlación se realizó mediante el coeficiente de correlación de Pearson. El análisis de concordancia diagnóstica se ha realizado mediante el coeficiente de correlación interclase (CCI), así como mediante la representación gráfica de Bland-Altman.

RESULTADOS:

El intervalo de la excreción de proteínas fue 24-2034 mg/24 horas. Existe una correlación directa y estadísticamente significativa entre la excreción de proteína y el cociente Prot/creat. El coeficiente de correlación de Pearson fue 0.874 (IC 95%: 0.799-0.922), $p < 0.01$, y el CCI 0.70 (IC95%: 0.51-0.82). El intervalo estudiado de excreción de calcio fue 9.7-498 mg/24h. El coeficiente de correlación de Pearson entre la excreción de calcio y el índice cal/creat fue de 0.486 (IC95%: 0.245-0.669), $p < 0.01$, y el CCI 0.0001 (IC95%: -0.62-0.38).

CONCLUSIONES:

Nuestro estudio demuestra que se puede utilizar el cociente Prot/creat en una muestra de orina esporádica en vez de la excreción de proteínas en orina de 24 horas en el intervalo estudiado y de esta manera simplificar la recogida y disminuir el gasto sanitario. Aún teniendo una correlación positiva y significativa el cociente Ca/creat y la excreción de calcio, este no se puede utilizar ya que el CCI es muy bajo y recomendamos seguir utilizando la excreción de calcio en orina de 24 horas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 120

ANÁLISIS COMPARATIVO DE UN MÉTODO ELECTROFORÉTICO Y OTRO CROMATOGRÁFICO PARA LA DETERMINACIÓN DE HbA1c

Autor/a/s: Cantalejo Gutierrez Adolfo, Muñoz Jara Raquel, Simón Pérez Germán Rubén, Del Rio Martín María Dolores

Centro de trabajo: Hospital Ntra. Sra. Del Prado

Localidad: Talavera de la Reina (Toledo)

Correo electrónico del primer firmante: adolfitocg@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El analizador Capillarys2 Flex Piercing HbA1c (Sebia) es un sistema totalmente electroforético automatizado para la cuantificación de HbA1c en el que ocho capilares funcionan simultáneamente y son capaces de separar HbA1c, HbA₀ y HbA, en un tiempo inferior a 7 minutos. El objetivo del estudio es evaluar la imprecisión así como compararlo con el sistema HPLC Variant Turbo de Biorad que es el que utilizamos en la actualidad en nuestro laboratorio.

MÉTODO:

Para el estudio de imprecisión se procesaron 2 niveles de control suministrados por el fabricante en 20 ocasiones el mismo día y durante 20 días consecutivos (Control I: 5.6%, control II: 9.6%). Se obtuvieron 74 muestras de sangre recogidas en un tubo con EDTA procedentes de pacientes ambulatorios a los que solicitaba determinación de HbA1c, con un intervalo que varió entre 4.4% y 14.0%. La comparación de métodos se hizo siguiendo las recomendaciones de la SEQC para el estudio de la veracidad mediante la comparación de procedimientos de medida. EL análisis entre las dos muestras se llevó a cabo en un tiempo inferior a una hora y se utilizaron las mismas rectas de calibración. El análisis estadístico se realizó mediante la media, desviación estándar, coeficiente de variación, ecuaciones de regresión de Passing-Bablok, coeficientes de correlación interclase (CCI) y diagramas de Bland-Altman.

RESULTADOS:

Los coeficientes de variación intraensayo del Capillarys 2 fueron 1.9% para el nivel I y 1.4% para el nivel II. Los coeficientes de variación interensayo fueron 1.62% para el nivel I y 1.58% para el nivel II. Recta de regresión Capillarys2= 1.00 (IC95%: 0.94 a 1.01)x Variant Turbo +0.20 (IC95%: 0.20 a 0.58), CCI= 0.988 (IC95%: 0.981 a 0.992).

CONCLUSIONES:

EL método para la determinación de HbA1c por electroforesis cumple con los criterios mínimos de imprecisión, y la correlación entre ambos es excelente. De nuestro estudio se deduce que la correlación entre los dos métodos evaluados es excelente, los resultados no son intercambiables y el Capillarys 2 mide 0.2% unidades más que el método que el Variant Turbo en todo el rango de concentraciones estudiado, lo que hace necesario la elaboración de valores de referencia para el método electroforético.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 121

VALORES DE REFERENCIA PARA ÁCIDO FÓLICO Y VITAMINA B12 EN SUERO EN UNA POBLACIÓN DEL CENTRO DE ESPAÑA MEDIANTE ELECTROQUIMIOLUMINISCENCIA

Autor/a/s: Cantalejo Gutierrez Adolfo, Muñoz Jara Raquel, Simón Pérez Germán Rubén, Navarro Colom Myriam

Centro de trabajo: Hospital Ntra. Sra. del Prado

Localidad: Talavera de la Reina (Toledo)

Correo electrónico del primer firmante: adolfitocg@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

A pesar de ser una de las herramientas más utilizada para las decisiones médicas, los intervalos de referencia no suelen ser determinados por los laboratorios clínicos debido a que su elaboración es una actividad complicada y costosa. Sin embargo, las sociedades científicas recomiendan a los laboratorios clínicos a establecer sus propios valores de referencia. Esto es especialmente importante en los casos del ácido fólico y la vitamina B12, debido a las grandes diferencias a nivel vitamínico entre diferentes poblaciones.

OBJETIVO:

Nuestro objetivo es establecer intervalos de referencia para los niveles de ácido fólico y vitamina B12 en una población sana (donantes de sangre) utilizando el método de electroquimioluminiscencia (ROCHE DIAGNOSTICS).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se midieron los niveles de ácido fólico y vitamina B12 de 141 donantes de sangre sanos con una edad comprendida entre 18 y 65 años. El analizador utilizado fue el Modular E170 (ROCHE DIAGNOSTICS) que usa el método de electroquimioluminiscencia. Los intervalos de referencia fueron calculados según la guía del CLSI (Clinical Laboratory Standard Institute), usando el método no paramétrico de los percentiles.

RESULTADOS:

No existen diferencias significativas en los niveles de ácido fólico o cobalamina entre subgrupos de edad y sexo. Los límites de intervalo de referencia para ácido fólico fueron 2.2 y 18.02 pg/ml (5-40.7 nmol/L) y, 213.81 y 763.29 pg/ml (158.2-564.8 pmol/L) para vitamina B12. Estos intervalos difieren de los indicados por el fabricante.

CONCLUSIONES:

Nuestros resultados enfatizan la conveniencia de construir valores de referencia basados en la población a la que da servicio el laboratorio, a fin de descartar deficiencias de estas vitaminas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 123

ERROR PREANALÍTICO Y SU REPERCUSIÓN EN LA SEGURIDAD DEL PACIENTE: A PROPOSITO DE UN CASO

Autor/a/s: Morales Aguilera, Mercedes; Marques Galán, María Milagros; Moya Carretero, Teresa; Ríos Quesada, Catalina. Destrieux Mustafa, Sofia.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: mercaru@ono.com

RESUMEN:

La fase preanalítica incluye todos aquellos pasos desde que se solicita la determinación analítica hasta la emisión del informe final. Esta parte del proceso del laboratorio abarca una fase extralaboratorio, sobre la que tenemos un control limitado y una fase intralaboratorio, perfectamente protocolizada para evitar errores.

Actualmente, la mayoría de los errores se producen en la etapa preanalítica y en muchos casos, son los más difíciles de detectar.

OBJETIVO:

En nuestro trabajo, ponemos de manifiesto un error preanalítico que podía haber repercutido negativamente en la historia del paciente.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Paciente de 73 años diagnosticado de EPOC y diabetes mellitus tipo 2 insulino dependiente muy avanzada, con afectación de la microcirculación sanguínea (retinopatía diabética y arteriopatía periférica) y de grandes vasos, con antecedentes de cardiopatía isquémica y nefropatía diabética.

RESULTADOS:

El paciente fue trasplantado hace varios años (donante cadáver) y sigue tratamiento inmunosupresor con terapia combinada.

En una de las analíticas rutinarias, se recibe volante peticionario con la solicitud de niveles de fármacos: tacrolimus (dosis de administración 15 mg/24 horas) y micofenolato (500 microgramos/12 horas). Tras el procesamiento de las muestras, se detectan niveles plasmáticos de tacrolimus de 7,10 ng/ml (valores terapéuticos: 5- 10ng/mL) y 0,2 microgramos/mL de micofenólico (valores terapéuticos: 1-4 microgramos/mL).

Ante este nivel de alarma de micofenolato, el personal de laboratorio se pone en alerta ante un posible error preanalítico ya que la técnica está perfectamente calibrada y controlada. Por este motivo, revisamos primero el volante peticionario, y al confirmar que estaba perfectamente cumplimentado, nos ponemos en contacto con el médico solicitante para informar dicha incidencia y confirmar si el paciente toma dicha medicación, si se la están retirando o se trata de un error en la petición del fármaco.

Tras revisar la historia, se detecta que el paciente no toma micofenolato, sino ciclosporina (dosis de administración 75 mg/12 horas), por lo que repetimos el análisis de sangre pero ahora solicitando los niveles de ciclosporina. El resultado de éste es de 170 ng/mL (valores terapéuticos: 100-250 ng/mL).

CONCLUSIONES:

- Debemos tener claro los valores de alarma y valores críticos de las distintas pruebas de nuestro laboratorio y la importancia de la comunicación de los mismos a la Unidad solicitante, manteniendo siempre la colaboración interdisciplinar.

- Fomentar y divulgar la importancia de las condiciones preanalíticas: volante peticionario correctamente cumplimentado, extracción en ayunas y predosis (estado valle, justo antes de la toma de la medicación) e identificación correctamente del paciente y de las muestras.

- Este caso clínico pone de manifiesto la importancia del laboratorio al detectar errores preanalíticos extralaboratorio, evitando repeticiones de venopunción en estos pacientes crónicos de difícil extracción sanguínea y mejorando la seguridad del paciente y la calidad de nuestra labor asistencial.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 124

VALORACIÓN DEL CRIBADO DEL CÁNCER COLORRECTAL MEDIANTE TEST CUALITATIVO DE SANGRE OCULTA EN HECES

Autor/a/s: Eva María Portillo Jurado, Araceli Espinosa Espinosa, Milagros Rivero Martín-Bejarano, Carmen de los Reyes Cuevas, Mercedes Calero Ruiz, Marta Rico Rodríguez.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: porti_eva@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal (CCR) es un importante problema de salud a nivel mundial y cuya incidencia está aumentando.

El cribado de CCR puede identificar la enfermedad en estadios iniciales o fase premaligna, permitiendo reducir la mortalidad asociada al mismo.

La última generación de test inmunoquímicos fecales (FITs), proporciona una mediada cuantitativa de la concentración de hemoglobina en heces.

Nuestro objetivo es valorar la utilidad del programa de cribado de CCR mediante el test cuantitativo de la sangre oculta en heces (SOH) en nuestro hospital, para detectar adenocarcinoma u otras lesiones precancerosas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio analiza las muestras de pacientes que participan en la primera ronda del Programa de Cribado de CCR entre diciembre de 2015 y noviembre de 2016, que incluye a pacientes asintomáticos con edades comprendidas entre 50 y 69 años, y sin antecedentes familiares de CCR.

Las muestras fueron analizadas por OC- SENSOR DIANA (Eiken Chemical Co), que mediante aglutinación con látex, proporciona las concentraciones de hemoglobina fecal (ng/mL).

Se considera positivas aquellas con resultados de hemoglobina fecal superiores a 100 ng/mL, y los pacientes serán sometidos a una colonoscopia.

Tras la revisión de la historia clínica, se anota el resultado de la colonoscopia.

El estudio estadístico se realizó con paquete SPSS 15.0 para Windows.

RESULTADOS:

Se realizaron 1231 determinaciones, de las cuáles 1175 (95,5 %) resultaron negativas, y 55 (4,5 %) positivas.

Para los pacientes con hemoglobina fecal positiva, la media de edad fue de 63,4 años (mín: 51- máx: 69), y se distribuyen por sexos de la siguiente forma: 30 hombres (54,5 %) y 25 mujeres (45,5 %).

En la tabla se presentan los resultados de las colonoscopias.

Resultado colonoscopia	n	Porcentaje	Mujeres (%)
Adenocarcinoma	4	7,3	0
Adenomas alto riesgo	18	32,7	27,8
Adenomas bajo riesgo	19	34,5	57,9
Otras lesiones no neoplásicas	8	14,5	75
Normal	6	10,9	50

Se consideran adenomas de bajo riesgo, aquellos que presentan un grado de displasia leve. Los adenomas de alto riesgo incluyen: adenomas de alto grado de displasia (2), adenomas de más de 10 mm (4), adenomas con componente vellosos (6) o la presencia de 3 o más pólipos (6).

La tasa de verdaderos positivos fue de 74,5 % y la tasa de falsos negativos (lesiones no neoplásicas y exploraciones normales) fue de 25,5%.

CONCLUSIONES:

- El cáncer colorrectal es una enfermedad frecuente en nuestro medio, cuya detección precoz es importante para reducir la mortalidad asociada.

- La implantación en el programa de cribado de los nuevos test FITs, con cuantificación de la hemoglobina fecal disminuye la tasa de falsos positivos en comparación al método cualitativo, manteniendo una buena tasa de verdaderos positivos.

- La técnica, no solo detecta el adenocarcinoma, sino también los adenomas pre-cancerosos, que son eliminados durante la colonoscopia, evitando así la progresión de las mismas a tumores.

HIPERQUILOMICRONEMIA

Autor/a/s: Araceli Espinosa Espinosa, Eva María Portillo Jurado, Milagros Rivero Martín-Bejarano, Carmen de los Reyes Cuevas, Mercedes Calero Ruíz, Marta Rico Rodríguez.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: areses1@gmail.com

RESUMEN:

La hiperquilomicronemia familiar (hiperlipemia primaria tipo I) es una condición rara, con una frecuencia de menos de 1 caso por cada millón de habitantes y representa menos del 1% de las causas de dislipidemias en la población general. Es usualmente asintomática y cuando se diagnostica en la primera infancia es un hallazgo incidental. Se presenta más tarde en la vida con dolor abdominal recurrente, pancreatitis aguda, xantomatosis o es descubierta en el examen oftálmico, donde aparece una imagen típica, la lipemia retinalis caracterizada por vasos de coloración rosa pálido debido al aumento de los quilomicrones. Las características físicas del suero nos debe hacer sospechar el diagnóstico, y éste se debe confirmar con un perfil lipídico completo. El tratamiento es básicamente dietético y se puede estabilizar con transfusión de plasma fresco.

OBJETIVO:

Mostrar la importancia de la determinación de triglicéridos en suero para el diagnóstico de la hiperquilomicronemia en este caso clínico.

CASO CLÍNICO:

Lactante de 1 mes que acude a Urgencias de pediatría de nuestro hospital por presentar cuadro consistente en fiebre de hasta 38,5 OC e irritabilidad. Se palpa hepatomegalia y se observan micropápulas blanquecinas distribuidas por la cara. Al extraer analítica de sangre, se observa como hallazgo incidental, un color rosado y consistencia cremosa de la muestra. Ante sospecha de hiperquilomicronemia familiar, se consigue analizar cifras de colesterol (1617 mg/dl), triglicéridos (25540 mg/dl) y lipasa (31 U/L). En el sedimento urinario se observan imágenes sugestivas de gotas de grasa tras teñir con sudán.

Dada las características del cuadro, se decide el ingreso a UCI Pediátrica por sepsis por *Enterobacter aburiae*. Se le realiza punción lumbar y se cursa estudio de hiperquilomicronemia familiar (lipidograma y estudio genético).

Se procede a nutrición exclusiva con fórmula Monogen (alimento dietético de bajo contenido en grasas).

Se inicia recambio sanguíneo (sangre y plasma) y se añade suplementos de gluconato cálcico.

A los progenitores se les estudia (perfiles lipídicos y genética) y se realiza árbol genealógico (rama materna con dislipemia, abuelos y tíos maternos, primo hermano de 10 años diagnosticado de hipercolesterolemia con 4 años. Padre con hipertrigliceridemia).

Además, se realiza estudio genético del caso índice, detectándose una mutación en homocigosis del gen LPL (c.312delA, p. Asp105ThrfsX66). Posteriormente se envió muestra para el estudio de la actividad de la lipoproteína lipasa (LPS).

CONCLUSIONES:

Se estima una función de la lipoproteína lipasa del 2-3% en el lactante mientras que la función de la LPS de los padres se estima en un 50%. Esta enfermedad tiene una herencia autosómica recesiva, de manera que para sufrir la enfermedad se deben heredar los dos alelos patológicos de los progenitores, como sucede en este caso.

Cuando los dos progenitores son portadores sanos de la enfermedad, la probabilidad de transmitirla a la descendencia es de un 25%, mientras que un 50% de los hijos serán portadores sanos y otro 25% no portadores sanos.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO E INTERRELACIONES EN TEST DE TÓXICOS EN ORINA

Autor/a/s: Araceli Espinosa Espinosa, Milagros Rivero Martín-Bejarano, Eva María Portillo Jurado, Carmen de los Reyes Cuevas, Marta Rico Rodríguez, Mercedes Calero Ruíz.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: areses1@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La solicitud de tóxicos en orina es relativamente frecuente en los laboratorios de urgencias. Su determinación es fácil, puesto que sólo se necesita una muestra de orina aislada para detectar múltiples sustancias como: anfetaminas (ANF), barbitúricos (BAR), benzodiazepinas (BZO), tetrahidrocannabinol (THC), antidepresivos tricíclicos (ATC), metadona (MTD), mentanfetaminas (MET), MDAMA, oxycodona (OXY) y fenciclidina (PCP).

El objetivo de este estudio es hacer un análisis estadístico de los tóxicos en orina solicitados en nuestro servicio en un periodo de 6 meses.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realizamos un estudio descriptivo transversal, sobre muestras de orina aislada sometidas a un test de screening cualitativo de tóxicos en orina recibidas durante un periodo junio - diciembre de 2016. El método empleado es un inmunoensayo basado en el principio de uniones competitivas. Se considera un test positivo cuando el tóxico se encuentra presente en la muestra de orina a una concentración superior a la de su cut-off.

El test se realiza con el kit TOX/SeeTM (BIO-RAD), los datos se extraen utilizando Omnimium 5 (Roche DiagnosticR) y se analizan mediante STATA 13.1

RESULTADOS:

Se analizan un total de 280 muestras de orina, de las cuales 106 (37,9%) son negativas para todos los parámetros estudiados, y 174 (62,1%) presentan un resultado positivo para uno o varios de los parámetros.

Del total de las muestras procesadas, analizando cada parámetro de forma independiente, encontramos una distribución que se resume en la siguiente tabla:

Tóxico	ANF	BAR	BZO	THC	ATC	MTD	MET	MDMA	OXY	PCP
N	7	6	114	73	14	10	6	3	0	0
%	2,5	2,1	40,7	26,1	5	3,6	2,1	1,1	0	0

CONCLUSIONES:

- Un elevado número de muestras resultaron positivas para algún tóxico, por lo que es muy importante la realización de esta prueba para descartar o confirmar que el cuadro clínico del paciente se deba a la intoxicación por algunos de estos fármacos o drogas de abuso, y reorientar en juicio clínico hacia otro diagnóstico.

- Las benzodiazepinas, destacan como el tóxico más detectado, debido a su amplio uso en la población como ansiolítico o relajante muscular, por lo que habría que estudiar un mayor control en la dispensación de este tipo de fármacos.

- Casi una cuarta parte de las muestras presentaron resultados positivos para más de un tóxico, destacando la asociación benzodiazepinas tetrahidrocannabinol, y benzodiazepinas antidepresivos tricíclicos.

RECEPCIÓN DE MUESTRAS. MEJORA DE CIRCUITOS

Autor/a/s: Navajas Paqui, Ortega Olga, Ortiz paqui, Pirla Pilar, Garijo Arturo

Centro de trabajo: CATLAB

Localidad: VILADECALLS

Correo electrónico del primer firmante: fnavajas@catlab.cat

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El laboratorio central de Catlab da cobertura a 1.000.020 habitantes, con una media de 3500 peticiones /día y 8 millones de determinaciones/año. En diciembre del 2016 se sustituyeron los dos clasificadores RSD pro (Roche Diagnostics) del área de Recepción de Muestras, por el sistema pre analíticos cobas p512 (orinas) y el preanalítico alicuotador cobas p612 (suero, citratos y EDTA) de Roche Diagnostics.

OBJETIVOS:

Mejorar el circuito de las muestras automatizables en el área de Recepción de Muestras, mediante los nuevos sistemas preanalíticos cobas p512 y p612.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los sistemas preanalíticos cobas p512 y el p612 (con alicuotador) son sistemas completamente automáticos que nos permiten registrar las muestras, destapar y retapar los tubos, si es necesario, distribuir, controlar el volumen y la calidad de las muestras y alicuotar y reetiquetar las alicuotas, en el caso del cobas p612. Además, estos sistemas nos permiten programar más de un ciclo de trabajo, siendo útil en caso de utilizarlos como alternativa de otros sistemas.

- cobas p512 (orinas): El nuevo p512 permite establecer en un solo ciclo de trabajo la entrada automatizada de las orinas a los analizadores cobas 6500 (Roche Diagnostics) para realizar el examen básico de orina y el sedimento urinario. Este mediante la aplicación de algoritmos genera o anula el urocultivo y vuelve a enrutar la orina mediante el p512 al siguiente destino de la ruta, y así hasta el archivo final automatizado tapando las orinas. Se han estudiado las orinas de los meses de enero y febrero del 2016 y el 2017, que son 41507 y 41402 respectivamente. También se ha estudiado el número de pruebas de examen básico y de urocultivos en los dos años para ver si existían diferencias por la nueva gestión de muestras.

- cobas p612 (sueros, citratos y EDTA): Al disponer de un módulo alicuotador nos permite hacer las alicuotas de los laboratorios externos, antes de pasar al Core Lab y priorizar las muestras de hospitalización y las urgencias de los centros de Atención Primaria, así como la detección de errores.

RESULTADOS:

Enero-febrero 2016 RSD pro: nº orinas 41507, examen básico de orina 24636, urocultivos 16871.

Enero-febrero 2017 p512 pro: nº orinas 41402, examen básico de orina 25019, urocultivos 16383.

CONCLUSIONES:

- La utilización de estos sistemas nos han permitido una mejora de los circuitos de trabajo de Recepción de Muestras, automatizándose la entrada de orinas a los analizadores de examen básico de orina y sedimento, y automatizando el archivo.

- La nueva gestión de muestras de orina ha reducido el número de urocultivos en un 2.9%, a pesar de que ha aumentado el examen básico de orina en un 1.55%, ya que esta es la primera prueba en el nuevo algoritmo implantado que decidirá en función de sus resultados la realización del urocultivo.

- En cuanto a los sueros, el hecho de poder disponer de las alicuotas destinadas a los laboratorios externos agiliza el envío de estas muestras.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 134

INTERCAMBIABILIDAD DE LOS VALORES DE PARATHORMONA EN DOS TIPOS DE MUESTRAS: SUERO Y PLASMA

Autor/a/s: Zapico Belloso Alicia, Tolosa Antolín Azucena, Callejo del Pozo Paz, Moreno Mayordomo Raquel, Prieto Sainz Belén

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: aliciazapico@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La parathormona (PTH) es uno de los principales reguladores de la homeostasis del calcio. Su determinación tiene especial importancia en la evaluación del hiperparatiroidismo y durante la resección de adenomas situados en las glándulas paratiroides.

OBJETIVOS:

Comprobar la intercambiabilidad de los valores de PTH entre dos tipos de muestras: suero y plasma tratado con EDTA tripotásico en frío.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron, durante Enero de 2017, 30 pacientes cuyas peticiones analíticas contenían determinación de PTH. A cada paciente se le extrajeron dos tubos, el de suero y el de EDTA para la obtención del plasma. El tubo de EDTA se mantuvo en frío desde el momento de la extracción hasta su análisis, incluyendo el tiempo de la centrifugación, mientras que el tubo de suero se trató según el procedimiento habitual a temperatura ambiente.

La determinación de PTH se realizó en ambos casos mediante electroquimioluminiscencia (ECLIA) en un COBAS e-601 (Roche Diagnostics). Se trata de una técnica sándwich con una duración total de 9 minutos.

Para la comparación de resultados se utilizó el coeficiente de correlación de Pearson y la ecuación de regresión de Passing-Bablok, mediante el programa estadístico XLStat.

RESULTADOS:

La comparación entre los resultados obtenidos en ambos tipos de muestras no mostró diferencias estadísticamente significativas.

Ambos métodos presentaron una buena correlación ($r=0,9995$) y su linealidad fue buena ($p=0,66$).

Los valores obtenidos de PTH fueron superiores en las muestras tratadas con EDTA y mantenidas en frío. Esto es probablemente debido a que el EDTA aumenta la estabilidad de la hormona, y el frío impide su rápida degradación, por lo que en los sueros se habría producido cierta pérdida de la hormona.

CONCLUSIONES:

La correlación entre ambos métodos es muy buena, por lo que los resultados serían transferibles entre ambos tipos de muestras para la técnica empleada.

El uso de muestras de suero para la determinación de PTH supondría un ahorro tanto en material como en tiempo. Sin embargo, habría que analizar si la transferibilidad técnica también lo es clínica, estratificando los resultados por tramos clínicos y aumentando el número de muestras empleadas en este trabajo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 135

UTILIDAD DEL ESTUDIO SECUENCIAL DE MARCADORES TUMORALES RESPECTO A PRUEBAS DE IMAGEN EN SEGUIMIENTO. CASO CLÍNICO.

Autor/a/s: Gómez Hoyos, Olga María; Gil Macías, Celia; Landi Moreno, Alicia

Centro de trabajo: Hospital U. Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: haziel21@hotmail.es

RESUMEN:

Los marcadores tumorales (MT) son pruebas de utilidad para el seguimiento de los pacientes diagnosticados de cáncer, según su patrón evolutivo. Las pruebas de imagen se consideran el Gold Standard para la detección de recidivas de tumores en tratamiento

OBJETIVOS:

Valorar la utilidad de los MT en el seguimiento de una paciente con cáncer de mama metastático.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Paciente de 68 años vista por primera vez en octubre de 2011 por disminución de tamaño de la mama derecha desde hacía unos años. Se realizó una mamografía, que fue normal. Las anomalías fueron progresando de forma que al elevar el brazo, la piel se fue retrayendo.

Pruebas de imagen: nódulo de 15 mm sospechoso de malignidad y lesiones óseas en esternón y dos arcos costales derechos. Se confirma un Carcinoma lobulillar infiltrante con infiltración dérmica, metástasis óseas y ganglionares. Diagnóstico: Carcinoma de Mama en estadio IV.

En el estudio inmunohistoquímico se encuentran 100% con receptores de estrógenos y un 10% de progesterona, con HER2 negativo. Se inicia tratamiento hormonal con inhibidores de la aromatasa (Exemestano 25 mg/día), Acido zoledrónico y Radioterapia.

RESULTADOS:

Mayo 2014:

Evolución del CEA en dientes de sierra, que sugiere no progresión y CA15 3 en subida constante, que indica progresión. Historia clínica: registran que los MT estaban en ligera progresión en el último año, sin datos clínicos de progreso. Continúa el mismo tratamiento.

Junio de 2015: ante la continua subida de MT se hace un reestadiaje, siguiendo igual la gammagrafía ósea y las pruebas de imagen abdominales. Sigue el mismo tratamiento y con seguimientos periódicos.

La evolución de CA 15 3 es compatible con progresión a pesar de la negatividad de las pruebas de imagen. Se comunica al oncólogo pero no se considera procedente modificar el tratamiento.

Junio de 2016: aparece clínica de astenia y dolor no controlado, siguiendo la subida de CA15 3, pero se mantiene la misma actitud clínica.

Julio de 2016: ingreso hospitalario por cuadro autolimitado de vómitos. En el TAC de abdomen se encuentra un proceso ocupante de espacio en páncreas y afectación metastásica hepática.

Julio-Septiembre 2016: Finalmente, dos años después de observarse esa subida continua del marcador y un año después de comunicar al oncólogo la certeza de una recidiva o extensión del tumor inicial, el clínico decide cambiar la terapia y se le administran tres ciclos de quimioterapia, objetivándose una marcada disminución del CA15 3.

CONCLUSIONES:

Los MT son muy útiles en el seguimiento de los pacientes en tratamiento de un tumor y pueden dar un diagnóstico de progresión o recidiva.

En nuestra paciente, la elevación continua de un marcador con dos subidas consecutivas superiores al 25% y una superior al 50% era sugestiva de una progresión que se adelantó marcadamente en el tiempo a la modificación en las pruebas de imagen.

El estudio de MT es fundamental para modificar pautas clínicas de tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 137

EL LABORATORIO DE URGENCIAS EN EL CONTROL DE CALIDAD DE LA FORMULACIÓN DE NUTRICIONES PARENTERALES

Autor/a/s: Veronica Robles Amayuelas, Belen Marcelo Miranda, Elena Ponferrada Ariza

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINIC I PROVINCIAL DE BARCELONA

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: veronica_robles19@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las soluciones parenterales (NP) son esenciales para la supervivencia de los recién nacidos prematuros (RNP) cuyos requerimientos nutricionales no pueden ser cubiertos a través del tracto gastrointestinal. Sin embargo, la nutrición parenteral también se asocia a un elevado

riesgo de efectos adversos, como infecciones o desequilibrios metabólicos, que pueden poner en riesgo a un paciente muy vulnerable. Por este motivo, cualquier error de prescripción, preparación o contaminación microbiológica podría ser fatal. Debido al manejo de volúmenes inferiores a 1 mL en la mayoría de componentes, la preparación de nutriciones parenterales en RNP sigue siendo un proceso esencialmente manual, siendo imprescindible la implantación de controles de calidad que disminuyan la probabilidad de errores y garanticen la seguridad de los pacientes.

En cuanto al producto acabado, el control gravimétrico, valorando el peso final de las bolsas con un margen de aceptación del 5-10% ha sido hasta ahora el control más extendido, sin embargo, su utilidad es bastante limitada para la detección de errores de preparación, teniendo en cuenta el pequeño volumen de la mayoría de componentes. Por ello en el año 2014 el servicio de Farmacia en colaboración con el de Bioquímica de nuestro hospital implantó un sistema rápido y sencillo para medir las concentraciones de glucosa, sodio, potasio y calcio, en nutriciones parenterales como parte del control de calidad de su proceso de formulación.

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo es evaluar el impacto en la seguridad del paciente que ha supuesto este sistema de control de calidad de las NPs tras su implantación en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Es un estudio observacional, retrospectivo en el que los datos se han obtenido a partir de la base de datos del Servicio de Farmacia usada para la prescripción de las NPs y de la información obtenida a partir del sistema informático del laboratorio SIL.

Una muestra de 5 mL de cada NP preparada en el servicio de farmacia fue enviada para su análisis al servicio de Bioquímica y a continuación los resultados se introdujeron en el SIL donde se calcularon las diferencias entre las concentraciones medidas y las esperadas. Como tolerancia máxima permitida se estableció el 10 % para todas las magnitudes estudiadas excepto para el sodio (30 %). Los resultados superiores a la tolerancia máxima permitida fueron estudiados por los neonatólogos que valoraron su posible repercusión clínica.

RESULTADOS:

Se evaluó el período de 2 años postimplantación (2014-2015), en el que se analizaron un total de 1734 muestras, correspondientes a 218 neonatos. El peso medio de los neonatos el primer día de la NP fue 1,35 kg, siendo <1kg en 94 pacientes (43%). La duración media de la nutrición parenteral fue de 7,95 días. De todos los ingredientes usados el 50% tenían un volumen inferior a 1 mL. El volumen total medio de las bolsas de NP analizadas fue de $xxx \pm SD$. Se analizaron todas las nutriciones preparadas enviando al Laboratorio de Urgencias una muestra de 5 mL. El tiempo medio de respuesta medido en el programa informático desde la recepción de la muestra en el laboratorio hasta la validación del resultado fue de 55 minutos. El coste medio por determinación se estimó en 0,25 €. De las 1734 muestras analizadas, se encontraron 58 (3,3%) resultados fuera del intervalo de aceptación para la glucosa, calcio y potasio. Aunque también se midió el sodio, no se ha considerado en el estudio debido a su amplio margen de variabilidad ($\pm 30\%$).

En 17 casos de los 58 casos el resultado fuera del intervalo se identificó como un error de transcripción al hacer la solicitud en el programa informático o bien, a un error de identificación de los pacientes al hacer la solicitud. En 34 de los 58 casos, la desviación estuvo ligeramente por encima de la tolerancia máxima permitida (entre el 10 y el 15%) y los neonatólogos no consideraron que tuviera ninguna repercusión clínica por lo que las nutriciones se dieron por buenas. Por último, los 7 casos restantes se identificaron como errores de preparación potencialmente peligrosos, por lo que se desecharon las bolsas y se procedió a la repetición de la preparación. Tres errores estuvieron relacionados con la concentración de calcio en la muestra, otros tres con la concentración de potasio, y un caso con la de glucosa.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES:

La mayoría de nuestra población está formada fundamentalmente por RNP con peso inferior a 1,5 kg, cuya indicación de nutrición parenteral es precisamente su condición de prematuridad. El elevado número de ingredientes y el pequeño volumen de la mayoría de ellos, hacen evidente la dificultad que entraña la preparación de estas mezclas. El control bioquímico de las nutriciones puede aportar un gran valor añadido al proceso de control de la formulación de las NPs, al asegurar la correcta composición de ingredientes críticos como la glucosa o el potasio. El hecho de que no sea una práctica habitual en nuestros hospitales puede ser debido a la dificultad de integrarlo en la rutina diaria o a su elevado coste, según los procedimientos de medida que se utilicen. La alternativa es frecuentemente establecer controles aleatorios en un porcentaje definido de preparaciones.

Como conclusión, el control bioquímico de glucosa y electrolitos es un método eficiente y reproducible que permite el análisis de ingredientes críticos en todas las nutriciones. Los resultados se conocen antes de la administración, lo que permite evitar que posibles errores de preparación lleguen al paciente. En nuestra experiencia de dos años, ha permitido detectar 7 errores de preparación de consecuencias potencialmente graves para los pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 140

PREVALENCIA DE LOS ISOTIPOS MONOCLONALES Y RIESGO DE PROGRESIÓN EN GAMMAPATÍAS MONOCLONALES DE SIGNIFICADO INCIERTO

Autor/a/s: Gómez Hoyos, Olga María; Gil Macías, Celia; Landi Moreno, Alicia

Centro de trabajo: Hospital U. Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: haziel21@hotmail.es

RESUMEN:

Las gammapatías monoclonales de significado incierto (GMSI) son patologías hematológicas que tienen distinto riesgo de evolución a mieloma múltiple en función de la cuantía de la paraproteína, del isotipo de la inmunoglobulina y del cociente de cadenas ligeras libres en suero (CLLs). Según el riesgo, que se valora en su detección inicial, se indica un periodo distinto de seguimiento, afectando a los costes sanitarios.

OBJETIVOS:

Estudiar la prevalencia de los distintos isotipos de inmunoglobulina en nuestra población con GMSI durante el año 2016 y los riesgos de progresión asociados a las mismas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogen los datos de todas las GMSI que se detectan durante 2016 de forma casual en los proteinogramas, especialmente su isotipo, la cuantía y los CLLs. Los proteinogramas se determinan mediante electroforesis capilar, los isotipos mediante inmunosustracción, su cuantía mediante extrapolación del componente monoclonal de la gráfica electroforética, todos en un Capillarys de Sebia, y los CLLs mediante nefelometría en un BN-II de Siemens.

Se analizan su distribución mediante el software SPSS 20.0, así como la mediana de componente monoclonal y su intervalo cuartílico (IQ). Se clasifican los CLLs como patológicos cuando se encuentran fuera del rango de referencia (0.26-1.65), bien por arriba o por abajo. Se calcula el riesgo de progresión considerando como factores de riesgo un isotipo no IgG, una cuantía superior a 1.5 g/dl y un CLLs alterado.

RESULTADOS:

Durante 2016 se detectan 146 nuevas GMSI. De todos los isotipos, el más frecuente resulta ser IgG kappa (69; 47.3%) seguido de IgG lambda (33; 22.6%), IgA kappa e IgA lambda (10; 6.8% cada una), IgM kappa (15; 10.3%) e IgM lambda (6; 4.1%). Se detectaron también una Lambda aislada, dos mixtas y tres biclonales.

Se obtuvieron un 56.2% de CLLs patológicos (82 pacientes) y sólo un 10.3% tenían un componente monoclonal superior a 1.5 g/dL. Se obtuvo una mediana de proteína monoclonal de 0.57 g/dl, con un IQ de 0.54 y un rango de 0.1 a 3.76 g/dl.

En cuanto al riesgo de progresión, el 30.8% de los pacientes presentaron un riesgo bajo, estando indicada la revisión bianual sin derivación a Hematología, un 66.4% riesgo intermedio-bajo o intermedio-alto, estando indicada derivación a Hematología y una revisión anual, y sólo un 2.7% presentó un riesgo alto de progresión, con indicación de derivación a Hematología y revisión semestral.

CONCLUSIONES:

- El estudio de los isotipos de inmunoglobulinas y su integración con otros factores de riesgo permite clasificar los pacientes según su nivel de riesgo de progresión a Mieloma múltiple y priorizar su derivación a Hematología y la periodicidad de su seguimiento. Nuestros pacientes presentan un isotipo no de riesgo en una amplia mayoría (69.9%) así como riesgos bajos o intermedios de progresión principalmente.

- El seguimiento de los pacientes adaptado a su grado de riesgo permite ahorrar costes en visitas innecesarias y optimizar su control.

- Los pacientes con riesgo bajo, casi una tercera parte, pueden ser controlados con larga periodicidad y ser asesorados acerca de la baja incidencia de progresión, lo que incide en una disminución de su angustia ante un proceso patológico, dado que su tiempo de desarrollo les va a permitir seguir una vida normal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 141

HE4 Y CA125 COMO CUANTIFICADORES DEL INDICE ROMA

Autor/a/s: Fredesvinda Mangas Gonzalez, Isabel Bravo Moral, Lorena Uña Duran, Alicia de la Prieta Bartolomé

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA CONCHA

Localidad: ZAMORA

Correo electrónico del primer firmante: fredesmangas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer epitelial de ovario es la segunda neoplasia más frecuente del aparato genital femenino tras el cáncer de endometrio. Sin embargo, es la principal causa de mortalidad por cáncer ginecológico. Representa el tumor ginecológico más letal, pero puede llegar a curarse con un diagnóstico precoz; para la determinación en el laboratorio se emplea la cuantificación sérica de los marcadores HE4 Y CA125.

- PROTEÍNA EPIDIDIMAL HUMANA (HE4): es una proteína de 11KDa precursora de la proteína E4 secretada por el epidídimo. Pertenece a la familia de las proteínas ácidas séricas, inhibidoras de tripsina involucradas en la función inmunitaria.

- ANTIGENO CA125: es una glicoproteína de elevado peso molecular (200-1000kD) presente en las estructuras derivadas de los conductos de Müller y mesotelios. Constituye un marcador tumoral del grupo definido por hibridomas. Además de entre otros tumores, se detecta en suero de pacientes con cáncer de ovario epitelial.

OBJETIVOS:

El Algoritmo del riesgo de malignidad ovárica (ROMA) permite clasificar a las pacientes en la categoría de alto o bajo riesgo de detectar cáncer de ovario. Es un cálculo matemático que utiliza valores séricos de CA125 y HE4, la edad de la mujer y el estatus menstrual (Pre y Posmenopáusico).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realiza un inmunoanálisis de electroquimioluminiscencia en el autoanalizador COBAS e602 a 429 sueros para la determinación cuantitativa de los niveles de HE4 (pmol/L) y CA25 (UI/ml) junto con el Índice Roma (algoritmo de malignidad ovárica

RESULTADOS:

Se utilizan los siguientes puntos de corte:

- Valores normales HE4 en mujeres premenopáusicas hasta 70 pmol/L
- Valores normales HE4 en mujeres posmenopáusicas hasta 140 pmol/L
- Valores normales de CA125 0-35 U/ml

ÍNDICE ROMA EN MUJERES PREMENOPÁUSICAS:

V. ROMA \geq 11.4%: alto riesgo de detectar cáncer ovárico epitelial.

V. ROMA $<$ 11.4%: bajo riesgo de detectar cáncer ovárico epitelial.

ÍNDICE ROMA EN MUJERES POSTMENOPÁUSICAS

V. ROMA \geq 29.9%: alto riesgo de detectar cáncer ovárico epitelial.

V. ROMA $<$ 29.9%: bajo riesgo de detectar cáncer ovárico epitelial.

Se analizaron un total de 429 sueros en el año 2016 de los cuales 238 son de mujeres mayores de 50 años (posmenopáusicas) el 74.37% dieron valores negativos, siendo el 29,83% restante positivo. Los 191 sueros restantes corresponden a mujeres menores de 50 años (premenopáusicas) obteniéndose un 67,02% de resultados negativos frente a un 38,98% de positivos.

CONCLUSIONES:

La combinación de los dos marcadores tumorales HE4 y CA125 puede predecir con más precisión la probabilidad de riesgo de padecer un tumor maligno, que si los marcadores se aplican por separado.

Según los resultados obtenidos el algoritmo del riesgo de malignidad ovárica (ROMA) es mayor en mujeres posmenopáusicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 144

EVALUACIÓN DEL CONTROL DIABÉTICO EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 EN NUESTRA ÁREA SANITARIA

Autor/a/s: Gómez hoyos, Olga María; Landi Moreno, Alicia; Gil Macías, Celia; Rico Rodríguez, Marta

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: haziel21@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La diabetes mellitus tipo 2 (DM2) se ha convertido en uno de los más graves problemas sanitarios de nuestro tiempo. La elevación crónica de los valores de glucosa en la sangre, incluso en ausencia de síntomas, conlleva lesiones en múltiples tejidos, especialmente, los pequeños vasos de la retina, los riñones y los nervios periféricos. Una de las mejores herramientas para el control de estos pacientes, es la determinación de la hemoglobina glicada (HbA 1 c), que refleja el control glucémico de los tres últimos meses aproximadamente. Además es uno de los parámetros utilizados para el cambio de tratamiento y administración de insulina exógena.

OBJETIVO:

Conocer el grado de control glucémico de los pacientes con DM2 en nuestra área sanitaria, así como el perfil epidemiológico de la misma durante el periodo comprendido entre enero y diciembre del 2015.

MATERIAL Y MÉTODOS:

A través de Omnimium 5 de Roche Diagnostics obtenemos las peticiones del año 2015 en las que se solicitó HbA 1 c, junto a datos demográficos. Eliminamos aquellas muestras en las que no se pudo realizar la determinación de HbA 1 c por falta de muestra o encontrándose esta coagulada y aquellas repetidas para un mismo paciente. Los niveles de HbA 1 c se determinaron mediante inmunoensayo turbidimétrico de inhibición para sangre completa hemolizada, expresándose los resultados en % (según DCCT/NGSP) en el analizador cobas c-501 de Roche Diagnostics. Se realizaron dos grupos para posterior estudio estadístico: pacientes con buen control (HbA 1 c $<$ 6.5%) y pacientes con mal control (HbA 1 c \geq 6.5%). Utilizamos el paquete estadístico SPSS versión 15.0 para Windows.

RESULTADOS:

Durante el año 2015, recibimos 17671 peticiones de pacientes diabéticos en los que se solicita la determinación de la HbA 1 c, de ellos 9521 (53.9%) son mujeres y 8150 (46.1%) son hombres. Estratificando por edad, encontramos que en mayores de 65 años, se encuentra la mayor parte de la población diabética femenina, con 5003 mujeres (52.5%); mientras que en hombres la DM es mayoritaria en la franja comprendida entre 18 y 65 años, con 4395 (53.9%). En la tabla se exponen los resultados referentes al control diabético.

	Franjas de edad	Nºpacientes con HbA1c $<$ 6.5%	Nºpacientes con HbA1c \geq 6.5%
Mujeres	<18 años	44 (72.1%)	17 (27.9%)
	18-65 años	2915 (65.4%)	1542 (34.6%)
	>65 años	2546 (50.9%)	2457 (49.1%)
Hombres	<18 años	25 (58.1%)	18 (41.9%)
	18-65 años	2627 (59.8%)	1768 (40.2%)
	>65 años	1927 (51.8%)	1790 (48.2%)

CONCLUSIONES:

No se detectan diferencias significativas entre sexos al valorar el control diabético mediante HbA 1 c. Se detectan diferencias significativas entre el grupo de edad $<$ 18 años y el resto de las franjas de edades; esto podría deberse a la asociación de la DM2 con la obesidad, dieta, inactividad física y al síndrome metabólico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 158

ESTUDIO DE LA INTERCAMBIABILIDAD DE RESULTADOS DEL EXAMEN BÁSICO DE ORINA ENTRE DOS ANALIZADORES COBAS® 6500 U601

Autor/a/s: Carrasco Zafra, Mónica; Egea Salvador, Carmen; García Méndez Sonia

Centro de trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls

Correo electrónico del primer firmante: ica_carrasco@yahoo.es

INTRODUCCIÓN:

Dentro de los cambios tecnológicos previstos para el año 2016 en el área de Bioquímica de Catlab, estaba contemplada la puesta en marcha de un sistema preanalítico cobas® p512 (Roche Diagnostics), que gestiona las muestras de orina en esta primera fase antes de ser procesadas en los dos analizadores cobas® 6500 de Roche Diagnostics de forma indistinta. El cobas® 6500 está compuesto por dos unidades, la u601 que realiza el examen básico de orina y la u701 que realiza el sedimento de orina. Por lo tanto, se debía realizar la validación de dichos analizadores, que incluye entre otras cosas la comparación de resultados de pacientes, ya que las muestras de orina se procesan en ambos analizadores. Catlab tiene acreditado el examen básico de orina según la Norma UNE-EN ISO 15189:2013, debiendo garantizar, para una misma magnitud procesada en 2 analizadores, en este caso iguales, que los resultados sean intercambiables y tengan la misma calidad analítica.

OBJETIVOS:

Comprobar la intercambiabilidad de los resultados de las pruebas que forman parte del examen básico de orina que se procesa en el cobas® 6500 u601.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han comparado los resultados de 40 muestras de orina aleatoria de pacientes de Atención Primaria y hospitalizados.

Las muestras se han procesado por dos equipos: cobas® 6500 u601-1 y cobas® 6500 u601-2 de Roche Diagnostics.

Se han estudiado 10 magnitudes: Sangre (ERY/Hb), Leucocitos (LEU), Nitrito (NIT), Cuerpos cetónicos (KET), Glucosa (GLU), Proteína (PRO), Urobilinógeno (UBG), Bilirrubina (BIL), pH, Densidad (DEN)

Se construyeron tablas de contingencia para estudiar la concordancia. EL análisis estadístico utilizado ha sido el índice Kappa; con el programa Vassarstat®. El criterio para clasificar los resultados de la concordancia es el de Landis i Koch(1977).

RESULTADOS:

Los resultados obtenidos son los siguientes:

	ERY/ Hb	LEU	NIT	KET	GLU	PRO	UBG	BIL	pH	Den
Índice Ka- ppa	0.858	0.889	1	1	1	1	1	0.634	0.889	0.664

CONCLUSIONES:

Existe una buena concordancia de resultados entre los dos analizadores en todas las pruebas que componen el examen básico de orina, por lo que ambos analizadores pueden ser utilizados de forma indistinta.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 174

EVALUACIÓN DE LA IMPLANTACIÓN DEL ESTUDIO DE DROGAS DE ABUSO

Autor/a/s: Romero García, María Luisa; Baños Godoy, Adela; Virlán Bohorquez, Rocío

Centro de trabajo: H.U. Virgen del Rocío

Localidad: Sevilla

Correo electrónico del primer firmante: marisaromga@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Dentro del III Plan Andaluz sobre Drogas y Adicciones se enmarca un modelo de atención integrada a la demanda derivada del consumo de drogas y otras adicciones y se estructura en diferentes fases entre las que se encuentra el seguimiento del tratamiento. La puerta de entrada se realiza a través del canal de recursos de la red asistencial. Por indicación de la Secretaría General de Salud Pública, en Mayo de 2014 comenzamos a realizar las analíticas de metabolitos de drogas de abuso en los Laboratorios de la Red, dejando de realizarse por los Laboratorios Provinciales de Salud Pública.

OBJETIVOS:

Evaluación de la puesta en marcha de los protocolos y actuaciones dentro de nuestro Laboratorio para adaptarnos a esta Resolución y valoración de indicadores de mejoras.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Comenzamos en Junio de 2014 preparando el nuevo protocolo. Al asumir todas las determinaciones de metabolitos anteriormente realizadas en el Laboratorio Provincial debemos adaptar estas técnicas a nuestro sistema de trabajo, tanto a los autoanalizadores como en nuestro SIL.

En la Primera fase se diseñó junto con el Coordinador Provincial la solicitud de petición de controles analíticos a evaluar ya que no se utilizaba anteriormente. También se les remiten instrucciones de identificación de muestras y solicitudes junto con el material a utilizar. Se informa de las restricciones definidas en cuanto al nº total de controles autorizados por año.

En paralelo se realiza en nuestro Laboratorio la inclusión de las técnicas de los metabolitos a analizar y en nuestro SIL. Realizamos una adaptación de nuestros protocolos a los requerimientos propios de este tipo de controles, tanto en el registro de datos demográficos como en la emisión de informes dada la necesidad de confidencialidad de los estudios.

En una segunda fase se comenzó a trabajar en el diseño de la solicitud que se adapta a los requerimientos de confidencialidad y que hacen posible su procesamiento de forma automatizada. En paralelo se crearon dos bases de datos para estos pacientes, nFIBAT y CODA-PEL para los menores de edad.

RESULTADOS:

Recibimos controles de 22 CTA, las muestras deben recibirse congeladas y se realizan técnicas semicuantitativas sujetas a Controles de Calidad Externos.

En 2014 recibimos 1659 muestras desde Julio hasta Diciembre y se comunicaron un total de 20 incidencias, quedando sin resolver 7 muestras.

En 2015 recibimos 4206 muestras y se comunicaron un total de 60 incidencias, quedando sin resolver 9 muestras.

En 2016 recibimos 3484 muestras y se comunicaron un total de 52 incidencias, quedando sin resolver 20 muestras

CONCLUSIONES:

A pesar de que el protocolo de estas muestras es totalmente diferente del habitual se ha integrado sin problemas en nuestra sistemática de trabajo.

Gracias a la colaboración de los Coordinadores provinciales se han resuelto la mayoría de las incidencias satisfactoriamente y hemos conseguido el objetivo de dar resultados analíticos adaptándonos a los requerimientos de confidencialidad.

Como áreas de mejoras detectamos la emisión de informes de forma automatizada y directamente desde nuestro SIL sin realizar envíos manuales.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 176

DISMINUCIÓN DE ERRORES GRACIAS A LA AUTOMATIZACIÓN DE LA FASE PREANALÍTICA

Autor/a/s: López Montero, María Estibaliz; Moriana Alcaide, María del Rocío; Consuegra del Pozo, Rafael Carlos

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: alchares@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La automatización y mecanización del trabajo de laboratorio y el procesamiento de muestras permite aumentar la calidad y rapidez de respuesta. Los auto-analizadores son capaces de reconocer las muestras, identificadas mediante código único, a través de un lector láser. Los errores pre-analíticos son los principales responsables del retraso en la elaboración de informes de resultados.

OBJETIVOS:

El objetivo de ese trabajo fue conocer la disminución del porcentaje de errores pre-analíticos y el tiempo de respuesta en el laboratorio, tras la automatización de la gestión de muestras.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se contabilizó el número de errores cometidos en relación a los datos demográficos, el número de historia clínica del paciente, el código de identificación del tubo y el etiquetado, tanto en el año 2009, en el que la gestión de muestras era manual, y en el año 2015, en el que la gestión ya estaba automatizada. Las muestras se gestionaron mediante el escáner de peticiones mutAG HCTS2000, que consistía en un lector de códigos de barras para la clasificación y distribución de las muestras a las distintas secciones del laboratorio. Los tubos mal etiquetados o con errores en la gestión se separaron del resto. Los resultados se representaron gráficamente mediante diagramas de barras.

RESULTADOS:

En relación a los datos demográficos se registró un 30% de errores en el año 2009, siendo el porcentaje de error en el año 2015 del 5%. En relación al número de historia clínica, el porcentaje de error fue del 26% en el año 2009 y del 5% en el año 2013. El porcentaje de error registrado en relación al código numérico de identificación fue del 22% en el año 2009 y del 1% en el año 2015. Finalmente, el porcentaje de error de etiquetado de muestras en el año 2009 fue del 22% y del 20% en el año 2015.

CONCLUSIONES:

La clasificación de las muestras de forma automatizada disminuye la mayoría de los errores de la fase pre-analítica. Sin embargo, el error en el etiquetado persiste en el tiempo. Este hallazgo se debe a que el etiquetado de muestras aún se realiza de forma manual. Sería necesario automatizar el etiquetado de muestras para disminuir el porcentaje de errores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 177

IMPORTANCIA DE LA MONITORIZACIÓN DEL METOTREXATO PLASMÁTICO

Autor/a/s: López Montero, María Estibaliz; Moriana Alcaide, María del Rocío; Consuegra del Pozo, Rafael Carlos.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: alchares@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El metotrexato es un fármaco utilizado para el tratamiento de enfermedades neoplásicas y autoinmunes. Se trata de un metabolito que posee actividad antiproliferativa e inmunosupresora, pues inhibe competitivamente la dihidrofolato reductasa, enzima clave en el metabolismo del ácido fólico. En adultos, la absorción oral parece ser dosis-dependiente, y su eliminación se produce a través de la orina y depende tanto de la dosis como de la vía de administración. Los casos de sobredosis se tratan con leucovorina, análogo del ácido fólico.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio fue analizar la farmacocinética del metotrexato de tres pacientes trasplantados con progenitores hematopoyéticos, procedentes de la consulta de Hematología del Hospital Universitario Reina Sofía, para conocer el momento óptimo de administración de leucovorina, en caso necesario.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se tomaron muestras de sangre de tres pacientes tratados con metotrexato a distintas horas tras la administración del fármaco: 2, 12, 24, 36, 42 y 63 horas. La cuantificación de niveles plasmáticos de metotrexato se realizó en el equipo TOX FLX Abbot Diagnostics, cuyo principio se basa en inmunofluorescencia polarizada.

RESULTADOS:

De entre los tres pacientes analizados, encontramos que en dos de ellos la dosis máxima se alcanzó a las 12 horas tras la administración del fármaco (57,30 y 95,6 Umol/L), mientras que en el tercero, la dosis máxima se alcanzó a las 24 horas tras la administración del fármaco (81,09 Umol/L). A partir de las 36 horas después de la administración del fármaco, los niveles plasmáticos de metotrexato descendieron por debajo de las 2 Umol/L en los tres pacientes.

CONCLUSIONES:

La concentración plasmática de metotrexato varía entre individuos, siendo necesaria una monitorización estricta del fármaco para detectar picos de concentración y poder administrar la leucovorina en caso de que fuera necesario. Sería conveniente aumentar el número de pacientes analizados para establecer un rango concreto de dosis máxima.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 183

ETIOLOGÍA DE LA ASCITIS

Autor/a/s: Cristina Caldito Cid y Sandra García Montaña

Centro de trabajo: Consocio de Laboratorio Intercomarcal de l'Alt penedes, l'Anoia y el Garraf

Localidad: Igualada

Correo electrónico del primer firmante: cris_77783@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El líquido ascítico (LAS) es un líquido seroso corporal derivado del plasma y se encuentra en la cavidad abdominal, formada por una membrana serosa parietal y visceral constituida por tejido conjuntivo, capilares, vasos linfáticos y una capa superficial de células mesoteliales.

La ascitis suele ser una consecuencia de una enfermedad hepática, sobre todo la cirrosis hepática (vírica o alcohólica). El mecanismo de formación de ascitis más frecuente es la hipertensión portal.

La ascitis también puede presentarse en enfermedades no relacionadas con el hígado como por neoplasias, la pancreatitis, la insuficiencia cardíaca, la insuficiencia renal, síndrome nefrótico y la tuberculosis.

Expondremos a través de gráficos el porcentaje de líquido ascítico con diferentes enfermedades de base, en la comarca del Anoia en un periodo de dos años estudiados (2015-2016) a partir de su recuento celular positivo y posterior cultivo diferenciando el porcentaje de positivos y negativos, en pacientes visitados en el servicio de urgencias del Hospital de Igualada.

OBJETIVOS:

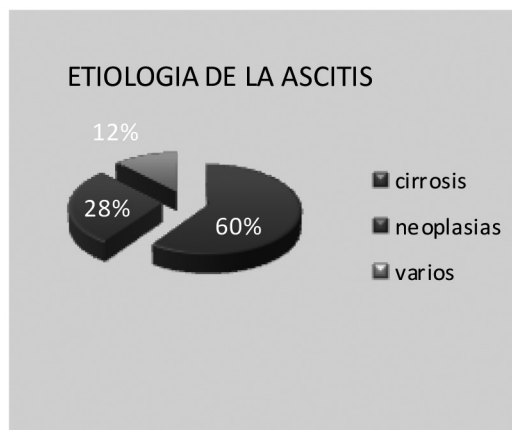
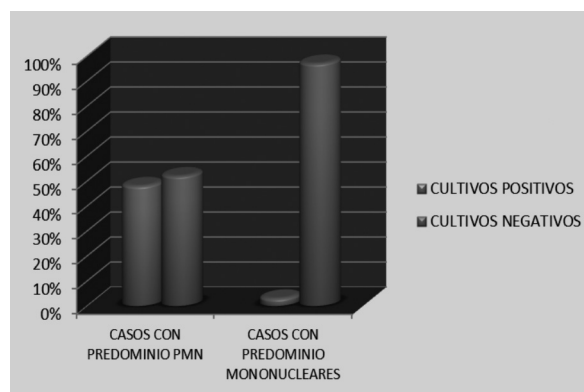
Determinar el porcentaje de enfermedades de base que pueden ocasionar un aumento de líquido ascítico en la comarca de la Anoia, en un periodo de 2 años estudiados.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para el estudio se ha contabilizado un total de 209 líquidos ascíticos remitidos al laboratorio para el recuento leucocitario y cultivo microbiológico si procediera.

- Líquido abdominal extraído por paracentesis con jeringa heparinizada en condiciones estériles.
- Cámara de Neubauer
- Tinción de May-Grünwald-Giemsa, para la diferenciación de leucocitos polimorfonucleares y mononucleares
- Cultivo: Agar Sangre, Agar Columbia CNA, Agar McConkey y Thioglicolato, con una incubación de 5 días a 37°C. de los que resultaron siendo positivos, se procedió a la identificación y antibiograma del microorganismo. (MICROSCAN Walk Away 96)

RESULTADOS:



De los 57 casos con conteo positivo se observan 14 con cultivo microbiológico positivo. En 13 de ellos el recuento leucocitario muestra un predominio claro de polimorfonucleares versus 1 caso que muestra elevación de mononucleares, que pertenece a un paciente con un neoplasma de mama con metástasis peritoneal.

En el estudio de los 209 LAS observamos que de los 57 casos con conteo celular >250 leu/mm³, hay 34 pacientes con enfermedad de base cirrosis, 16 con neoplasias y 7 pacientes con distintas enfermedades (Insf. Cardíaca e Insf. Respiratoria)

CONCLUSIONES:

La importancia del estudio de LAS es la diferenciación del recuento celular entre polimorfonucleares y mononucleares para determinar si hay un proceso bacteriano o un proceso inflamatorio debido a otra causa. Cuando en el recuento hay un aumento de leucocitos polimorfonucleares nos indicarían una posible infección bacteriana, por el contrario si el predominio es de mononucleares nos orientaría a otra posible causa no bacteriana.

De acuerdo con la literatura, en nuestro estudio se puede observar que la etiología principal de la ascitis es la cirrosis hepática, seguido de las neoplasias.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 189

ESTUDIO DE LCR EN PACIENTE CON DOLOR DORSAL Y ANTECEDENTES DE CARCINOMA DE OVARIO

Autor/a/s: Isabel López Sánchez, Paloma Salas Gómez-Pablos

Centro de trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls

Correo electrónico del primer firmante: brujilla-5@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El líquido cefalorraquídeo (LCR) es un fluido incoloro metabólicamente activo y dinámico. Su análisis es fundamental para el diagnóstico de enfermedades neurológicas o infecciosas que afectan al cerebro, la médula espinal y las meninges, así como en la evolución de la hemorragia subaracnoidea y en las metástasis leptomeningeas.

Se presenta el caso de una paciente de 61 años con antecedentes de carcinoma de ovario y metástasis leptomeningeas, actualmente en tratamiento con radioterapia. Acude a urgencias con pérdida de sensibilidad en la parte izquierda del cuerpo y en la zona genital, además de falta de control esfínteres. Desde hace meses presenta fuerte dolor en la zona dorsal de la columna vertebral compatible con el síndrome de cola de caballo.

Se le realiza una radiografía vertebral observándose fractura de vértebras D12 Y L2.

Se estudia el LCR.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Muestra de LCR en tubo estéril
- Cámara de recuento de Fuchs-Rosenthal
- Analizador cobas® 6000 módulo c501 (Roche Diagnostics)
- Citocentrífuga Heraeus® Labofuge 400
- Tinción May-Grunwald-Giemsa

RESULTADOS:

Examen macroscópico del LCR: Ligeramente xantocrómico y claro

Examen microscópico: Eritrocitos 2 / μ L Leucocitos 4 / μ L

Estudio bioquímico : Glucosa 0.46 mmol/L (8.3 mg/dl) Proteína: 2.57 g/L

En nuestro laboratorio el recuento diferencial mediante citocentrifugación en LCR para adultos se realiza cuando la concentración de leucocitos es superior a 30/ μ L. En principio, en esta paciente no procedería la revisión la morfología celular del líquido. Sin embargo, se observan en fresco algunos acúmulos celulares anormales por lo que

se decide realizar la citocentrifugación y posterior tinción.

Una vez teñida la extensión, se observan grupos de células grandes con elevada relación núcleo/citoplasma y marcada basofilia. El núcleo es de tamaño grande con cromatina laxa e inmadura. Los núcleos celulares se agrupan dentro de la misma célula formando sincitios. Se observan células en anillo de sello siendo todo el conjunto sugestivo de malignidad.

En el informe se describen estas células recomendando el estudio por anatomía patológica

En cuanto a la bioquímica cabe destacar una glucosa llamativamente baja y unas proteínas muy elevadas, datos que pueden encontrarse también en procesos neoplásicos.

CONCLUSIONES:

Desde el laboratorio de urgencias se orienta el caso hacia un proceso neoplásico que posteriormente es confirmado por el laboratorio de anatomía patológica que informa células neoplásicas compatibles con Adenocarcinoma. La paciente es diagnosticada de carcinoma tisis meníngea.

Al detectar este tipo de células desde el laboratorio de urgencias se ayuda a un diagnóstico precoz de la paciente y como consecuencia a una rápida orientación clínica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 193

EVALUACIÓN DE LA PRÁCTICABILIDAD DEL ANALIZADOR DE SISTEMÁTICO Y SEDIMENTO DE ORINAS(AUTION-MAX Y SEDI-MAX)

Autor/a/s: Gallardo Godoy Antonia, Martínez Balbín Elena, María Heredia Jimenez, Martínez Palacios Gregorio, Balbín Aranega María Catalina, Gonzalez Gallardo Ana.

Centro de trabajo: Hospital Universitario San Agustín

Localidad: LINARES

Correo electrónico del primer firmante: tonigallardo1974@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Queremos establecer criterios de eficacia como la fiabilidad y practicabilidad de un analizador AUTION-MAX AX-4030 (Sistemático) y SEDI-MAX-2 (Sedimento).

La fiabilidad que es la capacidad que tiene un analizador para mantener buena calidad analítica a lo largo del tiempo.

La practicabilidad se trata de criterios subjetivos que deben valorarse desde el punto de vista de cada usuario según las características de cada laboratorio, necesidades y medios de los que se dispongan.

OBJETIVOS:

Los principales objetivos son conseguir la total fiabilidad y practicabilidad del nuevo analizador Aution-Max y Sedi-Max 2 en este laboratorio y la comprobación de que estos dos analizadores unidos por un puente realizan el trabajo en cadena evitando así la manipulación de las muestras y por ende su contaminación.

MATERIAL Y MÉTODOS:

AUTION-MAX AX 4030: Método Colorimetría con tiras reactivas una por cada muestra.

SEDI-MAX 2: Método Microscopía con cubetas de reacción una por cada muestra.

Analizador AUTION-MAX AX 4030 encadenado con el analizador SEDI-MAX 2. Se evalúa el entorno, organización de trabajo, versatilidad y flexibilidad, controles de seguridad, formación del personal y por último mantenimiento y costes de este mantenimiento.

RESULTADOS:

Se aplicaron los criterios para la evaluación de la practicabilidad según el documento de consenso recomendado por la Sociedad Española de Química Clínica.

Obteniendo resultados más rápidos y fiables, optimizando tiempos y recursos personales.

CONCLUSIONES:

Que las ventajas con respecto al anterior analizador es que éste es más preciso porque utiliza la microscopía automatizada (utiliza una cubeta de reacción por cada muestra) mientras tanto el anterior utilizaba la citometría de flujo y era más probable que existiera un problema de arrastre de células, motivo por el cual el sedimento no era tan preciso.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 201

LEPTINA, ADIPONECTINA Y ENFERMEDAD CARDIACA

Autor/a/s: FERNÁNDEZ MARTÍNEZ, MARÍA MERCEDES; ROMERO GARCÍA, PAULA; CASADO HERNÁNDEZ, MARÍA DEL CARMEN; BENITO PÉREZ, MARÍA ESPERANZA; MATAS LLORENTE, PIEDAD; GONZÁLEZ MARTÍN, SOFÍA; GEA LÓPEZ, MARÍA FERNANDA; HERNÁNDEZ CERCEÑO, MARÍA LUISA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: mercesofi@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Propéptido natriurético de tipo B N-terminal (proBNP) es un marcador de insuficiencia cardiaca, sobre todo, insuficiencia ventricular izquierda y cardiopatía coronaria. La adiponectina es una adipocitocina que regula el metabolismo energético estimulando la oxidación de ácidos grasos y mejora el metabolismo de la glucosa mediante un aumento de la sensibilidad a la insulina. La leptina es una adipocitocina que se produce en el tejido adiposo y que es proporcional a la cantidad que de este tejido existe en el organismo; su aumento disminuye el apetito, siendo un factor regulador del peso corporal. En caso de obesidad se produce una resistencia a la leptina, lo cual puede llevar a síndrome metabólico y morbilidad.

OBJETIVO:

Poner de manifiesto la influencia negativa de los valores altos de leptina sobre la enfermedad cardiaca y la influencia positiva de la adiponectina sobre dicha enfermedad, tomando como medida de mala evolución la elevación de proBNP en un periodo de tiempo determinado.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudió una muestra de 31 pacientes procedentes de la consulta de Cardiología del Hospital Universitario de Salamanca con diferentes grados de cardiopatía, a los que se les realizó las determinaciones de proBNP, leptina y adiponectina. La determinación de proBNP se realizó por electroquimioluminiscencia en COBAS 601 de ROCHE y la leptina y adiponectina por enzoinmunoensayo de MEDIAGNOST en DS2 (Palex) distribuido por VITRO. Los cálculos se realizaron con paquete estadístico SPSS 18.0.

RESULTADOS:

Inicialmente, junto con leptina y adiponectina, se hicieron mediciones de proBNP dando una mediana = 1562ng/l, P10=313.82, P90=6420. De forma secuencial se midió el proBNP y se consideró evento de mala evolución cuando éste aumentó en un 50% sobre la cantidad inicial. Hicimos curva de supervivencia para un cut off de leptina >20µg/l y se observó que aparecía una elevación de proBNP del 50% y una mala evolución de la enfermedad con mayor frecuencia que en los pacientes que tenían leptina < 20µg/l, aunque no llegaba a ser significativa, p=0.018; suponemos que con un intervalo de tiempo mayor acabará siéndolo. Asimismo hicimos curva de supervivencia para la adiponectina con cut off por encima de 26µg/l, resultando una mejor evolución de los pacientes que cuando estaban por encima de éste valor, aunque no era significativa, p=0.325.

CONCLUSIONES:

Un valor de leptina elevado va unido a una mayor cantidad de tejido adiposo (posible obesidad) y predispone al paciente a sufrir una mala evolución de la enfermedad cardiaca, mientras que los niveles elevados de adiponectina son protectores y favorecen la buena evolución.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 209

CRISIS HIPERCALCEMICA SECUNDARIA EN PACIENTE HEMATOLOGICO

Autor/a/s: MARIA DEL PILAR ORTIZ MARTIN-SERRANO, RAQUEL RAYA LLAMAS, CARMEN DE LA FUENTE HUERGA, MARIA DE LOS ANGELES BALMASEDA SERRANO, ANA BELEN ROSO CAÑADILLAS

Centro de trabajo:HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO CIUDAD REAL

Localidad: CIUDAD REAL

Correo electrónico del primer firmante: (portizms@hotmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Se habla de hipercalcemia cuando se detectan niveles de calcio por encima de 11mg/dL y de calcio iónico superiores a 1.3mL/L.

En su mayoría se relacionan con enfermedades malignas (leucemia, linfoma, mieloma múltiple, cáncer de pulmón, mama&), pudiendo ser debidas a metástasis productoras de Paratohormona (PTH) o factor activador de osteoclastos. Las crisis hipercalcémicas se caracterizan por tener niveles de calcio mayores de 15mg/dL.

El paciente tiene una analítica inicial en la que destaca una leucocitosis con desviación izquierda, anemia microcítica asociada a ferropenia, hiperuricemia y aumento de LDH que duplica el valor superior de referencia. Con éstos resultados se sugiere desde el laboratorio la posibilidad de que el síndrome constitucional, que sufre el paciente, se deba a una neoplasia oncohematológica. Se estudió al paciente por el servicio de hematología, llegando a un diagnóstico definitivo de Linfoma difuso de células grandes B (LDCGB).

OBJETIVO:

Determinar linfoma difuso de células grandes B tras crisis hipercalcémica secundaria.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En la analítica inicial destaca una leucocitosis con desviación izquierda, anemia microcítica asociada a ferropenia, hiperuricemia y aumento de LDH que duplica el valor superior de referencia. Con éstos resultados y con los hallazgos encontrados en la exploración física, se sugiere desde el laboratorio la posibilidad de que el síndrome constitucional, que sufre el paciente, se deba a una neoplasia oncohematológica.

Se estudió al paciente por el servicio de hematología, llegando a un diagnóstico definitivo de Linfoma difuso de células grandes B (LDCGB).

RESULTADOS:

Se realizó una seriación de los niveles del calcio y de PT, siendo los niveles del calcio: 17.6mg/dL, 15.8mg/dL, 9.7mg/dL y 7mg/dL (valor de referencia (VR): 8.1-10.5mg/dL); y los niveles de PT: 4.9g/dL, 4.6g/dL, 5g/dL, 4.5g/dL (VR: 6.5-8g/dL) respectivamente.

Ante esta sintomatología y los resultados del calcio y PT se realiza estudios de vitamina D y PTH, cuyos resultados fueron: 25-OH-Vitamina D=3.44ng/mL (VR: 31-80ng/mL), 1,25-diOH-Vitamina D =23pg/mL (VR: 25-66pg/mL), PTH intacta indetectable, proteína relacionada con la PTH indetectable.

CONCLUSIÓN:

Los resultados de Vitamina D y PTH detectaron que el paciente sufría un déficit de Vitamina D, con una PTH intacta indetectable, lo que descartaba que el origen de la crisis hipercalcémica se debiera a un tumor paratiroideo o a una sobredosis de Vitamina D, dejando como más evidente la conclusión de que la crisis hipercalcémica fue secundaria al mismo linfoma, el cual estaba destruyendo hueso y provocando esa hipercalcemia maligna.

EL PAPEL DEL LABORATORIO DE URGENCIAS EN EL DIAGNÓSTICO DE LA SEPSIS

Autor/a/s: RAQUEL RAYA LLAMAS, ELENA BUCES GONZALEZ, CARMEN DE LA FUENTE HUERGA, SONIA BOCHARAN OCAÑA, VICENTE MORALES ELIPE

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO GENERAL DE CIUDAD REAL
Localidad: CIUDAD REAL

Correo electrónico del primer firmante: raquelrayallamas@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La sepsis es, en la actualidad, la primera causa de muerte en las unidades de cuidados intensivos (UCI) no coronarias y aunque el diagnóstico sigue siendo principalmente clínico se necesitan marcadores que ayuden a distinguir una reacción inflamatoria de un proceso infeccioso.

La proteína C reactiva (PCR) y el recuento de leucocitos han sido utilizados como marcadores de infección durante muchos años pero cada vez más se está utilizando también la procalcitonina (PCT).

Los leucocitos son producidos por el sistema hematopoyético además de, en cantidad necesaria para realizar las funciones fisiológicas, manteniendo una reserva celular en la médula ósea que puede ser movilizada en la infección pero también en la inflamación. La PCR es un reactante de fase aguda clásico con síntesis principalmente hepática en respuesta tanto a procesos infecciosos como a procesos inflamatorios y de daño tisular mientras que la PCT es una prohormona de la calcitonina que en infecciones graves es inducida por toxinas del microorganismo o indirectamente por citoquinas proinflamatorias por lo que se considera una prueba diagnóstica de la infección de causa bacteriana. En general, concentraciones de PCT menores de 0,5 ng/mL indican que la bacteriemia no es probable. El rango entre 0,5 y 2 ng/mL constituye la zona indeterminada para el diagnóstico del proceso infeccioso. Concentraciones por encima de 2 ng/mL identifican pacientes con alto riesgo de progresión a una sepsis severa y concentraciones plasmáticas mayores de 10 ng/mL indican una alta probabilidad de una sepsis severa o choque séptico.

OBJETIVO:

El objetivo del trabajo es estudiar estos 3 marcadores de infección para valorar el papel del laboratorio de urgencias en el diagnóstico de la infección bacteriana.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hicimos una estadística con el programa Sistema Informático para la Gestión de Laboratorios (SIGLO) de Horus del mes de enero de 2017 con todas las muestras enviadas al laboratorio de urgencias que tuvieran hemograma, proteína C reactiva (PCR) y PCT.

RESULTADOS:

De un total de 1123 casos filtramos las muestras que tuvieran un marcador biológico de infección positivo: leucocitos totales <4 o >10 miles/micrL, nos salieron 554 positivos o con PCR < 1 mg/dL, nos dieron 461 muestras.

De estas muestras positivas con posible sepsis analizamos la PCT, parámetro que descarta o no la infección bacteriana. Sólo en 75 paciente se confirmó el diagnóstico con valores de PCT > 10 ng/mL, 27 tuvieron valores entre 2-10 ng/mL y 30 tuvieron valores entre 0.5-2 ng/mL, con un moderado riesgo de progresión a infección severa por lo que se recomienda monitorizar a las 6-24h.

CONCLUSIONES:

Los valores de la PCT es una prueba muy solicitada en el laboratorio de urgencias como prueba complementaria en el diagnóstico de sepsis a la clínica del paciente, al hemograma y a la PCR.

ESTUDIO DE SANGRE OCULTA EN HECES REALIZADOS EN EL HOSPITAL COMARCAL "SAN AGUSTIN" DE LINARES EN 2016

Autor/a/s: Luque Jimenez Alfonso Javier, Lopez Ruiz Francisco, Garcia Guzman Francisca, Martinez Nájera Josefa, Molina Sanchez Pedro Francisco.

Centro de trabajo: Hospital San Agustín de Linares
Localidad: Linares (Jaen)

Correo electrónico del primer firmante: aljaluji76@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La prueba de sangre oculta en heces se utiliza para la detección de residuos de sangre no visibles en las heces de un individuo. Esta sangre puede proceder de cualquier nivel de tubo digestivo. La sangre oculta en heces es con frecuencia el único signo de alarma de enfermedades Colo-rectales. Esta prueba se realiza como parte de un chequeo de rutina y se utiliza principalmente con finalidades de detección del cáncer de colon.

OBJETIVO:

Estudio descriptivo de valores positivos y negativos de sangres oculta en heces y saber la incidencia que se da en hombres y mujeres del Hospital comarcal San Agustín de Linares realizados por el laboratorio en el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En este hospital se utiliza el test NADAL FOB que ha sido diseñado para la detección de hemoglobina humana a través de la interpretación visual del cambio de color del test. Funciona de tal manera que los anticuerpos contra la hemoglobina humana se quedan inmovilizados en la zona de la línea de prueba de la membrana. Durante la prueba la muestra reacciona con los anticuerpos contra la hemoglobina humana que están unidos a unas partículas de color que recubre la superficie absorbente. Esta mezcla se desplaza a lo largo de la membrana mediante acción capilar e interactúa con los componentes de esta. Si hay suficiente cantidad de hemoglobina en la muestra se formara una línea de color en la zona de lectura indicando un resultado positivo.

RESULTADOS:

Se realizaron un total de 758 estudios de sangre oculta en heces, 343 (57.35%) a mujeres y 255 (42.64%) a hombres, de las cuales obtuvieron resultado positivo 95 en hombres y 117 en mujeres y resultado negativo 160 en hombres y 226 en mujeres, 160 muestras fueron (Falta muestra, envase incorrecto, muestra incorrecta)

CONCLUSIÓN:

Analizando los resultados obtenidos se observa con cierta diferencia que tanto por cantidad de pruebas realizadas como por positivos obtenidos se da una mayor incidencia en el sexo femenino

REFERENCIAS:

Sistema Informático del Laboratorio (S.I.L) del Hospital San Agustín de Linares (Jaen)

BÚSQUEDA DE VARIACIONES EN LA DETERMINACIÓN DE IONES POR DOS MÉTODOS ANALÍTICOS: BIOQUÍMICA Y GASOMETRÍA

Autor/a/s: Rodríguez Morales, Olga Luciana; Pascual Sueiro, Camila; Guerrero Diaz, Sandra Patricia; Del Pino Perez, Encarnación;

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Peña
Localidad: PUERTO DEL ROSARIO

Correo electrónico del primer firmante: luciana.olga@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los iones Sodio, Potasio y Cloro de la sangre son electrolitos muy importantes para el cuerpo. Estas sustancias ayudan a conservar el equilibrio apropiado de líquidos corporales y mantener el equilibrio acidobásico. El laboratorio puede determinarlas tanto en Análisis Bioquímico o en Gasometría, siendo la más habitual la muestra de Bioquímica.

OBJETIVOS:

Se ha considerado la hipótesis de que el método de obtención de muestras bioquímicas es mejor que la obtención gasométrica. Para aclarar las dudas procedemos a realizar un estudio para saber si los errores están dentro de la distribución muestral utilizada.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se ha realizado una prueba a 100 pacientes mediante gasómetro ABL 90 FLEX y analizador bioquímico Architect C4000, Posteriormente se han comparado las dispersiones obtenidas mediante los resultados experimentales para clasificar los métodos.

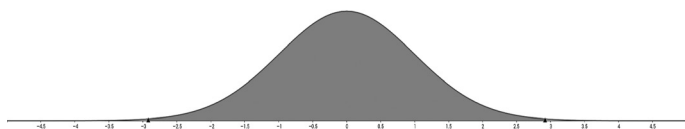
RESULTADOS:

Las muestras tienen una buena correlación. Por lo que pasamos a determinar el coeficiente de correlación intraclase mediante el método Pearson obteniendo los siguientes resultados de ICC.

Sodio	Potasio	Cloro
94,84%	92,33%	92,77%

Se ha utilizado una distribución tipo T de Student de dos muestras relacionadas. Luego se han hallado el promedio de los errores absolutos para calcular los errores relativos y la significancia de los mismos para finalmente representarlos en una distribución estándar para contrastar la hipótesis inicial.

En la siguiente gráfica podemos ver cómo se distribuye el error; Tenemos una tasa de error del $\pm 2,92$, por lo que podemos ver que no está en la zona normal de la campana de Gauss. El resto de los resultados son similares, mostrando que la muestra es fiable.



CONCLUSIONES:

En nuestra muestra, la gasometría muestra un porcentaje de fiabilidad superior en Potasio y Cloro, pero el análisis bioquímico se muestra más fiable en la recogida de muestras de Sodio. La diferencia de todas formas es tan pequeña que se podría utilizar el análisis gasométrico sin riesgo para el paciente, y haciendo de esta forma el proceso de recogida de muestras considerablemente más económico y rápido, pero dejando claro que el Architect C4000 es más preciso en el resultado del Sodio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 215

COMPARATIVA DE DOS MÉTODOS ANALÍTICOS PARA LA DETERMINACIÓN DE LA GLUCOSA

Autor/a/s: Pascual Sueiro, Camila; Rodríguez Morales, Olga Luciana; Guerrero Diaz, Sandra Patricia

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Peña

Localidad: PUERTO DEL ROSARIO

Correo electrónico del primer firmante: montecamel@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La determinación de la glucosa en sangre es uno de los procedimientos más frecuentes en el laboratorio para la ayuda en el diagnóstico y tratamiento de la diabetes. La hiperglucemia también se

presenta en neoplasma pancreático, hipertiroidismo e hiperfunción corticoadrenal. La hipoglucemia puede ser resultado de un exceso de tratamiento con insulina o por diversas enfermedades hepáticas. Visto lo anterior, la glucosa es un parámetro necesario para un correcto diagnóstico.

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo es comparar los resultados obtenidos mediante el equipo Architect C4000 y el gasómetro ABL 90 Flex, y ver la correlación y coherencia de los mismos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Seleccionamos 100 muestras de pacientes que contienen tanto gasometrías venosas como muestras bioquímicas. Se procesan las gasometrías venosas con el analizador ABL 90 Flex y las bioquímicas tras su centrifugación, se procesan en el equipo Architect C4000.

RESULTADOS:

Los resultados obtenidos son similares. La variación de un equipo a otro es mínima, está en ± 15 unidades.

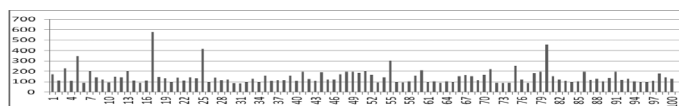


Tabla 1: Resultados gasometrías venosas

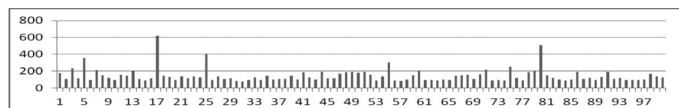


Tabla 2: Bioquímicas

CONCLUSIONES:

Vemos que la variación en los resultados es mínima, y que se podría usar indistintamente cualquiera de los dos equipos para la determinación de la glucosa. Hay que resaltar la rapidez del gasómetro a la hora de dar el resultado. En cambio el Architect tarda un poco más ya que tenemos que centrifugar la muestra previamente. Aun así, se usa el Architect de forma más habitual, ya que a la vez que realiza esta prueba, realiza otra batería de pruebas bioquímicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 216

INTERFERENCIA METODOLÓGICA EN LA DETERMINACIÓN INMUNOTURBIDIMÉTRICA DEL ÁCIDO VALPROICO

Autor/a/s: CARMEN DE LA FUENTE HUERGA, RAQUEL RAYA LLAMAS, MARIA DEL PILAR ORTIZ MARTÍN-SERRANO, MARIA LAURA BAÑOS GAVILÁN, ROSARIO BLANCO GARCÍA.

Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE CIUDAD REAL
Localidad: CIUDAD REAL

Correo electrónico del primer firmante: carmenfuenteh@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El ácido valproico (VPA) es un ácido graso. Se trata de un fármaco antiepiléptico de amplio espectro y prácticamente ha demostrado su eficacia en todos los tipos de crisis epilépticas y en todos los síndromes epilépticos, por lo que su uso es frecuente. Se une a proteínas plasmáticas en un 85-95% y su vida media es de 4-12 horas, y su aclaramiento se realiza en el hígado y sigue una cinética lineal con la mayoría de las dosis. Tiene un margen terapéutico estrecho (50-100 μ g/mL), lo que hace esencial su monitorización y seguimiento del paciente para que éste no sufra efectos secundarios como neurotoxicidad.

OBJETIVO:

Descartar la existencia de falsos negativos a la hora de determinar el VPA por nuestro método inmunoturbidimétrico

MATERIAL Y MÉTODOS:

Analizador UniCel DxC880i de Beckman-Coulter, por inmunoinhibición turbidimétrica potenciado con partículas en el HGUCR. En el laboratorio externo se analiza el VPA por inmunoluminiscencia.

RESULTADOS:

Paciente acude a urgencias por un episodio de pérdida de conocimiento con caída al suelo, movimientos convulsivos tónico-clónicos y mordedura lingual, que cedió en menos de cinco minutos de duración, con confusión posterior.

En la analítica destacan los niveles de VPA inferiores a $0,2\frac{1}{4}$ g/mL, por lo demás normal, a pesar de haberle administrado cinco ampollas VPA en bolo. La determinación del VPA se realiza a las 24h de la administración del mismo (en valle) y se determina el VPA de varias muestras obteniéndose el mismo resultado: indetectable.

Ante los resultados incongruentes, se remite la muestra a un laboratorio externo y se realiza el VPA por otro método analítico y descartar interferencia como también medir el VPA libre. El resultado es de $66\frac{1}{4}$ g/mL (valor de referencia (VR):50-100 $\frac{1}{4}$ g/mL); y el VPA libre en suero, obteniéndose un resultado de $12,0\frac{1}{4}$ g/mL (VR:5,0-20,0 $\frac{1}{4}$ g/mL).

CONCLUSIONES:

Se revisaron las causas de interferencias que describe el método para el VPA sin que encontráramos ninguna relativa a otras medicaciones, se sospecha que la presencia de anticuerpos halterófilos fuese la causa.

De ahí que se remitiera la muestra a un laboratorio externo para determinar el VPA por otra técnica, a la vez que también determinamos el VPA libre, y así obtener resultados reales de la concentración del mismo en el paciente. Si bien es más frecuente que las interferencias por heterófilos provoquen resultados falsos positivos con algunos métodos inmunológicos no se debe descartar la existencia de estos ante la presencia de falsos negativos a la hora de determinar el VPA por nuestro método inmunoturbidimétrico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 218

INTERFERENCIA POR FACTOR REUMATOIDE EN DIMERO-D

Autor/a/s: RAQUEL RAYA LLAMAS, CARMEN DE LA FUENTE HUERGA, MARIA ESTRELLA MADRID MARTÍN DE LUCÍA, MARIA DEL PILAR ORTIZ MARTÍN SERRANO, IRENE PEREZ LUCENDO

Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE CIUDA REAL

Localidad: CIUDAD REAL

Correo electrónico del primer firmante: raquelrayallamas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El dímero-D (DD) es un compuesto proteico producido por la degradación de la fibrina en la desintegración del coágulo tras una lesión en un vaso sanguíneo. En condiciones normales, el DD es indetectable en sangre, sólo se verá aumentado cuando exista una formación y destrucción significativa de coágulos sanguíneos en el organismo y en otras situaciones como traumatismo, hemorragia, cirugía o pre-eclampsia entre otras. Es una excelente herramienta en situaciones de urgencia en pacientes con sospecha de padecer una tromboembolia o un embolismo trombotico por su valor predictivo negativo. Sin embargo, un resultado positivo en la prueba no predice si existe o no un coágulo. La presencia de triglicéridos en cantidades elevadas, lipemia, bilirrubina y concentraciones elevadas de factor reumatoide (FR) pueden originar falsos positivos, al igual que la hemólisis.

OBJETIVO:

verificar que a concentraciones elevadas de factor reumatoide origina una sobre estimación del DD por esta técnica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

ACL TOP 500, método para la determinación cuantitativa del DD por inmunoturbidimetría.

RESULTADOS:

Obtuvimos de una muestra con citrato sódico un valor de dímero-D, de 61.270 ng/mL. Ante un valor exageradamente elevado de DD y tras descartar otras causas posibles de aumento del mismo como hemorragia, cirugía o traumatismo, revisamos la literatura acerca de posibles interferencias en la determinación. Esta técnica mide la concentración del DD a partir de la turbidez por la aglutinación del complejo DD-anticuerpos monoclonales específicos fijados a las partículas de látex. El FR, que son inmunoglobulinas IgG, interacciona con los anticuerpos específicos frente al DD aumentando la turbidez, por lo que concentraciones elevadas de FR origina una sobreestimación del DD por esta técnica.

Comprobamos que el paciente en su histórico presentaba niveles elevados de FR de hasta 3.368,2 ng/mL. Se

determinó el FR cuyo resultado fue 541,73 ng/mL.

CONCLUSIONES:

La importancia del caso radica en que tras no encontrar ninguna causa orgánica de elevación del DD, con ese resultado exageradamente elevado y ante la falta de clínica del paciente que lo justifique, se estudia el FR del paciente como posible interferencia en la técnica de determinación de DD.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 230

ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA Y FILTRADO GLOMERULAR

Autor/a/s: JUAN ANGEL CAMARA PERAGON, ANA AGUDO MORENO, PILAR HIGUERAS BUENO

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: UBEDA

Correo electrónico del primer firmante: juanangel19702009@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Enfermedad Renal Crónica se está convirtiendo en un problema de salud pública asociado al aumento de sus principales factores de riesgo, entre ellos la diabetes, hipertensión, etc. Y al aumento de la esperanza de vida lo que conlleva el envejecimiento de la población. Ante esta situación se hace necesario la detección y tratamiento precoz de la enfermedad para lo cual es parte fundamental el estudio del Filtrado Glomerular.

La determinación del filtrado glomerular (FG) es la mejor medida para valorar la función renal. Este índice, tiene utilidad como indicador de enfermedad renal crónica (ERC), así como, predictor del inicio del fallo renal y del riesgo de complicaciones de la nefropatía crónica. Además su monitorización delimita la progresión de la enfermedad renal y permite la dosificación de fármacos excretados por el glomérulo, evitando problemas de toxicidad.

OBJETIVO:

El objetivo es valorar la utilidad de la fórmula de FG estimado, MDRD-4 (Modification of Diet in Renal Disease), en función del aclaramiento de creatinina, para evaluar la función renal.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La valoración del FG se lleva a cabo, en nuestro laboratorio, a través del aclaramiento de creatinina, excepto en el diagnóstico de nefropatía de atención primaria que se calcula mediante la ecuación del estudio MDRD.

Las determinaciones analíticas de creatinina en suero y en orina se llevaron a cabo en el analizador Cobas c711 de Roche, según el método de Jaffé. El análisis estadístico se realizó mediante el programa informático SPSS v. 17.0. La correlación de las dos fórmulas se llevó a cabo mediante el coeficiente de correlación de Spearman, después de realizar la prueba de normalidad de Kolmogorov-Smirnov aceptando $p < 0,05$ como nivel de significación estadística.

RESULTADOS:

De los 116 pacientes seleccionados, 63 eran mujeres (54.32%), y 53 hombres (45.68%), no hubo ningún paciente de raza negra, y la edad media era de 62 años. Al separar a los pacientes por grupos por sexo la correlación de aclaramiento de creatinina-filtrado glomerular se mantienen entre ambos sexos no observando grandes diferencias, al separarlo por edad se observaron grandes diferencias siendo la correlación más fuerte en los pacientes mayores de 68 años.

CONCLUSIONES:

Hemos podido observar que el Filtrado Glomerular es una manera fiable y precoz para detectar una posible enfermedad renal al igual que se aprecia de una manera clara la relación existente entre el FG y la edad de los pacientes, a mayor edad el FG disminuye aumentando la posibilidad de aparición de la enfermedad.

Por otra parte decir que el FG puede verse afectado por algunos fármacos y por cualquier situación que disminuya el flujo de sangre a los riñones; por tanto para conseguir un diagnóstico certero nos ayudaremos de otras técnicas, entre otras las basadas en imágenes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 233

PROCALCITONINA EN URGENCIAS

Autor/a/s: López Vidal Antonia María, Rodríguez López María del Carmen y Titos Aguilera José.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: amlopezvidal@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La procalcitonina (PCT) es un biomarcador de gran utilidad para el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de la sepsis bacteriana, debido a su aumento específico en la infección.

Debido a su alto coste, esta determinación no ha de usarse de manera indiscriminada, por lo que se ha elaborado un plan de gestión para la demanda de procalcitonina con el objetivo de racionalizar el número de peticiones y así reducir su consumo.

OBJETIVO:

Valorar el efecto obtenido tras la implantación de un protocolo de petición para este marcador en el consumo y número de peticiones realizadas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación de PCT se realiza mediante metodología ELFA (Elisa con final de lectura fluorescente) en un VIDAS® PC (Biomerieux).

Se contabilizaron el número de determinaciones de PCT en los años 2013 2016.

A lo largo de estos dos años, observamos un incremento gradual en el número de peticiones PCT.

Se realizaron reuniones formativas con los principales servicios peticionarios (urgencias y pediatría), y se creó un volante específico para ellas, en las que se solicitaba un breve resumen de la enfermedad actual del paciente, aportando datos clínicos y analíticos que justificaran la solicitud.

A los dos años de la implantación del nuevo plan, se contabilizó de nuevo el número de determinaciones de PCT, comparándose con los de los mismos meses de los años anteriores.

RESULTADOS:

El número de determinaciones totales de PCT entre 2013 y 2014 fue de 624. Durante los años 2015 y 2016 se han realizado un total de 200 determinaciones, lo que supone una reducción del 68 % con respecto a los 2 años anteriores.

CONCLUSIONES:

Las reuniones formativas con las diferentes unidades peticionarias y el diseño de una petición específica, son una herramienta eficaz para controlar la demanda, y por tanto, el gasto que estas pruebas suponen para el laboratorio.

El simple hecho de tener que justificar la petición, evita el uso indiscriminado de las pruebas, muy común en los servicios de urgencias, donde se trabaja con una gran presión y, en numerosas ocasiones, se solicitan pruebas totalmente innecesarias según la historia del paciente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 234

REVISIÓN DE LOS NIVELES DE COBRE EN SUERO EN EL AREA HOSPITALARIA DE CORDOBA DURANTE EL PERIODO 2016

Autor/a/s: Antonia María López Vidal, María del Carmen Rodríguez López, José Titos Aguilera, Fernando Rodríguez Cantalejo y Trinidad Perez Carrera.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: amlopezvidal@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cobre es un elemento que se encuentra en la naturaleza de forma natural y resulta indispensable para la formación y el buen funcionamiento de todos los seres vivos. Se observan elevaciones en suero en distintos estados patológicos como leucemia linfocitaria, estados inflamatorios y disminuciones significativas en diversos procesos metabólicos, enfermedad de wuilson, enfermedad renal, deficiencia nutricional etc.

Es pues un analito cuya cuantificación por el laboratorio resulta necesaria.

OBJETIVO:

Revisar los resultados de cobre obtenidos en nuestro laboratorio para ver si las distintas peticiones coinciden con las patologías donde más relevancia tiene su determinación.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación de los niveles de cobre en sangre se realizó en el suero de pacientes obtenidos mediante centrifugación (3500rpm durante 10 minutos) de sangre total, obtenida en tubos especiales exentos de metales (tubo tapón azul).

El método empleado fue espectrofotometría de absorción atómica de llama (Termo Scientific ICE 3000, serie AA Spectrometer), corrección de fondo con lámpara de deuterio, usando una mezcla de acetileno y aire, con campana de extracción clase 1.

Para obtener los resultados utilizamos una curva de calibración a 4 puntos de concentración cuyo rango oscila entre 0.5 y 2 microgramos/L.

Los datos fueron recogidos de nuestro sistema informático (Open Lab) clasificándolos en función del servicio peticionario.

RESULTADOS:

En el año 2016 fueron analizadas 722 muestras de las cuales 508 (71.4%) corresponden a consultas externas y desglosadas por especialidades serían: Digestivo 115 (22.8%), Endocrino 99 (19.2%), Hematología 220 (43.6%) Neurología 74 (14.4%) y 206 (28.5%) responderían a hospitalización.

CONCLUSIONES:

En la revisión de todos los resultados podemos decir que existe una buena correlación entre la determinación del Cu y las patologías observadas en la mayoría de los servicios peticionarios. Ya que el Cu es fundamental para muchas enfermedades, ayuda a controlar el estado nutricional y su determinación facilita el mejor diagnóstico por parte del laboratorio.

NIVELES DE ZINC EN PACIENTES INGRESADOS EN UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO REINA SOFIA

Autor/a/s: Antonia María López Vidal, María del Carmen Rodríguez López, José Titos Aguilera, Fernando Rodríguez Cantalejo y Trinidad Perez Carrera.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofia

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: amlopezvidal@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El zinc es un elemento químico que participa en muchos procesos biológicos, siendo uno de los oligoelementos más abundantes del sistema nervioso (después del hierro). Con los avances en nutrición en las últimas décadas han cobrado un mayor interés su determinación. Es un analito cuya cuantificación por el laboratorio resulta necesaria para el control nutricional de los pacientes en unidad de cuidados intensivos (UCI) y además es muy importante para diversas enfermedades neurológicas como alzheimer y otras degenerativas.

OBJETIVO:

Revisar los resultados de los niveles de zinc en pacientes ingresados en UCI, ya que al estar sometidos a nutrición parenteral pueden presentar importante déficit de este elemento primordial.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación de los niveles de zinc en sangre se realizó en el suero de pacientes obtenidos mediante centrifugación (3500rpm durante 10 minutos) de sangre total, obtenida en tubos especiales exentos de metales (tubo tapón azul). El método empleado fue espectrofotometría de absorción atómica de llama (Thermo scientific ICE3000, serie AA Spectrometer), corrección de fondo con lámpara de deuterio, usando una mezcla de acetileno y aire, con campana de extracción clase 1. Para la obtención de los resultados utilizamos una curva de calibración de 4 puntos de concentración cuyo rango oscila entre 0.5 y 2 microgramos/L. Los datos fueron recogidos en nuestro sistema informático (Open Lab).

RESULTADOS:

En el año 2016 fueron analizadas un total de 117 determinaciones de pacientes ingresados en UCI, de los cuales encontramos 74 (63,2%) con niveles inferiores a los considerados normales y 43 (36,8%) con niveles de normalidad. Los valores de referencia de nuestro laboratorio oscilan entre 0.6 y 1.30 microgramos/L.

CONCLUSIONES:

Hemos observado que los niveles de zinc encontrados en pacientes de UCI con nutrición parenteral, tienen un déficit de este elemento, por lo tanto para su estado nutricional es fundamental su determinación ya que tiene una importancia creciente, ante el mayor número de pacientes que reciben alimentación artificial de forma prolongada.

UTILIDAD DE LA AUTOMATIZACIÓN TOTAL DEL SISTEMÁTICO Y SEDIMENTO URINARIO

Autor/a/s: Rodríguez López María del Carmen, López Vidal Antonia María, Titos Aguilera Jose, Fernandez Suarez Antonio, Fatela Cantillo Daniel y Diaz Iglesias Jose Miguel.

Centro de trabajo: Hospital Alto Guadalquivir

Localidad: Andújar

Correo electrónico del primer firmante: mcrodriguezl@ephag.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Se denomina sedimento urinario al producto de la sedimentación de los elementos presentes en la orina en forma de suspensión una vez han sido sometidos al proceso de centrifugación. El estudio del sedimento urinario representa un método diagnóstico, valioso, sencillo y económico, no solo en la detección de enfermedades renales y del tracto urinario principalmente, sino también en la de enfermedades metabólicas, y sistémicas no relacionadas directamente con el sistema urinario por su posible complicación renal latente. El analizador automatizado de sedimento permite el examen de un número elevado de muestras de orina sin ningún tipo de preparación previa (centrifugación en un corto espacio de tiempo). Además, es capaz de identificar con una precisión aceptable algunas partículas presentes en la orina y cuantificarlas correctamente (leucocitos, hematies, etc).

OBJETIVO:

Evaluar en nuestro hospital la utilidad de la automatización total de orinas desde 01/01/2015 hasta 31/12/2015.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las condiciones mas idóneas para la toma de muestra es la primera orina de la mañana porción media. La muestra se recoge en tubo de 10mL sin aditivos, evitando la contaminación (correcta higiene y no antisépticos). Se procederá al análisis en las 1-3horas siguientes a la emisión. Al proceder su análisis y homogeneizamos la muestra. La medición se realiza mediante tiras reactivas. Los parámetros de medición fueron glucosa, leucocitos, proteínas, bilirrubina, pH, cuerpos cetónicos, nitritos, bilirrubina directa, densidad, turbidez, color-ono, y urobilinógeno. Los parámetros de cribado para sedimento fueron: Leucocitos \geq 75, hematies +1 (0,06 mg/dl), Proteínas +1 (30 mg/dL), Glucosa+1(100mg/dL) y Nitritos +.

RESULTADOS:

Desde enero de 2015 hasta diciembre de 2015 se registraron 32226 peticiones de sistemático de orina. Se obtuvieron 7269 sedimentos urinarios, 30505 sistemáticos de orina y en 1721 casos faltaron la muestra.

CONCLUSIONES:

El papel del analizador automatizado de sedimento es mejorar el flujo de trabajo en nuestro laboratorio donde se analizan cientos de muestras diarias con el fin de realizar una detección y cuantificación de las muestras patológicas. Los beneficios obtenidos con la utilización del analizador automatizado de sedimentos son: Acortar el tiempo de respuesta, ya que disminuye el tiempo de centrifugado, preparación y montaje de la muestra. Así como la manipulación de la misma; por tanto, también se reducen los errores en la identificación de la muestra, las posibles contaminaciones, el riesgo de accidentes (caídas de tubo, rotura de tubo en centrifuga, etc.) Empareja los resultados de la bioquímica (tira reactiva) y sedimento y los muestra en un resultado común. El uso del equipo Aution Max Sedimax es eficaz y practico ya que reduce significativamente los tiempos de respuesta en contraposición al proceso manual.

DETERMINACIONE DE SANGRE OCULTA EN HECES:CRIBADO DE CANCER COLORRECTAL

Autor/a/s: Perez Gomez P, Muñoz-Roman P R, Yebra Elipe B, Puertas Lopez C, Herranz Puebla M.

Centro de trabajo: Departamento De Bioquímica Clínica H.G.U.GREGORIO MARAÑÓN.

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: pedro_perezg@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cancer colorrectal (ccr) es el tercer tumor mas frecuente en hombres y el segundo en mujeres.El ccr tiene un periodo largo asintoma-

tico, con repercusiones tanto epidemiológicas como presupuestarias y cumple con las condiciones necesarias propuestas por la OMS para aplicar programas de cribado poblacional y reducir hasta en un tercio la mortalidad por este tumor, mejorar la calidad de vida, aplicar tratamientos menos agresivos y reducir el impacto socioeconómico de la enfermedad. La consejería de sanidad de nuestra comunidad ha elaborado el plan de detección precoz de cáncer de colon y recto (prevecolon) en el que participa nuestro hospital.

OBJETIVOS:

Determinar la utilidad de la determinación de la prueba de sangre oculta en heces

Para describir los resultados del programa prevecolon realizadas en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La muestra objeto de nuestro estudio estuvo formada por personas de ambos sexos entre los 50 y 69 años que cumplieran los criterios de exclusión relacionados con antecedentes familiares de alto riesgo y personales de cáncer de colon, adenomas en seguimiento, enfermedad o invalidez grave, que fueron invitados a participar de la población escogida de dos centros de salud adscritos a nuestro hospital. Se cursaron 7700 invitaciones y 1837 individuos (23,85%) aceptaron participar: 1060 mujeres y 770 hombres.

La prueba de cribado consistió en un test cuantitativo inmunológico fecal para la detección de hemoglobina (FIT) mediante el análisis de una sola muestra en el equipo oc-sensor io (Eiken Chemical Co.) del Dpto. de Bioquímica Clínica del Hospital, y con la metodología recomendada en el programa. El punto de corte fue de 100 ng/ml. Los participantes con resultados positivos en el cribado fueron invitados a realizarse una colonoscopia.

RESULTADOS:

A los 1837 individuos que aceptaron participar, se les realizó la prueba de cribado con el resultado de 113 positivos (6,15%): 68 hombres y 45 mujeres, 1076 negativos y con resultado no valorable. Se les realizó colonoscopia a 86 con resultado positivo (76,1%) sin que hubiera ninguna complicación. El porcentaje de participación deseable es de un 65% y aceptable del 45%, valores muy superiores al 23,85 de nuestra población. La aceptación de la colonoscopia en los individuos con el cribado positivo está por debajo del deseable 85%.

El porcentaje de resultados positivos son similares a los de otros hospitales que participaron en el estudio. El porcentaje de positividad del cribado fue mayor en hombres (8,75%) que en mujeres (4,05%).

CONCLUSIONES:

LA DETERMINACIÓN DE FIT ES ÚTIL PARA LA DETECCIÓN PRECOZ DEL CCR.

LA PARTICIPACIÓN DE LA POBLACIÓN FUE BAJA.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 239

UTILIDAD Y SEGUIMIENTO DE LOS NIVELES DE HEMOGLOBINA GLICOSILADA EN UNA POBLACIÓN GESTANTE

Autor/a/s: GÓMEZ ANGUIA JOSEFA, CÁMARA PERAGÓN JUAN ÁNGEL, MARTÍNEZ RODRÍGUEZ M^ª CONCEPCION

Centro de trabajo: Hospital San Juan de la Cruz

Localidad: Ubeda (Jaén)

Correo electrónico del primer firmante: gom_kitty@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La diabetes es la alteración médica que con más frecuencia se asocia al embarazo, afectando tanto a la madre como al futuro hijo. Su diagnóstico como control es muy importante ya que un tratamiento adecuado puede reducir la morbilidad materna y fetal.

OBJETIVOS: Comparación de los niveles de HbA1c en una población gestante y su relación con complicaciones en el parto, en base a un estudio realizado a 35 gestantes entre Enero y Noviembre de 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las determinaciones de HbA1c se realizaron en el analizador ADAMS A1c de la casa comercial Menarini, utilizando como muestra sangre en EDTA.

RESULTADOS:

El 73,3% de gestantes estudiadas fueron diagnosticadas con diabetes mellitus (DM). De éstas, el 42,2% con DM1 y el 31,1% con DM2.

- El 26,7% se diagnosticaron con diabetes gestacional (DG).

- Dentro del grupo de DM1, el valor medio de HbA1c fue 6,9.

- En el grupo de DM2, el valor medio de HbA1c fue el 6,3.

- En el grupo de DG de HbA1c el valor medio fue 5,5.

- En el grupo de DM1 el 84,2% de los partos fueron inducidos como consecuencia de un mal control diabético.

- En el grupo de DM2, el 83,3% de los partos fueron inducidos y la causa debida al mal control diabético.

- En el grupo DG, el 41,7% de los partos fueron inducidos, siendo las causas más habituales la rotura prematura de membranas y la preclampsia.

CONCLUSIONES:

Como se desprende de los resultados obtenidos en los distintos grupos, la HbA1c no es buena herramienta ni para el diagnóstico ni para el seguimiento de DG. Los valores de la HbA1c fueron superiores en DM que en la DG, así como las complicaciones maternas durante el embarazo y parto.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 242

UTILIDAD DE LA CROMAGRANINA A Y LA ENOLASA NEUROESPECÍFICA EN TUMORES NEUROENDOCRINOS

Autor/a/s: ROMERO GARCÍA, PAULA; SASTRE GARROTE, ANA MARÍA; CASADO HERNÁNDEZ, MARÍA DEL CARMEN; GONZÁLEZ MARTÍN, SOFÍA; GEA LÓPEZ, MARÍA FERNANDA; FERNÁNDEZ MARTÍNEZ, MARÍA MERCEDES; ALDEGUENDE RODRÍGUEZ, MARÍA JOSÉ; HERNÁNDEZ CERCEÑO, MARÍA LUISA.

Centro de trabajo: HOSPITAL CLÍNICO UNIVERSITARIO

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: parogar_12@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Cromagranina A (CgA), es la granina más abundante en los tumores neuroendocrinos (TNE). Como marcador tumoral se caracteriza por ser moderadamente sensible e inespecífica junto con la Enolasa Neuronal Específica (NSE). La CgA es la que tiene mayor sensibilidad y especificidad para la detección de los TNE no funcionantes, los cuales se monitorizan a través de la hormona que se segrega.

La NSE es una enzima glucolítica que se expresa en varios tipos de tumores, entre ellos los tumores neuroendocrinos.

OBJETIVO:

Valorar la utilidad de los dos marcadores unidos o separados para diagnosticar los TNE ó bien seguir su evolución.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudiamos 65 pacientes provenientes de la consulta de Endocrinología del Hospital Clínico Universitario de Salamanca frente a 20 personas sanas que utilizamos como control y a todos ellos analizamos la CgA y NSE.

Para la NSE utilizamos una electroquimioluminiscencia en el sistema COBAs 602 ROCHE.

Para la CgA realizamos un ensayo inmunoquímico (ELISA) de DRG distribuido por VITRO, utilizando para los cálculos el paquete estadístico SPSS 18.0.

RESULTADOS:

Se han llevado a cabo pruebas de normalidad Shapiro-Wilk, resultando una población de distribución no normal para los 2 marcadores, por lo que utilizamos medianas y percentiles.

BIOBANCO DE POLIQUISTOSIS RENAL AUTOSÓMICA DOMINANTE

Autor/a/s: Ana Isabel Rodríguez Fernández, Isabel Inares Dickler, Ana Belén Rodríguez Martín, Antonia Collado, Ángel M. García Lora

Centro de trabajo: Biobanco del Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitalario Universitario de Granada.

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: anai.rodriguez.exts@juntadeandalucia.es

INTRODUCCIÓN:

La Poliquistosis Renal Autosómica Dominante es un trastorno genético caracterizado por el crecimiento de numerosos quistes en los riñones, aunque también pueden aparecer en otros órganos.

Se debe a mutaciones en el gen PKD1 del brazo corto del cromosoma 16 o en el gen PKD2 del cromosoma 4. En casos raros pueden aparecer mutaciones en ambos genes.

Estos genes son los responsables de expresar las proteínas Policistina 1 y 2 que forman parte de una pequeña estructura celular llamada Cilio Primario muy importante para el correcto funcionamiento, desarrollo y división celular.

En caso de la enfermedad, las policistinas y el Cilio Primario están alterados y esto provoca la formación de quistes que van oprimiendo otras estructuras del riñón, que van ocasionando deterioro de su función.

OBJETIVOS:

Creación de un Biobanco de enfermos afectados de Poliquistosis Renal Autosómica Dominante (EPAD), debido a la gran importancia de esta enfermedad, ya que es la afección renal hereditaria más frecuente.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Obtención de muestras de: Sangre Total, Suero, Plasma, Fracción Celular y Orina de cada paciente, en diferentes estadios de la enfermedad.

Recoger muestras de pacientes sometidos a trasplante renal: Tejido Renal y hepático que contenga arteria, vena, uréter y parénquima; tejido de válvulas cardíacas; fluido del quiste; sangre y orina del paciente.

Con estas muestras y datos, realizar un registro y árboles genealógicos, estudio de mutaciones genéticas y bases de datos, formación e información, Plan de prevención (Reproducción Humana)

RESULTADOS:

Elaboración una colección de 250 donaciones recogidas en diferentes estadios de la enfermedad de la que forman parte 157 pacientes

CONCLUSIONES:

La creación de este Biobanco realiza una labor muy importante, ya que es el único que presenta un análisis tan amplio. Esto permite la realización de un diagnóstico precoz en la infancia, creación de un protocolo de estudio consensuado, un plan de investigación (epidemiológica, genética, fármacos) y la información a la parejas y familias, llevando a cabo una labor de prevención.

INTRODUCCIÓN DEL AMONIACO EN PLASMA EN EL LABORATORIO DE URGENCIAS

Autor/a/s: Begoña Macía Vázquez, María Isabel Arias Losada, María Teresa Saavedra Serrano, Genoveva Pedrouzo Neira, Olga Isabel Riguero Yáñez, Tamara Álvarez Fernández, Nuria Garnacho Gayarre.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO LUCUS AUGUSTI

Localidad: LUGO

Correo electrónico primer firmante: begomacia@hotmail.com

En la población control encontramos una mediana para la NSE de 13.65ng/ml ;percentil 10

(P10=10.2), percentil 90 (P90=16.39).

En la CgA la mediana es de 64.32 µg/l, P10=46.86 y P90=543.66.

Para los pacientes de TNE tenemos una mediana de NSE de 13.30 ng/ml, p10=8.58 y P90=57 y para CgA una

mediana de 209.54, P10=48.53 y P90=1496.

Hemos hecho una curva ROC que en el caso de la CgA, tiene un área bajo la curva de 0.758 y para un corte de 71.69 microgramos/L., tenemos una sensibilidad de 78.55% y una especificidad del 70%.

Para la NSE el área bajo la curva es de 0.525 y para un corte de NSE de 12.93 ng/ml, obtenemos una sensibilidad de 53.8% y una especificidad del 45%.

CONCLUSIONES:

La CgA resulta tener más sensibilidad y especificidad que la NSE; la combinación de los 2 marcadores nos aumenta ligeramente la sensibilidad a 78.8% a costa de una menor especificidad, del 40%. Consideramos a la CgA como el marcador de elección para diagnóstico y seguimiento de TNE no funcionantes.

PCSK9: NUEVA DIANA TERAPÉUTICA

Autor/a/s: María José Vila Planells, Mariola Folgado Alvarez, Diego Carmona Talavera

Centro de trabajo: Servicio de Análisis Clínicos, H.U. Doctor Peset

Localidad: Valencia

Correo electrónico del primer firmante: mjvila16@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La enzima proproteína convertasa subtilisina kexina 9 participa en la regulación del receptor del LDL colesterol. La unión de esta enzima a su ligando, el receptor del LDL colesterol, favorece la degradación del mismo; mientras que cuando no se da esta interacción el LDL-receptor no se degrada, con la consiguiente disminución de los niveles de LDL-colesterol en sangre. El desarrollo de anticuerpos contra esta enzima disminuye los niveles de LDL colesterol en sangre.

OBJETIVOS:

Realizar una revisión y actualización sobre la proproteína convertasa subtilisina kexina 9, su relación con el receptor del LDL-colesterol y su influencia sobre los niveles de LDL-colesterol en sangre, así como de las nuevas herramientas farmacológicas desarrolladas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Esta comunicación en panel se ha realizado gracias a un estudio bibliográfico actualizado sobre el tema. Los análisis de colesterol se realizaron con el método colorimétrico de la colesterol esterasa/oxidasa en Architect c16000® de Abbott®. En este estudio participaron 1104 pacientes de 18 a 75 años con valores lipémicos concretos.

RESULTADOS:

Esta comunicación en panel se ha realizado gracias a un estudio bibliográfico actualizado sobre el tema. Los resultados muestran que Evolocumab® y Arilcumab® reducen en un 62% y 59% el LDL-colesterol en comparación con placebo respectivamente, y un 43% y un 28% en comparación con ezetimibe.

CONCLUSIONES:

Los anticuerpos se han convertido en una nueva herramienta farmacológica para reducir los niveles de LDL colesterol en pacientes con hipercolesterolemia familiar o intolerancia a las estatinas.

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El amonio se ha considerado la causa principal en el desarrollo de encefalopatía hepática, aunque existe controversia en cuanto a la relación de sus niveles y la intensidad de las alteraciones neurológicas.

La medida de la concentración sanguínea de amonio, tanto en pacientes adultos como en pediátricos, se utiliza para el diagnóstico y seguimiento de determinadas patologías como:

- Daño hepático grave.
- Síndrome de Reye.
- Coma de origen desconocido.
- Errores congénitos del metabolismo relacionados con el ciclo de la urea.
- Acidemias orgánicas.
- Síndrome de hiperinulinismo/hiperamonemia.
- Patologías renales.

OBJETIVOS:

Poner de manifiesto la participación de nuestro laboratorio de urgencias en la actividad de mejora continua que abarca las áreas y resultados pertinentes de la atención al paciente, con la implantación de la determinación de amoníaco en plasma dando respuesta a una elevada demanda por parte de varios servicios de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación cuantitativa de amoníaco en plasma se realiza en el Dimension EXL® mediante el método enzimático que utiliza glutamato deshidrogenasa y un análogo de NADPH estabilizado. La reducción de la medida de absorbancia es proporcional a la concentración de amoníaco en la muestra.

RESULTADOS:

Se han realizado un total de 109 determinaciones desde junio del 2016 hasta diciembre de 2016 siendo los servicios más demandantes: UCI, Pediatría y Digestivo, con un total de 32, 27 y 16 determinaciones respectivamente.

Además se tuvo en cuenta, a la hora de implantar el amoníaco en el laboratorio de urgencias, que su determinación requiere una manipulación de la muestra muy cuidadosa desde la extracción hasta su análisis, siendo necesario una vez obtenida la muestra, introducirla inmediatamente en hielo y mantenerla en el mismo hasta su llegada al laboratorio.

CONCLUSIONES:

La incorporación en el laboratorio de urgencias de la determinación cuantitativa de amoníaco en plasma se trata de una oportunidad de mejora.

La reducción en el tiempo respuesta, al realizarlo en el laboratorio de urgencias en lugar de en el laboratorio externo (plazo de entrega de 3 días), permite ser utilizado en servicios críticos como la UCI o en situaciones de urgencia.

Además se garantiza de manera más fiable el mantenimiento de la estabilidad de la muestra durante todo el proceso de recogida y análisis que tan importante es para la trazabilidad de los resultados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 255

INTOXICACIÓN POR AMANITA PHALLOIDES A PROPÓSITO DE UN CASO

Autor/a/s: Olga Isabel Rigueiro Yáñez, Genoveva Pedrouzo Neira, Begoña Macía Vázquez, María Teresa Saavedra Serrano, María Isabel Arias Losada, Tamara Álvarez Fernández, Nuria Garnacho Gayarre.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO LUCUS AUGUSTI

Localidad: LUGO

Correo electrónico del primer firmante: olga.isabel.rigueiro.yanez@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Históricamente la mortalidad debida a la intoxicación por hongos era superior al 30%, en la actualidad se estima alrededor del 7% entre pacientes tratados y un 30% entre los no tratados. En España la incidencia de intoxicaciones por hongos se ha estimado en 200-400 casos al año.

De las más de 5000 especies de hongos conocidos unos 50 son tóxicos y, entre los géneros responsables de la mayoría de las muertes, la Amanita phalloides es la que mayor porcentaje de toxinas contiene por peso.

Estas toxinas no se encuentran distribuidas homogéneamente por el hongo por lo que puede ser relevante conocer que parte del hongo se ha comido para orientar sobre la cantidad de toxina ingerida.

OBJETIVOS:

Poner de manifiesto las alteraciones bioquímicas en la intoxicación por Amanita phalloides así como la posible recuperación de estos parámetros (función renal, hepática) con la rápida instauración del tratamiento adecuado.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el autoanalizador Dimension EXL Siemens® se monitorizaron las enzimas hepáticas (ALT y AST) mediante el método suplementado con Piridoxal Fosfato; la bilirrubina total y directa (BILT y BILD) con el método de Jendrassik-Groff; y el amonio mediante el método enzimático de la glutamato deshidrogenasa. Además, se determinaron los factores de coagulación y fibrinógeno en el autoanalizador ACL TOP 500cts Werfen®.

RESULTADOS:

Paciente de 67 años que llega por iniciativa propia al servicio de urgencias refiriendo dolor abdominal por la posible ingesta de Amanita phalloides por confusión. Comienza con los primeros síntomas a las 12 horas post ingesta: vómitos, diarrea acuosa (más de 10 deposiciones) y calambres. Presenta datos de citólisis importante, ictericia y un ligero deterioro de la coagulación con un INR=2.

· 24 horas post-ingesta: Crea=1,95mg/dL [0,8-1,3mg/dL]; BILT=0,6mg/dL [0,3-1,3mg/dL]; ALT=64U/L [12-78U/L]

· 48 horas post-ingesta: BILT=2,31 mg/dL; BILD=1,93 mg/dL; AST=2476 U/L; ALT=3201 U/L; Amoníaco =73,2 µmol/L [11 - 32 µmol/L].

Tras estos resultados se inicia tratamiento con carbón activado, sibilina, N-acetilcisteína y penicilina G e hidratación para diuresis forzada.

Durante su estancia hospitalaria mejora la función hepática, coagulación normalizada y bilirrubina en descenso sin datos de encefalopatía.

Tras 13 días de ingreso presenta mejoría de la función hepática con bioquímica y coagulación normales y recibe el alta hospitalaria.

CONCLUSIONES:

El diagnóstico de la intoxicación por Amanita phalloides se basa en la historia clínica del paciente y la cuidadosa valoración de las manifestaciones clínicas, y se confirma con los exámenes del laboratorio.

Aparentemente no existe ningún antídoto disponible ni estrategia estándar. De cualquier modo, la supervivencia está condicionada por la precocidad del diagnóstico, de la hospitalización y de la implantación inmediata de medidas de soporte y terapéuticas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 256

NOTIFICACIÓN INMEDIATA DE VALORES DE ALARMA. PAPEL DEL LABORATORIO COMO RESPONSABLE ASISTENCIAL EN LA SEGURIDAD DEL PACIENTE

Autor/a/s: María Teresa Saavedra Serrano, María Isabel Arias Losada, Begoña Macía Vázquez, Olga Isabel Rigueiro Yáñez, Genoveva Pedrouzo Neira, Tamara Álvarez Fernández, Nuria Garnacho Gayarre.

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El laboratorio clínico forma parte de la atención sanitaria del paciente y es participe prácticamente de todos los procesos asistenciales. La información proporcionada por el laboratorio tiene un impacto directo sobre la seguridad del paciente.

Error se define como “hecho de no llevar a cabo una acción como se ha planificado o acción desarrollada con una planificación inadecuada”, por tanto podemos encontrar errores por comisión y errores por omisión. Teniendo en cuenta que un “valor de alarma es aquel cuya rápida comunicación puede suponer un beneficio para la evolución clínica del paciente, la no comunicación del mismo de manera inmediata puede considerarse un error por omisión conllevando posibles complicaciones en la evolución del paciente.

OBJETIVOS:

El laboratorio de urgencias, como emisor de resultados, debe asegurarse que, cuando los resultados de los análisis se encuentran dentro de los intervalos alarmantes establecidos, se avisa inmediatamente a un médico (u otro profesional sanitario autorizado). Los resultados proporcionados oralmente son refrendados por un informe de laboratorio escrito y siempre existirá un registro de todos los resultados alarmante proporcionados.

El objeto de este trabajo es la cuantificación de resultados alarmantes notificados sobre peticiones urgentes de bioquímica, digoxina, gasometrías.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se definen los valores considerados alarmantes utilizando una revisión bibliográfica de datos, previo consenso con los clínicos. Los parámetros elegidos para ser objeto de notificación son: glucosa, sodio, potasio, calcio, digoxina, calcio iónico, pH, lactato, Pco2 y exceso de base. Se contabilizan los que han tenido que ser notificados a lo largo del año 2016.

Para valorar el porcentaje de resultados alarmantes notificados de manera inmediata a su validación se ha utilizado el comentario predefinido “Resultado notificado telefónicamente” que se añade al resultado objeto de la notificación. Este comentario queda registrado en el sistema informático (SERVOLAB 4). Así mismo se registra de manera manual, en una plantilla habilitada con este objeto, los siguientes datos: fecha, número de trabajo, resultado, persona que comunica, persona que recibe la información.

RESULTADOS:

A lo largo del año 2016 se notificaron un total de 867 resultados alarmantes sobre un total de 132095 determinaciones consensuadas para su notificación, lo que supone un 0,66 % de resultados verbalmente informados. De las 132095 determinaciones, 33780 se corresponden a gasometrías; 81281 a bioquímica; 10656 a lactato; 6044 a calcio iónico y 334 a digoxina, por lo que el reparto de notificaciones realizadas suponen un 0,87%; 0,47%; 1,46%; 0,51% y 0,6% respectivamente.

CONCLUSIONES:

Resulta evidente la necesidad urgente de establecer una comunicación y una estrecha cooperación con todos los profesionales implicados para asegurar una buena interpretación y la utilización adecuada de los resultados del laboratorio. El laboratorio no es un simple emisor de resultados sino que tiene un papel importante en el proceso asistencial de cada paciente con responsabilidad en la seguridad del mismo.

CONTROL DE LA DEMANDA DE PROCALCITONINA MEDIANTE LA DETERMINACIÓN DE PROTEÍNA C REACTIVA

Autor/a/s: (Josefa Boronat Beltrán, José Diego Santotoribio, Dolores Pavón Iglesias, Miriam Garrucho García, Gertrudis Ávila Estrada, Manuela Moreno Jurado)

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Puerto Real)

Localidad: (Puerto Real)

Correo electrónico del primer firmante: borobel@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las determinaciones en suero de procalcitonina (PCT) y proteína C reactiva (PCR) son cada vez más demandadas a los Laboratorios de Bioquímica de Urgencias para el diagnóstico y seguimiento de enfermedades infecciosas, siendo la PCT muy específica de sepsis bacteriana y la PCR altamente sensible. En la mayoría de los casos solicitan ambas determinaciones en la misma muestra. ¿Podemos utilizar la PCR como cribado para la determinación de la PCT y mejorar la eficiencia del laboratorio?

OBJETIVOS:

Realizamos un estudio con el objetivo de calcular la exactitud de la determinación de la PCR para detectar PCT patológicas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Incluimos pacientes con petición urgente de PCR y PCT en el mismo suero. La PCR se determinó mediante inmunoensayo turbidimétrico mejorado de partículas (PETIA), en DIMENSION EXL (Siemens®), siendo los valores de referencia entre 0 y 0,5 mg/dL; y la PCT mediante inmunoensayo con tecnología Time Resolved Amplified Cryptate Emission (TRACE) en KRIPTOR COMPACT BRAHMS (Thermo Scientific®), con valores de referencia entre 0 y 0,5 ng/mL. Para calcular la exactitud de la PCR para detectar PCT patológicas se realizó análisis de la curva de características operativas para el receptor (COR), calculando el área bajo la curva (ABC), mediante el programa informático MEDCALC®.

RESULTADOS:

Se analizaron un total de 1.446 muestras. Los valores obtenidos de PCR fueron entre 0,00 y 34,20 mg/dL (mediana=11,80 mg/dL), 63 pacientes presentaron valores de PCR normales y 1.383 patológicos. Los valores de PCT fueron entre 0,00 y 200,70 ng/mL (mediana=0,79 ng/mL), 595 pacientes presentaron niveles normales de PCT y 851 patológicos. El ABC con los valores de PCR para detectar niveles de PCT patológicos resultó 0,742 (Intervalo de confianza (IC) del 95%: 0,719-0,764). Valores de PCR > 0,5 mg/dL mostraron una sensibilidad del 99% (IC del 95%: 97,7-99,4) y una especificidad del 10,5% (IC del 95%: 8,1-13,2), es decir, prácticamente todos los pacientes con valores de PCT patológico presentaron niveles de PCR por encima del límite superior de referencia.

CONCLUSIONES:

Los valores de PCR podrían utilizarse como cribado para la determinación de PCT en suero. Como norma general proponemos que en pacientes con PCR dentro de los valores de referencia no procede la determinación de PCT.

COMPARACIÓN DE MUESTRAS PARA LA DETERMINACIÓN DE LACTATO EN SANGRE VENOSA Y PERIFÉRICA: PLASMA Y SUERO

Autor/a/s: (Josefa Boronat Beltrán, José Diego Santotoribio, Dolores Pavón Iglesias, Miriam Garrucho García, Teresa Muñoz Soto, Angustias Salgado)

Centro de trabajo: (Hospital Universitario de Puerto Real)

Localidad: (Puerto Real)

Correo electrónico del primer firmante: borobel@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El lactato es un producto del metabolismo anaeróbico celular. Los niveles normales de lactato en sangre venosa periférica son menores a 2 mmol/L, su concentración aumenta cuando las células del organismo se encuentran en condiciones de hipoxia o por infecciones de microorganismos anaeróbicos. El incremento de lactato altera el equilibrio ácido-base produciendo acidosis láctica que puede comprometer la vida del paciente, por lo que la determinación de lactato es una prueba diagnóstica con repercusiones importantes en el manejo y tratamiento de los pacientes. La medición de lactato debe realizarse en unas condiciones determinadas según el método empleado, incluyendo el tipo de muestra.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados de lactato en sangre venosa periférica determinados en dos tipos de muestras: plasma y suero.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron pacientes a los que se les solicitó determinación de lactato en sangre venosa periférica. El lactato se determinó mediante método enzimático de referencia homologado por la Federación Internacional de Química Clínica (IFCC) utilizando el autoanizador DIMENSION EXL (Siemens Diagnostic®) en dos tipos de muestras del mismo paciente:

1. Plasma: muestra recomendada por el fabricante del reactivo (Siemens Diagnostic®), obtenido tras la centrifugación a 4000 rpm durante 4 minutos de sangre venosa periférica en tubo con anticoagulante de EDTA (Vacuette®).
2. Suero: obtenido tras la centrifugación a 4000 rpm durante 4 minutos de sangre venosa periférica en tubo con gel separador (Vacuette®).

Se realizó análisis estadístico calculando el rango de correlación rho de Spearman, la ecuación de regresión de Passing and Bablok y la comparación de Bland and Altman, utilizando el programa informático Medcalc®.

RESULTADOS:

Se incluyeron un total de 27 pacientes. Los niveles de lactato medidos en plasma fueron de 0,90 a 7,90 mmol/L, resultando una mediana de 2,3 mmol/L; y los medidos en suero de 0,90 a 8,50 mmol/L siendo la mediana de 2,4 mmol/L. El rango de correlación rho de Spearman resultó 0,937 ($p < 0,0001$). La ecuación de regresión de Passing and Bablok fue: $EDTA = 0,0000 + 0,9231 \times \text{SUERO}$. La media de las diferencias mediante la comparación de Bland and Altman resultó -0,16 mmol/L y el valor de +2 desviaciones estándar (DS) de las diferencias fue 0,96 mmol/L y de -2 DS resultó -1,28 mmol/L.

CONCLUSIONES:

Los resultados obtenidos en suero son ligeramente superiores a los obtenidos en plasma, aunque tienen una correlación y regresión de alta intensidad, y la media de las diferencias puede ser despreciable, las 2 DS de las diferencias fueron muy elevadas, llegando a diferencias próximas a 1 mmol/L, diferencias que podrían tener repercusiones en la interpretación clínica del lactato. Consideramos que los resultados obtenidos en ambas muestras no son intercambiables.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 263

ESTUDIO BIOQUÍMICO DE LAS POLIGLOBULIAS, PAPEL DE LA DETERMINACIÓN DE LA P50

Autor/a/s: Ceballos Pérez, Irene Margarita; Araña Reyes, Fabiola; Molina Mendoza, Carmen; Santana Armas, Carmen del Pilar; Amador Rodríguez, Elena; Santana Benítez, Jesús.

Centro de trabajo: Servicio de Análisis Clínicos, Hospital Universitario de Gran Canaria Dr. Negrín

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: pazirene-mar@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Hemoglobina (Hb) es la proteína encargada del transporte de oxígeno en el ser humano. Desde su captación en la red capilar perialveolar pulmonar, hasta su cesión en los tejidos periféricos, la Hb tiene un comportamiento bien documentado y plasmado en la curva de disociación de la Hb. Las poliglobulias o policitemias se definen como aumentos del volumen total de los hematíes (Hematocrito (Hto) $> 52\%$ en varones y $> 48\%$ en mujeres; Hemoglobina (Hb) $> 18-18,5$ gr/dL en varones y $> 16-16,5$ gr/dL en mujeres). Su etiología es variada y se clasifican en primarias y secundarias. Su diagnóstico etiológico tiene implicaciones terapéuticas y en el seguimiento del paciente. En el algoritmo diagnóstico de las poliglobulias, se encuentra la realización de gasometría arterial con determinación de la presión parcial de oxígeno en sangre a una saturación de la hemoglobina por el oxígeno del 50% (p50).

OBJETIVO:

Análisis retrospectivo de las determinaciones de p50 realizadas en nuestro centro desde abril de 2016 a enero de 2017, estudio de los resultados obtenidos, comparación del resultado con el valor de Hto del paciente y valorar su indicación dentro del algoritmo diagnóstico, teniendo en cuenta el valor de saturación de oxígeno (Sat).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los estudios gasométricos se realizaron en gasómetro modelo ABL-800 (Radiometer Diagnostics), que en su módulo de oximetría aplica algoritmos definidos a partir de las determinaciones obtenidas directamente para el cálculo del resto de parámetros. La consulta del resto de datos analíticos así como el diagnóstico presuntivo se realizó mediante consulta al sistema informático del laboratorio (SIL, Cobas Infinity). Los datos se exportaron a tabla de datos y se hizo análisis estadístico mediante software Open Office Calc.

RESULTADOS:

En el periodo de análisis, se realizaron 18 estudios de gasometría arterial con determinación de p50. Los diagnósticos asociados fueron, mayoritariamente, 61 Poliglobulia (50%).

Los resultados de p50 fueron en todos los casos, normales (rango de referencia de p50: 24-28 mmHg), con una media de 25.36 mmHg. El valor de Hto era normal en 12 de los pacientes estudiados (66,66%). El valor de Sat fue $>92\%$ en un 93,75% (15 de 16 pacientes estudiados, con 2 excluidos al pertenecer las muestras a sangre venosa).

CONCLUSIONES:

En nuestro centro, no se ha consensado ningún algoritmo de pruebas analíticas en el estudio de las poliglobulias, si no que se solicitan todas las pruebas incluidas en catálogo relacionadas ante el hallazgo de un paciente con valores de Hto o Hb que indican poliglobulia. Según los algoritmos de pruebas diagnósticas aplicables a los casos de estudio de poliglobulia consultados, en nuestro análisis, sólo uno de los casos tendría indicada la solicitud de p50, al tener, el resto de casos aptos para estudio, una Sat $>92\%$. En este único caso, con un valor de p50 normal, se indicaría la solicitud de eritropoyetina.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 268

DERIVACIÓN DE LA ENZIMA CONVERSOR DE LA ANGIOTENSINA (ECA)

Autor/a/s: JUANA MORAL MORAL, MANUELA MORAL JURADO, M^a FRANCISCA MUÑOZ MARÍN JOAQUINA VISO RODRÍGUEZ. PEDRO FRANCISCO MOLINA SANCHEZ

Centro de trabajo: (Unidad de Gestión Clínica de Análisis Clínicos. Hospital Universitario S. Agustín de Linares (Jaén)

Localidad: LINARES - JAEN

Correo electrónico del primer firmante: juani_moral_@hotmail.com

RESUMEN:

Introducción La enzima convertora de la Angiotensina (ACE), también denominada Peptidil dipeptidasa A, es una dipeptidil carboxipeptidasa cuya función consiste en transformar, rápidamente, la Angiotensina I en Angiotensina II, interviniendo de este modo en el eje Renina-Angiotensina-Aldosterona. Su principal producción se sitúa en las células endoteliales del lecho pulmonar.

OBJETIVO:

Evaluar la prueba derivada, garantizar su recogida, remisión, integridad, seguridad, continuidad de la muestra, desde nuestro Hospital comarcal de San Agustín Linares a laboratorios EXTERNOS durante el año 2014- 2015 desde Enero hasta Diciembre:

- Identidad: que se envíe lo que se manifiesta.
- Integridad: que la muestra se mantenga en condiciones adecuadas.
- Seguridad: cumplir las condiciones y los requisitos para minimizar el riesgo.
- Continuidad: durante todo el proceso.
- Registro: de la trazabilidad del proceso.

MÉTODO:

Espectrofotometría (Cinética enzimática). Muestra: 1mL suero (El plasma EDTA interfiere en la técnica).

MATERIAL:

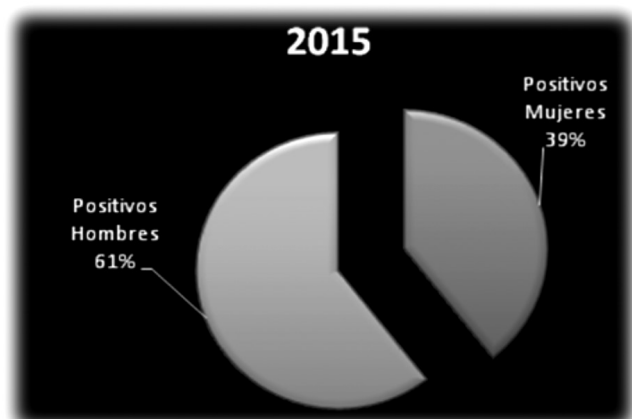
Estadísticas de la prueba enzima convertora de la Angiotensina (ACE), generadas por el

Sistema Informático del Laboratorio. Toda muestra deberá llevar su etiqueta y una solicitud de estudios por cada paciente.

Valores normales: varían en función de su edad. Los adultos tienen un nivel ACE menos de 40 microgramos / L.

RESULTADOS:

De un total de 187 muestras DERIVADAS al laboratorio de referencia, observamos que 123 tienen resultados negativos, mientras hay un incremento de Test ACE (enzima convertora de la Angiotensina) de positivos: 44 % han sido de mujeres. Mientras en hombres se observa un descenso del 10 %. La edad media de los pacientes ronda entre 40-60 años



CONCLUSIONES:

La importancia de un control de esta actividad tanto en la proporción de pruebas externalizadas, como en la frecuencia de su petición.

Valoración de la calidad, tiempo de respuesta, proximidad y tarifas.

Automaticidad de los Resultados e información, haciendo la operación más costo efectiva.

Ayuda al diagnóstico y control del paciente.

Reducción del uso de otras pruebas complementarias, así como de la estancia hospitalaria

Detección de falsos positivos con las muestras ictericas, lipemicas o hemolizadas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 273

CYFRA 21,1 Y FOSFATASA ALCALINA ÓSEA (FAO) COMO MARCADORES DE METÁSTASIS EN EL CÁNCER DE PRÓSTATA

Autor/a/s: SASTRE GARROTE, ANA MARÍA; GEA LÓPEZ, MARÍA FERNANDA; CASADO HERNÁNDEZ, MARÍA DEL CARMEN; BENITO PÉREZ, MARÍA ESPERANZA; FERNÁNDEZ MARTÍNEZ, MARÍA MERCEDES; GONZÁLEZ MARTÍN, SOFÍA; ALDEGUNDE RODRÍGUEZ, MARÍA JOSÉ; HERNÁNDEZ CERCEÑO, MARÍA LUISA.

Centro de trabajo: COMPLEJO ASISTENCIAL DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: amita63@hotmail.es

RESUMEN:

El Antígeno Prostático (PSA) es el mejor marcador biológico que tenemos actualmente para el diagnóstico de cáncer de próstata. FAO es la isoenzima ósea de la fosfatasa alcalina que se eleva en caso de remodelado óseo como sucede durante el crecimiento, en osteoporosis y en metástasis óseas. CYFRA 21-1 es una citoqueratina que se eleva en situaciones de malignidad como cáncer de pulmón y en diseminación metastásica procedente de diversos tumores.

OBJETIVO:

Encontrar los marcadores biológicos que nos indiquen la presencia de metástasis de forma precoz, principalmente en hueso, que suelen ser los más frecuentes en cáncer de próstata.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron 52 varones, procedentes de la consulta de urología del Complejo Hospitalario de Salamanca, a los que se realizó las siguientes pruebas: PSA, CYFRA 21-1, FAO, de los cuales 25 presentaban metástasis y, los otros 27 estaban en remisión.

FAO se midió en el sistema ids-isis (VITRO), PSA Y CYFRA 21-1 en cobas 602 (ROCHE). FAO se midió a través de un ensayo inmunoenzimático (ELISA) en ids-isis (VITRO). CYFRA 21-1 y FAO se cuantificaron con una electroquimioluminiscencia en el modular cobas 602 de ROCHE. Los cálculos se realizaron con el paquete estadístico SPSS 18.0.

RESULTADOS:

Se hicieron test de normalidad (Shapiro-Wilk). Para las tres pruebas, la población tenía una distribución no normal, por lo que empleamos medianas y percentiles.

	PSA(ng/ml)	CYFRA21.1(ng/ml)	FAO(µg/l)
NO METÁSTASIS	MEDIANA: 0.40	MEDIANA: 1.96	MEDIANA: 18.10
	P10 : 0.0030	P10 : 1.027	P10 : 12.24
	P90:30.86	P90:4.05	P90:28.42
METÁSTASIS	MEDIANA: 28.99	MEDIANA: 2.30	MEDIANA: 32.10
	P10 : 2.08	P10 : 1.532	P10 : 10.84
	P90:1077.86	P90:10.12	P90:379.60

Hacemos una curva ROC con los tres parámetros, encontrando las siguientes áreas bajo la curva, para PSA 0.855, para CYFRA21-1 0.663 y para FAO 0.759.

Calculamos sensibilidad y especificidad para cada uno de los marcadores en caso de metástasis, encontrando los siguientes resultados:

- FAO para un cut off de 22 µg/l sensibilidad(S)= 76% y especificidad

(E) 74.1%, para CYFRA21, 1 para un cut off de 2.23 ng/ml, S=56% y E=63%, para PSA para un cut off de 9.33 ng/ml S=76% y E=74.1%. Utilizando los tres marcadores, tenemos una sensibilidad combinada 78.8% y una especificidad de 72.7%.

CONCLUSIONES:

El empleo de los 3 marcadores nos mejora de forma clara la sensibilidad para descubrir metástasis óseas sin que se pierda especificidad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 274

GESTION AUTOMATIZADA DEL INVENTARIO DE REACTIVOS EN EL LABORATORIO

Autor/a/s: Rosalina Morán Morán, Estíbaliz Pastor Urrechú, Isabel Alonso Díez, Julia Moreno Morillo, Lourdes Olano García.

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Alava

Localidad: Vitoria - Gasteiz

Correo electrónico del primer firmante: rosi151966@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

ONESTOCK (nevera robotizada de gran capacidad), nace de la necesidad en los laboratorios de tener el stock de los reactivos de una forma ordenada por fechas de caducidad, volúmenes, lotes, & en un espacio lo más reducido posible.

OBJETIVOS:

Generalizar la utilización de Onestock con el fin de mejorar la gestión de pedidos, de caducidades y el almacenamiento de los reactivos utilizados en el Core-Lab de nuestro Laboratorio.

MATERIAL:

Nevera robotizada (ONESTOCK) de gran capacidad

Programa informático para la gestión del sistema (FLUX)

RESULTADOS:

Gestión de caducidades

- Antes de la utilización del ONESTOCK en un 2% del volumen total de reactivos utilizados en el Core Lab había problemas de caducidad.

- No se ha dado ningún caso desde el inicio de la implantación de este sistema, utilizando la identificación de códigos de barras de los envases de los reactivos

Gestión del inventario

- Para efectuar una revisión del stock y realizar el inventario, antes se necesitaban 1h semanal dentro de las cámaras de frío

- En la actualidad el inventario lo proporciona el sistema de gestión con el operador fuera de cámara.

- Se ha mejorado enormemente la practicabilidad minimizando la exposición de los trabajadores al frío

Gestión de pedidos

- Los pedidos se efectuaban introduciendo los datos de los productos a solicitar en hojas excell necesitándose de 15 a 20 minutos por pedido

- Con el sistema implantado Flux elabora un informe de pedido que sólo requiere de 5 minutos para su revisión

- Estamos trabajando en la conexión directa de este sistema con SAP (sistema de gestión de compras del HUA)

Gestión de roturas de Stock

- En lo que se refiere a roturas de stock no se dispone de datos previos fiables, pero si se puede asegurar que durante el último año no ha habido ninguna

CONCLUSIONES:

Gracias a ONESTOCK hemos conseguido:

- Mejorar la gestión de las caducidades

- Facilitar la gestión del inventario de los reactivos

- Mejorar la practicabilidad: Menor exposición al frío de los profesionales.

- Mejorar la gestión de pedidos

- Mejorar la gestión del stock

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 278

CORRELACIÓN ENTRE TRES MÉTODOS DE ESTUDIO DEL SEDIMENTO DE ORINA

Autor/a/s: ESTHER RODRÍGUEZ REBOLLO, ANA BELÉN COLODRON IGLESIAS, MARÍA ELENA CABERO FERNANDEZ, PILAR YOLANDA TOLEDO GUERRA, LORENA RODRÍGUEZ LORENZO, EDUARDO HIGUERAS MORA, ADELA CORTÉS GIMÉNEZ-CORAL, LEYRE CARDO GONZÁLEZ

Centro de trabajo: A.G.C. LABORATORIO DE MEDICINA - SERVICIO DE BIOQUÍMICA - HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: esther.rodriguez.rebollo@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El análisis del sistemático y sedimento urinario es una de las principales pruebas solicitadas al laboratorio. La automatización del análisis del sedimento urinario ha permitido optimizar los tiempos de respuesta, pero sigue siendo necesario realizar el recuento manual en determinadas situaciones (muestras con gran cantidad de elementos formes o revisión de cilindros, hematíes dismórficos, etc.). Es necesario conocer la correlación entre el análisis manual y el análisis automatizado en estos casos, para poder informar los resultados indistintamente.

OBJETIVOS:

Estudiar la correlación entre el análisis automático (Sedimax) y el análisis manual del sedimento urinario.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el estudio se analizaron 30 muestras de orina de micción aislada, recogidas en tubos (Menarini) de 9,5 mL sin conservante. El análisis automático se llevó a cabo en un analizador Sedimax, y las muestras se centrifugaron posteriormente a 1500 rpm durante 5 minutos, eliminando el sobrenadante y analizando el sedimento al microscopio óptico a 400 aumentos, en cámara Kova y en porta y cubre de 22x22 mm (25µl de muestra). Cada muestra fue analizada por dos observadores distintos, por los tres métodos indicados, anotando el promedio de leucocitos y de hematíes por campo. Se excluyeron del análisis las muestras sin hematíes (n=12) y sin leucocitos (n=2). Se analizaron el índice de concordancia entre ambos observadores (índice Kappa) y la correlación del recuento celular entre distintos métodos de medida mediante el gráfico de Bland Altman y el análisis de regresión Passing Bablok (MedCalc® v 11.3.0.0).

RESULTADOS:

Tanto en el recuento de leucocitos (n=28) como de hematíes (n=18) se obtuvo una concordancia entre observadores alta para el análisis mediante Sedimax (Kappaleucocitos =0.807; Kappahematíes=0.825), porta y cubre (Kappaleucocitos =0.754; Kappahematíes=0.727) y cámara Kova (Kappaleucocitos =0.722; Kappahematíes=0.840).

Se obtuvieron recuentos de leucocitos más elevados en el Sedimax que en el análisis mediante porta y cubre (media 2.4%), y más bajos que en el recuento en la cámara Kova (media -26.2%). Las rectas de regresión Passing-Bablok fueron: $y=x$ e $y=0.42+0.89x$, respectivamente.

El recuento de hematíes fue superior en el Sedimax respecto al recuento en porta y cubre (media 19.7%), e inferior en comparación con el recuento en cámara Kova (media -4.8%). Las rectas de regresión Passing-Bablok fueron: $y=1.3+1.1x$ e $y=0.41+0.97x$, respectivamente.

El cociente medio entre el recuento celular en el Sedimax/porta y cubre y Sedimax/cámara Kova fue de 1.1 y 0.8, respectivamente, para los leucocitos, y de 1.2 y 1, respectivamente para los hematíes.

CONCLUSIONES:

El análisis del sedimento automatizado mediante el analizador Sedi-max mejora ligeramente la concordancia entre observadores, tanto para el recuento de hematíes como de leucocitos, respecto a los métodos manuales, al estandarizar el proceso y disminuir la variabilidad en el procesamiento de las muestras.

Cuando sea necesario realizar el análisis manual de las muestras, bien mediante análisis en cámara Kova, o, de no ser posible, en porta y cubre, se han de aplicar los factores de corrección descritos para que los resultados informados sean equivalentes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 282

EXOFTALMOS UNILATERAL E HIPOTIROIDISMO: UNA ASOCIACIÓN INFRECUENTE. IMPORTANCIA DEL LABORATORIO CLÍNICO

Autor/a/s: BOSCH GARVIA CRISTINA, GUTIERREZ MELENDEZ MARIA DEL CARMEN, VILLARRUBIA MARTIN-VILLAMUELAS ELVIRA, VALENTIN SANCHEZ NOELIA, GONZALEZ MONTES ANA MARÍA, ESCOLANTE CRUZ MIRIAM, RODRIGUEZ RODRIGUEZ INMACULADA, BLANCO GARCÍA JOAQUIN, GOMEZ GARCIA RAQUEL, GOMEZ TORIJA MARIA DEL CARMEN.

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: cbosch@sescam.jccm.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La oftalmopatía u orbitopatía tiroidea (OT), junto con las masas craneales, son consideradas las causas más prevalentes de proptosis ocular. El hipertiroidismo se define como el estado hipermetabólico que se produce por un aumento de las concentraciones séricas de las hormonas tiroideas. Las causas más frecuentes son por orden de frecuencia: enfermedad de Graves-Basedow (EG), bocio multinodular y adenoma tóxico.

La EG se caracteriza, en particular, por la presencia de hipertiroidismo, bocio difuso, oftalmopatía y, rara vez, mixedema pretibial.

La OT se detecta en aproximadamente entre el 25-60% de los pacientes con EG en el momento del diagnóstico y en torno al 0,1-0,3% de la población general. Siendo el 5% casos moderados-graves. La mayor parte de los signos y síntomas de la OT se explican por el incremento de volumen del contenido orbitario (tejidos blandos) que rodea la órbita, de los músculos extraoculares y del tejido conjuntivo retroocular, así como la infiltración de las células inflamatorias e incremento de los glucosaminoglicanos. Este proceso inflamatorio puede desplazar el ojo hacia afuera, produciendo protrusión y aspecto de ojo saltón (exoftalmos o proptosis). Las manifestaciones clínicas incluyen diplopía, proptosis o síntomas relacionados con exoftalmos y exposición corneal tales como mirada fija o brillante, hiperemia conjuntival, lagrimeo, sensación de arenilla, fotofobia, retracción palpebral, dolor con los movimientos oculares, inflamación, eritema palpebral, y, en casos severos, afectación corneal (queratitis) y daño del nervio óptico con disminución de la agudeza visual.

Los síntomas oculares, generalmente, comienzan 6 meses antes o después del diagnóstico de la EG. La enfermedad ocular puede seguir progresando, incluso, después de una adecuada terapia del hipertiroidismo y normalización de los niveles hormonales, es decir, el hipertiroidismo y la OT no implican un curso dependiente. En ocasiones, algunos pacientes con síntomas oculares nunca terminan desarrollando hipertiroidismo. Se desconoce la causa, aunque la hipótesis autoinmune es la más plausible. Los principales factores de riesgo de la oftalmopatía son el tabaquismo, tratamiento con radioyodo y altos niveles de Anticuerpos Anti-receptor de TSH (TSHRAc).

OBJETIVOS:

Describir un caso infrecuente de paciente con hipertiroidismo autoinmune con asociación de OT unilateral. Los signos y síntomas pueden

llegar a ser poco específicos, por lo que el diagnóstico se basa en las pruebas de laboratorio. El Laboratorio Clínico es fundamental para la correcta evaluación de la gravedad y actividad de la enfermedad, y, por lo tanto, adecuada planificación del tratamiento. El manejo de esta patología debe realizarse a través de un equipo multidisciplinar.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Mujer de 58 años de edad, diagnosticada y tratada de hipertiroidismo crónico autoinmune (Hashimoto) desde hace años. Con adecuado control de su patología. Acude al Servicio de Urgencias de Oftalmología por presentar escozor y picor, con ligera molestia de los movimientos oculares y diplopía en algunas posiciones de la mirada. La exploración física, confirmó asimetría orbitaria con ojo izquierdo, ligeramente más proptótico y leve hiperemia difusa en ambos ojos. Blefaritis mixta.

Analizador y reactivos: Los parámetros analíticos tiroideos TSH, T4 Libre, T3 Libre y los Anticuerpos IgG antiperoxidasa (TPO) se determinaron en el analizador Architect® i2000SR de Abbott Diagnostics (CMIA: Inmunoensayo quimioluminiscente), empleando los reactivos correspondientes de la casa comercial y los TSHRAc en el sistema Triturus® de Grifols (autoanalizador de ELISA abierto y completamente automático) junto con el Kit ELISA Fast TSH Receptor Autoantibody de RSR®.

Centrífuga y tratamiento de la muestra: Kubota® 8420 (programación a 3500 rpm, 10 min a 25°C). Las muestras de suero fueron analizadas poco tiempo después de la separación (tiempo inferior a 8h a 25°C), excepto las muestras para determinación de TSHRAc que fueron almacenados en alícuotas a temperatura de -20°C hasta su análisis.

RESULTADOS:

Destaca la presencia en las primeras analíticas de sangre de la paciente un hipertiroidismo clínico autoinmunitario: TSH 31,5 µU/mL (0,5-4), T4 Libre 0,66 ng/dL (0,8-2), T3 Libre 3,25 pg/mL (1,7-4), Anticuerpos IgG antiperoxidasa (TPO) > 1000 UI/mL (0,0-5,61) que se trató por parte del Servicio de Endocrinología con Levotiroxina, presentando un buen control posterior: TSH 2,1 µU/mL (0,5-4), T4 Libre 1,1 ng/dL (0,8-2), T3 Libre 2,55 pg/mL (1,7-4), Anticuerpos IgG antiperoxidasa (TPO) 315 UI/mL (0,0-5,61). La paciente presentaba bocio, palpable pero no visible ni siquiera con el cuello en extensión (bocio grado Ia), sin adenopatías adyacentes. La ecografía confirmó una glándula heterogénea sin nódulos.

Para descartar la presencia de una masa intracraneal, se realizó TAC craneal (dentro de la normalidad) y orbitario (globos oculares de tamaño y morfología normales, proptosis izquierda, aumento difuso del grosor de los ventres musculares de la órbita izquierda, con predominio posterior, fundamentalmente de los músculos recto inferior, lateral y superior y con leve aumento de la grasa intra y extraconal. Asimetría de los nervios ópticos) con juicio clínico de oftalmopatía tiroidea. Ante la presencia de estos hallazgos se amplió el estudio tiroideo con la determinación de los TSHRAc, cuyo resultado fue 3,18 UI/L (Positivo > 2,0).

CONCLUSIONES:

La OT es un proceso localizado en la órbita, en el que una reacción inmunológica contra un autoantígeno, que probablemente es el receptor de TSH, produce una reacción inflamatoria que afecta a la musculatura extraocular y al tejido orbitario. A pesar de su nombre, la oftalmopatía de Graves no es una entidad exclusiva de la enfermedad de Graves-Basedow, se ha descrito, excepcionalmente, asociada hasta en un 10% de los casos, a otras formas de tiropatía crónica autoinmune. Esta prevalencia refuerza la hipótesis de algunos autores que consideran la tiroiditis autoinmunitaria como un único proceso clínico. Así, aunque las técnicas de imagen orbitarias confirman su presencia en prácticamente todos los casos de EG, en los raros casos de oftalmopatía unilateral en pacientes con tiroiditis autoinmune y TAC orbitario sugestivo, el Laboratorio Clínico juega un papel fundamental cuando el diagnóstico es incierto, con la detección de alta sensibilidad y especificidad de los TSHRAc.

Número: 289

TRANSFERENCIA DE NEFELOMETRÍA EN BN II A TURBIDIMETRÍA EN ARCHITECT C16.000 PARA PARÁMETRO BETA2-MICROGLOBULINA

Autor/a/s: Isabel Alonso Díez*, Rosalina Morán Morán*, Estibaliz Pastor Urrechú*, Julia Moreno Morillo*, Lourdes Olano García*

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Álava

Localidad: Vitoria-Gasteiz

Correo electrónico del primer firmante: ferisa91@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La 2-Microglobulina es un polipéptido de bajo peso molecular (11.800Da) que migra en la región Beta 2 de proteinograma.

Forma parte de la cadena ligera del Complejo Mayor de Histocompatibilidad de clase I, presente en todas las células nucleadas.

Es sintetizada por numerosas células, particularmente linfocitos, de modo que sus concentraciones séricas dependerán, en gran medida de la renovación de la membrana celular y de la velocidad de aclaramiento.

Se utiliza como:

- marcador pronóstico de Mieloma Múltiple y enfermedad Hodgkin.
- indicador temprano de recidivas en Linfomas no Hodgkianos.
- indicadores inflamatorios/infecciosos (VIH - riesgo de progresión a SIDA de infectados)

Se elimina fácilmente por filtrado glomerular y se reabsorbe y cataboliza a nivel del túbulo proximal, de ahí su más temprana y conocida aplicación, valorar el daño tubular proximal en función de su concentración en orina.

En nuestro laboratorio coexisten dos posibilidades técnicas para su valoración: la inmunonefelometría, actualmente en rigor; y la inmuno-turbidimetría, a la que queremos transferir la medición del parámetro.

OBJETIVOS:

Transferencia de nefelometría en BN II a turbidimetría en Architect C16000 para parámetro Beta2-Microglobulina con aumento de eficiencia tanto en tiempo como económicamente, puesto que el equipo está implantado en CORE Laboratorio.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La evaluación de la Beta 2 Microglobulina ha sido realizada sobre 57 muestras de pacientes recogidas aleatoriamente y 81 controles comerciales de TechnoPath.

Siendo los valores de referencia para dicho parámetro entre 0.7 y 1.8 mg/L, han sido procesadas 14 muestras con resultados menores de 2.5 mg/L, 22 muestras entre 2.5 y 6 mg/L, 10 muestras entre 6 y 16 mg/L, y 11 muestras con resultados mayores de 16 mg/L. De este modo, ha sido valorado todo el espectro de posibles resultados para el parámetro.

Todas las muestras han sido procesadas en una misma serie por ambas técnicas en sendos equipos: Inmunonefelometría en el instrumento BNII de Siemens; e Inmuno-turbidimetría en el equipo de Abbott, Architect c16.000 .

Los resultados presentados a continuación han sido posibles mediante las técnicas estadísticas correlación lineal de Passing-Bablok y análisis de diferencias de Altman-Diamon mediante el Paquete estadístico MethVal.

RESULTADOS:

Mediante los resultados diarios proporcionados por los controles comerciales TechnoPath ha sido valorada la imprecisión interdía de la Inmuno-turbidimetría de Abbott siendo sus resultados más que aceptables:

	CV intradía	CV interdía
Nivel 1 (0.53 mg/mL)	1.2%	3.9%
Nivel 2 (1 mg/mL)	0.8%	3.2%
Nivel 3 (6.7 mg/mL)	1%	1.3%

El análisis estadístico de los resultados de las muestras de pacientes proporcionado por los dos equipos ha sido realizado mediante el análisis de las diferencias mediante Altman-Bland. y la regresión de Passing-Bablok.

El análisis de Altman-Bland demuestra que la media de las diferencias entre los dos métodos es 0.703, siendo la dispersión del error aleatorio (imprecisión) de 0.425-0.981.

El método de comparación de Passing-Bablok presenta una recta de regresión con un valor de intercepción de -0.066 (-0.200-0.035) y un coeficiente de la pendiente de 1.080 (1.050-1.120) que nos informa de que no hay diferencia sistémica entre los dos métodos, pero existe una ligera diferencia proporcional entre ellos.

CONCLUSIONES:

Confirmando que la diferencia entre los errores sistemáticos resultantes de ambas técnicas es menor de un tercio del Coeficiente de Variación intraindividual para la Beta 2 Microglobulina (5.9), se puede concluir que las dos técnicas son intercambiables.

Número: 292

REDUCCION DEL NUMERO DE TUBOS EXTRAIDOS EN EL PROCESO DE INTEGRACION DE LABORATORIOS

Autor/a/s: MARIA LIDINA MARTIN GONZALEZ, ARANZAZU LOPEZ BARDECI, ANA ISABEL MARTINEZ, MARIA ESTIBALIZ PASTOR URRECHU, BLANCA AGUIRREZABAL GARCIA DE CORTAZAR.

Centro de trabajo: Laboratorio Central del HUA

Localidad: Vitoria

Correo electrónico primer firmante: mlidina.matingonzalez@osakidetza.net

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Con motivo de la integración de varios laboratorios en uno único: Laboratorio Central del HUA (Hospital Universitario de Álava), se planteó en la fase preanalítica reducir el número de tubos necesarios en cada extracción.

OBJETIVOS:

Extraer un único tubo sin anticoagulante (tapón rojo) para realizar todas las pruebas que requieran suero para su procesamiento.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Cadena de automatización: //(Flexlab)

- Procesa todo tipo de muestras: Suero, sangre total, plasma, orina&
- Realiza un alto porcentaje de las pruebas solicitadas que requieren suero : Bioquímica General, Hormonas, Marcadores Tumorales, Fármacos, Vitaminas, Pruebas de Serología de alto volumen.
- Permite preparar las alícuotas de suero necesarias para el resto de áreas del laboratorio.

El tubo de tapón rojo de 10cc entra en cadena y se va introduciendo en los distintos analizadores para realizar las pruebas solicitadas de cada una de las áreas mencionadas.

RESULTADOS:**TUBOS**

Antes de la integración se extraían para pruebas de suero dos tubos secos por paciente:

- 1 tubo rojo de 5cc para las pruebas de Bioquímica General
- 1 tubo rojo de 10cc para el resto de pruebas.

En la actualidad un único tubo rojo de 10cc para todo, lo que ha supuesto una reducción total (100%) de los tubos de 5cc facilitando la labor de la extractora y obteniendo menos sangre del paciente.

ALICUOTAS

Antes de la integración se realizaban las siguientes alícuotas:

- 1 Serología en todos los casos
- 1 Marcadores Tumorales y Hormonas
- 4 Autoinmunidad
- 2 Proteínas en todos los casos
- 1 Laboratorios Externos

En la actualidad:

- 1 sólo en caso de Serología especial
- No se precisa la de Marcadores, Hormonas
- 1 Autoinmunidad
- 1 sólo Proteínas especiales
- 1 Laboratorios Externos

Esto ha supuesto una reducción de un 60% en las alícuotas generadas

CONCLUSIONES:

Se ha conseguido extraer un único tubo seco (tapón rojo) a cada paciente para el análisis de cualquier prueba que requiera suero para su realización y también se han reducido el número de alícuotas generadas por tubo extraído.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 294

UTILIDAD DE LEUCOCITOSIS, PCR Y PCT EN EL DIAGNÓSTICO DE LA APENDICITIS AGUDA

Autor/a/s: INMACULADA SEGOVIA LUDEÑA; M^a ÁNGELES DEL DEDO TORRE; ANA AGUADO SEVILLA; ANA IGLESIAS DEL BARRIO; CRISTINA MENÉNDEZ CUEVAS; M^a ÁNGELES CUADRADO CENZUAL

Centro de trabajo: Servicio de Análisis Clínicos. Hospital Clínico San Carlos

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: inmaculada.sl1962@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El diagnóstico de la apendicitis aguda es fundamentalmente clínico. Analíticamente destaca la existencia de leucocitosis así como el aumento de proteína C reactiva (PCR). En los casos dudosos se recurre a técnicas de imagen: ecografía (preferible en niños y mujeres jóvenes) ó TAC (mayor sensibilidad pero mayor radiación).

El diagnóstico en niños y adultos jóvenes es complicado debido a la amplia variedad de características clínicas atípicas que presentan.

Es importante contar con herramientas que ayuden en el diagnóstico de apendicitis aguda en estos pacientes.

OBJETIVOS:

Valorar la utilidad de la combinación de 3 marcadores analíticos: leucocitosis, procalcitonina (PCT) y proteína C reactiva (PCR), en el diagnóstico de apendicitis aguda en este grupo de edad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron pacientes atendidos en el Servicio de Urgencias con sospecha de apendicitis aguda, con edades comprendidas entre 2 y 20 años.

Se obtuvo de cada uno de ellos la cifra de leucocitos, proteína C reactiva (PCR) y procalcitonina (PCT) en el momento de su llegada a la urgencia.

El análisis de los datos se realizó a partir de curvas ROC.

RESULTADOS:

El tamaño de la muestra fue de 76 pacientes con sospecha de apendicitis aguda. El diagnóstico de apendicitis en las dos semanas siguientes se confirmó en 12 de estos pacientes (15,8%). La media de edad fue de 11,8 años. Los resultados analíticos se distribuyeron de

la siguiente manera:

	NO APENDICITIS	APENDICITIS	TOTAL
Leucocitos > 10000; PCR > 0,5	26	8	34
Leucocitos ≤ 10000; PCR ≤ 0,5	22	2	24
TOTAL	64	12	76

S = 0,67; E = 0,59; VPP = 0,24; VPN = 0,90

	NO APENDICITIS	APENDICITIS	TOTAL
Leucocitos > 10000; PCR > 0,5; PCT > 0,05	42	10	52
Leucocitos ≤ 10000; PCR ≤ 0,5; PCT ≤ 0,05	22	2	24
TOTAL	64	12	76

S = 0,83; E = 0,34; VPP = 0,19; VPN = 0,92

CONCLUSIONES:

El 92 % de los pacientes que presentan leucocitos ≤ 10000, PCR ≤ 0,5 y procalcitonina ≤ 0,05, no presentan apendicitis aguda. El 90 % de los pacientes que presentan leucocitos ≤ 10000 y PCR ≤ 0,5 no presentan apendicitis aguda.

La combinación de los parámetros analíticos leucocitos y PCR en este grupo de pacientes con sospecha de apendicitis aguda presenta un elevado valor predictivo negativo (VPN) para su diagnóstico, la procalcitonina mejora ligeramente este valor.

Serían necesarios más estudios para evaluar si esta mejora en el valor predictivo negativo al incluir la procalcitonina, compensa el coste económico de dicha determinación.

También habría que aumentar el número de casos para poder estudiar la influencia de la duración del proceso en los valores de estos biomarcadores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 295

SISTEMA DE CONTROL DE RECEPCIÓN DE MUESTRAS TRANSPORTADAS EN NEVERA

Autor/a/s: ANA ISABEL MARTINEZ MARTINEZ, MARIA LIDIMA MARTIN GONZALEZ, MARIA BLANCA FERNANDEZ LOPEZ DE LAPUENTE, MARIA DEL CARMEN ARMENTIA GAMARRA, MARIA ARANZAZU ACHAERANDIO LOPEZ

Centro de trabajo: Laboratorio Central del HUA

Localidad: Vitoria

Correo electrónico del primer firmante: izarraluna@hotmail.com

RESUMEN:

Sistema de control de recepción de muestras transportadas en nevera

INTRODUCCIÓN:

En la Unidad de Recepción de muestras del Laboratorio Central del HUA (Hospital Universitario de Álava) se reciben muestras de 68 puntos de extracción: 15 puntos urbanos, 49 puntos en zona rural, 4 centros hospitalarios. El transporte se realiza en neveras que cumplen la norma ADR.

En el registro de incidencias de la fase preanalítica detectamos en algunas ocasiones que por error no se ha realizado el vaciado completo de las muestras transportadas. Por este motivo, hemos diseñado un sistema de control como acción correctora de este problema.

OBJETIVO:

Reducir el número de incidencias en el vaciado de las neveras, mediante un sistema de control utilizando la identificación de cada una de las mismas con código de barras y un programa de gestión de rutas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Etiquetas de códigos de barras identificativas de cada nevera

Se han pegado en el interior de cada nevera una etiqueta de código de barras que la identifica teniendo en cuenta la ruta a la que pertenece.

Lector de código de barras inalámbrico

Terminado el vaciado de las neveras se escanea el código de barras con este lector

Programa de gestión de rutas desarrollado por el Servicio de Informática del HUA.

Permite mediante la lectura realizada tener información de la hora de llegada de las neveras así como del control de vaciado completo de las mismas..

RESULTADOS :

Año 2015: En 6 ocasiones no se procedió al vaciado completo de alguna nevera quedando en su interior alguna muestra.

Año 2016: Con el establecimiento de este sistema de control no se ha producido ningún caso de vaciado incompleto

CONCLUSIONES :

Se ha conseguido evitar que se queden muestras sin recepcionar en las neveras de transporte.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 296

ESTUDIO COMPARATIVO DE DOS MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE INMUNOGLOBULINAS IGG, IGM E IGA, CADENAS LIGERAS KAPPA LIBRES (KL), CADENAS LIGERAS LAMBDA LIBRES (»L), BETA2 MICROGLOBULINA (»2M) Y COMPLEMENTO C3C Y C4

Autor/a/s: MILLÁN MARTÍN, JUAN CARLOS; MONTESDEOCA QUINTANA, ELISA DEL CARMEN; MOLINA RAMÍREZ, MARÍA CANDELARIA; MENDOZA QUINTANA, MARÍA MERCEDES; GIL REYES, MARÍA MERCEDES; RAMOS PEÑA, MARÍA CRUZ.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE GRAN CANARIA DR. NEGRÍN

Localidad: LAS PALMAS

Correo electrónico del primer firmante: jcmm5990@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las inmunoglobulinas (Ig) son glucoproteínas producidas por células plasmáticas como parte de la respuesta inmune humoral. Las fracciones C3c y C4 son dos factores fundamentales del sistema del complemento. Las cadenas ligeras kappa libres (Kl) y lambda libres (»l) en suero así como de la beta 2 microglobulina (2m) se utilizan en el diagnóstico y monitorización de pacientes con gammopatías monoclonales. Actualmente en nuestro laboratorio utilizamos un método basado en la inmunonefelometría (IN) para la medida de estos parámetros y nos propusimos compararlo con un método inmunoturbidimétrico (IT) para valorar la concordancia y la transferibilidad de resultados.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados obtenidos por dos métodos inmunonefelometría vs inmunoturbidimetría.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron 46 muestras de suero para medir estos parámetros por dos métodos: IN en un analizador BN II de Siemens Diagnostics e IT en un analizador Optilite de Binding Site. El análisis estadístico con test de Shapiro Wilk para comprobar la normalidad, y la regresión de Passing Bablok, el coeficiente de correlación interclase y el gráfico de Bland y Altman para el análisis de concordancia, considerando la IN el método de referencia. Programa estadístico R core Team 2014.

RESULTADOS:

IgG : coeficiente de correlación de concordancia (r de Pearson) = 0.94 con intervalo de confianza del 95 % (IC 95%) = 0.9-0.97. (p<0.001). IgA: r = 0.99 con IC 95 % de 0.99-1 (p<0.001). IgM: r = 0.99 con IC 95% de 0.99-1 (p<0.001). C3c: r = 0.78 con IC 95%= 0.63-0.87 (p<0.001). C4: r = 0.83 con IC 95% = 0.71-0.9 (p<0.001). Kl: r = 0,92 con IC 95%=0,87-0,95(p<0.001). »l: r = 0,96 con IC 95%=0,93-0,98(p<0.001). »2m: r = 0,96 con IC 95%=0,93-0,98(p<0.001).

CONCLUSIONES:

Para las IgG, IgA, IgM, »l y 2m la correlación entre ambos métodos fue sustancial, para Kl moderada y para C3c y C4 fue pobre. Aunque ambos métodos son intercambiables, existe un sesgo positivo que es mayor a mayor concentración excepto para »l. En el caso de plantearse un cambio de metodología se hace necesario establecer nuevos valores de referencia. No obstante como el tamaño muestral es reducido el estudio podría ampliarse para futuras valoraciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 301

ESTUDIO DE LA ESTABILIDAD DE DIFERENTES MAGNITUDES BIOQUÍMICAS EN SUERO REFRIGERADO

Autor/a/s: Begoña Gaspon Barros, Roxana Rodríguez Rodríguez, Ana Isabel Suárez García, María Rodríguez Mata, Oihana Ortiz Pastor, Daniel Queimaliños Pérez, Lucía Vidal Pérez

Centro de trabajo: Hospital Universitario San Agustín

Localidad: Avilés

Correo electrónico del primer firmante: begonagaspon@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Existen diferentes variables preanalíticas que pueden afectar a la estabilidad de los componentes de una muestra, influyendo en los resultados bioquímicos derivados. La temperatura de almacenamiento es una de esas variables, fundamentalmente en caso de que no se realice la medición inmediatamente después de la extracción, bien por criterios organizativos del laboratorio o por petición facultativa diferida.

OBJETIVOS:

Evaluar la estabilidad durante 12 días (tiempo medio de almacenamiento de las muestras en el laboratorio) de ácido fólico, vitamina B12, prealbúmina, estradiol, PSA libre y troponina en sueros refrigerados a 4°C.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se obtuvieron dos pools de sueros con diferentes niveles de concentración, para cada magnitud.

Se analizó cada magnitud diariamente, realizando tres mediciones consecutivas para cada nivel, en analizadores COBAS 6000 y COBAS 8000 (Roche Diagnostics).

Siguiendo criterios de la SEQC ML (Sociedad Española de Medicina de Laboratorio), la estabilidad se define según la siguiente fórmula:

$$EST = 1,65 \times CVa$$

donde 1,65 es el valor que asegura una confianza estadística del 95%, y el CVa corresponde al coeficiente de variación analítico del laboratorio para cada magnitud en los 30 días previos al análisis. Se consideró sobrepasado el límite de estabilidad cuando el coeficiente de variación observado (Cvo) fue mayor que EST.

RESULTADOS:

Se presentan los CVa calculados para cada magnitud y nivel, y la estabilidad en días determinada para cada una de ellas:

Magnitud	CVa 1 ^a	CVa 2 ^a	EST 1 ^b	EST 2 ^b	Estabilidad (días)
PREALB	3,5	2,7	5,7	4,5	12
B12	3,1	2,5	5,1	4,1	12
FOL	8,1	4,1	13,3	6,7	6
PSAL	4,3	3,3	7,0	5,4	3
ESTR	3,8	3,0	6,3	4,9	9
TNT	4,3	3,1	7,1	5,1	12

* CV analítico del nivel de control interno normal (1) y patológico (2).

* CV máximo aceptable para el nivel normal (1) y patológico (2).

CONCLUSIONES:

La estabilidad de todas las magnitudes, con la excepción de ácido fólico y PSA libre, fue mayor de una semana. En todos los casos dichas estabildades son muy superiores a las recomendadas por Roche Diagnostics en sus metódicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 302

PORCENTAJE EMBARAZADAS DIAGNOSTICADAS DE DIABETES GESTACIONAL

Autor/a/s: Carmen del Pilar Santana Armas, Dolores Rodriguez Martel, Magnolia Molina Gil, Irene Margarita Ceballos Perez, Clara Robaina Sosa, Patricia Nogueira Salgueiro

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Gran Canaria Dr. Negrin

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: mesain61@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La diabetes gestacional (DMG) es un tipo de diabetes que se desarrolla durante el embarazo.

Para su diagnóstico se realiza el test de O Sullivan entre las 24 a 28 semanas de gestación, este consiste en la administración de un preparado que contiene 50g de glucosa.

En nuestra comunidad, debido a la alta prevalencia de Diabetes Mellitus, este test se realiza también en el primer trimestre para el diagnóstico de DMG.

En el test de O'Sullivan se determina la glucosa sanguínea, antes de la administración del preparado y a los 60 minutos de la toma.

Se considera positivo si cumple alguno de estos criterios:

- Glucosa basal >105 mg/dl
- Glucosa a los 60 minutos >140mg/dl

Si este test es positivo, se realizará para la confirmación de DMG a la semana una curva de 100g de glucosa, que consiste en la administración de un preparado que contiene 100g de glucosa, y se determinará los niveles de esta, antes de la administración del preparado a los 60 min, 120 min y 180 min.

Si dos de estos puntos es positivo se diagnosticará de DMG:

- Glucosa basal >105mg/dl
- Glucosa a los 60 min >190mg/dl
- Glucosa a los 120 min >165mg/dl
- Glucosa a los 180 min >145mg/dl

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación de glucosa se realiza en el COBAS 8000 (ROCHE Diagnostic) mediante el test enzimático de hexoquinasa.

OBJETIVOS:

Determinar el porcentaje de DMG que se diagnostica en nuestro medio (área norte de la isla de Gran Canaria), en el primer trimestre de gestación.

RESULTADOS:

Se realizaron 5224 test de O'Sullivan en el primer trimestre.

- 1084(23,66%) han resultado positivo (glucosa 60 m=140)
- De estos 1084 con test de O'Sullivan positivo se les realizó curva de 100g
- * 123 (11,35%) resultaron positivo DIABETES GESTACION
- * 961 (88,65%) resultaron negativos
- 4140(76,34%) tuvieron resultado de O'Sullivan negativo (glucosa 60m<140)

CONCLUSIONES:

En el primer trimestre se diagnosticaron como Diabetes Gestacional el 2,3% de las embarazadas.

Número: 305

VALORACIÓN DE LA INTERFERENCIA DE HEMOGLOBINA FETAL Y COMPARACIÓN DE LOS MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE HEMOGLOBINA GLICOSILADA

Autor/a/s: ANGELES SÁNCHEZ PORRAS, MONTSERRAT PRIETO GRUESO, SARA DEL PINO MARTINEZ, ADELAIDA MARTIN GUERRERO Y MIRIAM DIAZ ROLDÁN.

Centro de trabajo: HOSPITAL VALL DE HEBRON

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: masanchezp73@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La Hemoglobina glicosilada es la principal fracción glicosilada de la Hemoglobina Total y guarda una fuerte correlación con los niveles medios de glucemia. Las principales organizaciones sanitarias y guías clínicas relacionadas con la diabetes recomiendan su determinación tanto para el diagnóstico como el seguimiento de la enfermedad. Disponen de diferentes métodos de medida que difieren entre sí en cuanto precisión, especificidad, rapidez o interferencias frente a ciertas variantes, tanto normales como variantes anormales. Concretamente, se ha descrito que concentraciones elevadas de Hemoglobina Fetal superiores a un 2% causan interferencias negativas en la medición de hemoglobina glicosilada al usar métodos turbidimétricos, aunque dichas interferencias no se observan si se analizan mediante cromatografía líquida de intercambio iónico.

OBJETIVOS:

Comparar el método de inmunoensayo competitivo de inhibición turbidimétrico en el nuevo analizador de Roche c513 frente al método de cromatografía líquida de intercambio iónico en el analizador Menarini HA-81810V. Y determinar la interferencia producida por la presencia de concentraciones anómalas de hemoglobina fetal en la cuantificación de hemoglobina glicosilada mediante inmunoensayo turbidimétrico en el analizador cobas c513.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para comparar ambos métodos se analizaron en paralelo 143 muestras de sangre total mediante los analizadores cobas c513 y Menarini HA-8180V. El análisis estadístico se realizó utilizando el coeficiente de correlación de Pearson y regresión no paramétrica de Passing- Bablok (MedCalc 12.5). El efecto de la Hemoglobina Fetal en la determinación de la concentración de hemoglobina glicosilada se evaluó mediante el análisis en paralelo de 77 muestras de sangre total que contenían concentraciones anómalas de Hemoglobina Fetal (4.2- 13.5%) en los analizadores cobas c513 y Menarini HA-8180V. Los niveles de Hemoglobina Fetal fueron medidos por Cromatografía líquida de intercambio iónico en el analizador Bio-Rad Variant II.

RESULTADOS:

Existe una buena correlación positiva entre los métodos de inmunoensayo turbidimétrico y cromatografía determinada por el coeficiente de correlación de Pearson; $r = 0.996$ $p < 0.0001$. El análisis de correlación de Passing-Bablok muestra que ambos métodos son intercambiables $y = 0.01 + 1.01x$; IC 95% pendiente (0.99-1.02) IC 95% ordenada (-0.08-0.09). Se observa que los valores de hemoglobina glicosilada en muestras con concentraciones anómalas de Hemoglobina Fetal son inferiores al analizarlos mediante inmunoensayo turbidimétrico que los obtenidos mediante cromatografía. Esta diferencia es directamente proporcional a la concentración de Hemoglobina Fetal de las muestras. Según los criterios de la National Glycohemoglobin Standardization Program, diferencias entre la hemoglobina glicosilada mayores a un 7% son clínicamente significativas. Siguiendo este criterio, hemos determinado que concentraciones de Hemoglobina Fetal superiores al 12% producen una interferencia significativa en la determinación de glicada en el analizador cobas c513.

COMPARACIÓN DE MÉTODOS EN LA DETERMINACIÓN DE DROGAS DE ABUSO EN ORINA

Autor/a/s: MILAGROS OCAÑA LÓPEZ, IRENE ROMERO GARCÍA, ROSA MARÍA VELA COLMENERO, MARÍA CONCEPCIÓN VEGA VARGAS Y ANA MARÍA COLMENERO MARTOS.

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO - QUIRÚRGICO

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: milaocana@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El Laboratorio de urgencias recibe diariamente solicitudes para el cribado de drogas de abuso. En nuestro medio proceden fundamentalmente del Servicio de Urgencias, en casos de sospecha de sobredosis o intoxicación. En estas situaciones de urgencia médica se requiere un método automatizado de cribado de sustancias de abuso, en el que prime la rapidez y la sensibilidad frente a otros aspectos. El ensayo inmunocromatográfico de flujo lateral es el método de cribado más utilizado, permite la detección cualitativa en orina de los tóxicos más comunes y/o sus metabolitos, además es fácil su automatización y adaptación a programas de cribado.

OBJETIVOS:

Analizar el grado de concordancia de dos métodos inmunocromatográficos TOX/SeeTM (BIORAD) y Status FirstTM DOA 10 (lifeSign) con los mismos puntos de corte cualitativos para los siguientes tóxicos en orina: metanfetamina, opiáceos, cocaína, feniclidina, benzodiazepinas, cannabis, barbitúricos, metadona, antidepresivos tricíclicos y anfetaminas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se aplicó el protocolo de trabajo EP9-A2 de la NCCLS. Se congelaron 42 muestras de orinas recibidas en el Laboratorio de Urgencias de nuestro hospital. Periodo de estudio: Noviembre a Diciembre 2015 y 15 días de Enero 2016. Se analizaron un total de 42 muestras. Las muestras fueron procesadas paralelamente y por duplicado en los dos analizadores: TOX/SeeTM (BIO-RAD) inmunoen ensayo cromatográfico de flujo lateral para la detección cualitativa rápida de las siguientes drogas y su metabolitos en orina y Status FirstTM DOA 10 (lifeSign), ensayo inmunocromatográfico simple para la detección cualitativa rápida de las mismas drogas y sus metabolitos en orina que el TOX/SeeTM. Para la comparación de métodos, las muestras fueron procesadas en el mismo día por los dos analizadores, en un periodo que no excedió de las 2 horas. Tratamiento estadístico SPSS V21: análisis descriptivo, se calculó el coeficiente Kappa para comprobar el grado de acuerdo entre los dos métodos.

RESULTADOS:

Los resultados reflejaron en el caso de los tóxicos anfetamina, metadona y cocaína una concordancia perfecta entre los dos métodos, $k=1$ con un intervalo de confianza [1,00-1,00]. La concordancia es alta para los tóxicos metanfetamina $k=0,844$ y cannabis $k=0,859$, con intervalos de confianza, [0,547-1,00] y [0,668-1,00], respectivamente. La concordancia es solo moderada para benzodiazepina $k=0,643$, con un intervalo de confianza [0,409-0,875] y antidepresivos tricíclicos $k=0,656$, con un intervalo de confianza [0,298-1,00]. Es baja para feniclidina $k=0,481$ con un intervalo de confianza [0,118-1,00]. No es posible calcular el valor de kappa para barbitúricos.

CONCLUSIONES:

Desde el punto de vista estadístico tenemos que tener claro que solo podemos estimar con este análisis la magnitud de la concordancia entre ambos métodos, pero no aportamos información sobre la calidad de la medición realizada. Existen distintos grados de acuerdo que van desde perfecto a moderado en las drogas estudiadas excepto para la Feniclidina que es bajo y para Barbitúricos que no ha sido posible calcularlo. Sería necesario un estudio con mayor número de muestras debido a las incongruencias encontradas. Independientemente, y sobre todo en función de la finalidad de los resultados, un resultado positivo debería confirmarse por un método cromatográfico.

CONCLUSIONES:

Ambos métodos de determinación de Hemoglobinas glicosiladas son intercambiables, haciendo del analizador cobas c513 una buena opción para la alta carga asistencial de nuestro centro. Además se pone de manifiesto que concentraciones de Hemoglobina Fetal superiores a 12% producen una interferencia negativa clínicamente significativa en la determinación de glicadas mediante el método de inmunoensayo turbidimétrico. Para verificar los resultados sería conveniente aumentar el número de muestras con niveles altos de hemoglobina Fetal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 306

COMPARATIVA DE DOS TÉCNICAS DE CENTRIFUGACIÓN EN LÍQUIDOS PARA SU ESTUDIO AL MICROSCOPIO ÓPTICO

Autor/a/s: ÁNGELES SÁNCHEZ PORRAS, ADELAIDA MARTÍN GUERRERO, MONTSERRAT PRIETO GRUESO, MIRIAM GONZALEZ CRESPO

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VALL D'HEBRON

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: masanchezp73@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

En el estudio de líquidos biológicos la información aportada por el laboratorio de urgencias es de gran utilidad para la orientación diagnóstica inicial del paciente.

El screening se realiza en contador hematológico Sysmex XN 9000 Series que nos proporciona el recuento de células totales y el diferencial de la muestra.

Actualmente existen diferentes métodos para la diferenciación de los líquidos biológicos en el laboratorio de urgencias.

OBJETIVOS:

Evaluar el método de concentración celular más idóneo y eficaz para el correcto recuento diferencial y morfología celular.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio de las muestras:

- Recuento celular en contador hematológico Sysmex XN 9000.
- Recuento en cámara de Neubauer en el caso del LCR.
- Realización del frotis por citocentrifugación y por extensión del botón celular obtenido por centrifugación convencional.
- Tinción del frotis.

Revisión al microscopio óptico:

Las preparaciones fueron examinadas por dos observadores siguiendo el siguiente protocolo:

- A 10x aumentos, observación general del frotis.
- A 40x aumentos, evaluar la presencia de leucocitos y distribución celular.
- A 100x aumentos, realizar el recuento diferencial y morfológico.

RESULTADOS:

Se estudiaron 30 líquidos biológicos divididos en: 5 LCR, 4 ascíticos, 12 pleurales, 7 sinoviales, 2 pericárdicos.

Es importante destacar una alta concordancia entre los resultados obtenidos por el contador hematológico y los obtenidos tras revisión al microscopio óptico.

En el caso de la citocentrifugación la concordancia fue del 99%, siendo de un 85% en el caso de la preparación por extensión del botón celular obtenido por centrifugación convencional.

CONCLUSIONES:

Ambos métodos son válidos con muestras con alta o moderada celularidad. En los casos con escasa celularidad el método por citocentrifugación mostró, mejor calidad del frotis y mayor rapidez al evaluar la muestra al microscopio óptico.

ESTUDIO DE TROPONINA EN PACIENTES CON RIESGO DE INFARTO

Autor/a/s: MARTOS MARIN, MARIA DOLORES, ARIAS FERNANDEZ SUSANA, HERRAIZ EISMA LUCRECIA, GOMEZ ANGUIA MARIA JOSEFA

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ, UBEDA

Correo electrónico del primer firmante: lolimartos@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El test de la troponina es uno de los métodos más importantes para el diagnóstico de infartos de miocardio que no son detectables mediante otras pruebas.

La troponina sirve para detectar y evaluar lesiones cardíacas moderadas o severas diferenciando distintos tipos de dolor torácico.

La troponina es una proteína de gran tamaño e interviene en el acoplamiento actina-miosina producido durante la contracción muscular, encontrándose dentro de las células del corazón.

Cuando se lesionan dichas células las troponinas pasan a la sangre pudiéndose medir niveles elevados, existen tres tipos de troponinas:

-T (TnT)

-I (TnI)

-C

Una elevación de troponina suele ser por una alteración del corazón

OBJETIVOS:

Para valorar el tanto por ciento de casos de infarto agudo de miocardio que se dan en el área sanitaria de Ubeda.

Su propósito es conocer el valor pronóstico de la determinación con troponina t en pacientes ingresados por urgencias.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Como muestra de trabajo utilizamos suero o plasma del paciente.

La técnica utilizada es inmunoensayo (elisa), empleando para dicha determinación el cobas ocho mil de Roche (bioquímica), con este mediremos la troponina t presente en la muestra de sangre para ver si está afectado el corazón.

Como sistema informático utilizamos el Omega tres mil de Roche diagnóstico.

La prueba se repite seis o doce horas después de la primera medición.

RESULTADOS:

En un período de seis meses se estudia el tanto por ciento en pacientes que acuden a urgencias por posible infarto de miocardio, siendo el resultado el siguiente:

De cuatrocientos veinte pacientes estudiados en urgencias, doscientos treinta y nueve son positivos frente a los ciento ochenta y uno negativos.

CONCLUSIONES:

Los niveles de troponina t cardíacos predicen el pronóstico a corto plazo en pacientes con síndrome coronario agudo.

HIPOFOSFATEMIA ASOCIADA A PATOLOGÍA INFECCIOSA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS

Autor/a/s: Aarón Izquierdo Bazaga, Cristina Díaz-Oliver Rodríguez-Escalona, Elva Cecilio Ildefonso, Diana Reina Company, Rosa Garrandes Aspron, M^a Araceli Paul Lazaro, Esther Virumbrales Martín, Aranzazu Martín García.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTA DE HIERRO MAJADAHONDA

Localidad: MAJADAHONDA

Correo electrónico del primer firmante: a.izquibaz@gmail.com

RESUMEN:

Objetivo: investigar la relación entre la concentración de fósforo en pacientes pediátricos con infección aguda y la concentración de proteína C reactiva (PCR).

INTRODUCCIÓN:

Existen múltiples publicaciones que relacionan la hipofosfatemia con la infección en pacientes adultos. En algunos de ellos se relaciona el grado de hipofosfatemia con la gravedad de la enfermedad. No existen frecuentes trabajos similares en población pediátrica. La causa de la hipofosfatemia durante la infección sigue siendo desconocida. Mecanismos comunes que conducen a pérdida de fosfato o redistribución en las células, incluyendo la pérdida renal aguda de fosfato o alcalosis respiratoria, parecen poco probable. La Proteína C reactiva (PCR) es una proteína de fase aguda cuya concentración se eleva rápidamente durante la infección debido al efecto estimulante de las citoquinas (IL-6, IL-1, TNF- α) en hepatocitos. Dado que la hipofosfatemia se ha correlacionado con niveles altos de TNF- α e IL-6, se podría postular la posible relación entre el fósforo en suero y la PCR.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Medición de la concentración de fósforo sérico, así como la concentración de Proteína C reactiva (PCR), en muestras de 67 pacientes pediátricos con edades comprendidas entre 1 mes y 5 años (media de 3 años). Las muestras llegan al laboratorio de Bioquímica-Urgencias por diagnóstico presuntivo de infección aguda, posteriormente confirmado. De los 67 pacientes, el origen infeccioso más frecuente es el respiratorio (36 %) seguido del urinario (28 %). Los pacientes fueron estratificados para el estudio estadístico según la concentración de PCR (0-50, 51-100, > 101 mg/l). También se estudia el comportamiento de PCR y fósforo con la edad no obteniendo diferencias significativas. Utilizando el programa estadístico Medcalc, se calculó la prevalencia de hipofosfatemia para cada grupo.

RESULTADOS:

Se ha observado una correlación negativa entre la concentración de fósforo en suero y la concentración de PCR ($r = -0,3221$ (-0,5220 to -0,08881), $p = 0,0078$). Pacientes con PCR > 101 mg/l tienen un valor medio de fósforo inferior a pacientes con PCR < 101 mg/l (4.3 vs 6.3 mg/dL, $p = 0,0001$). En el seguimiento de los pacientes se relaciona mayor hipofosfatemia durante la fase de ascenso de las concentraciones de PCR, volviendo a valores basales cuando la PCR alcanza la concentración máxima y comienza a disminuir. Para que esta última relación tenga poder estadístico se necesita un tamaño muestral mayor.

CONCLUSIONES:

La hipofosfatemia es un fenómeno relativamente frecuente pero transitorio en niños con enfermedad infecciosa aguda. Con nuestros datos se describe una asociación con un aumento en la concentración de PCR. Se necesita un estudio con mayor número de pacientes para demostrar su comportamiento en la normalización de los valores con respecto a los de PCR.

HOMOCISTEÍNA: INDICADOR DE RIESGO DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES

Autor/a/s: Belén Arango García, Ana María Villanueva Fernández, Montserrat Junco Rodríguez, Laura García Martínez, Ana Gloria Molina García.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA)

Localidad: Oviedo

Correo electrónico del primer firmante: belencorripa@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La homocisteína es un aminoácido no esencial que ha resultado ser un nuevo factor de riesgo cardiovascular independiente y un posible marcador biológico de las complicaciones ocurridas durante la gestación.

Tanto la vitamina B6 y B12 como el folato, son necesarios para metabolizar la homocisteína, por lo que las personas que presentan déficit de estas vitaminas pueden tener concentraciones elevadas.

OBJETIVOS:

Determinación de la homocisteína en plasma mediante técnicas automatizadas y posterior evaluación de niveles patológicos .

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras de plasma con EDTA K3, se gestionan en el Sistema IMMULITE 2000 XPI. Este sistema utiliza microesferas de poliestireno recubiertas de anticuerpos como fase sólida. Cada bola se dispensa en un tubo específico de reacción de diseño específico, el cual sirve para los procesos de incubación, lavado y reacción.

El método utilizado es ensayo de inmunoquimioluminiscencia.

RESULTADOS:

Los factores que aumentan la concentración plasmática de la Homocisteína son:

1. Mutaciones enzimáticas relacionadas con la MTHFR, HMT y CS (Cistationina beta-sistasa)
2. Deficiencia de folatos, piridoxina y fallos en la absorción de la vitamina B6 y B12.
3. Alteraciones sistemáticas como: insuficiencia renal y hepática, hipotiroidismo, neoplasias y trasplantes de órganos.
4. Factores farmacológicos y tóxicos: (consumo desmesurado de café, alcohol, tabaco, administración de metionina oral y algunos inhibidores).
5. Presencia plasmática de oxisterol, proveniente de la ingesta de alimentos de origen animal.

De un total de 100 muestras analizadas y estableciendo un valor de referencia para la homocisteína en plasma de 5-12 $\mu\text{mol/L}$, los resultados obtenidos fueron los siguientes:

Valores homocisteína	Valoración	Porcentaje	
5-12 $\mu\text{mol/L}$	Paciente normal	44 %	
> 12 $\mu\text{mol/L}$	Paciente patológico	Mutación enzimática	18 %
		Déficit de ácido fólico y vitaminas B12 y B6	22 %
		Insuficiencias renales y hepáticas	2 %
		Factores farmacológicos y tóxicos	10 %
		Presencia oxisterol	4 %

Riesgo cardiovascular	Moderado	15-50 $\mu\text{mol/L}$
	Elevado	50-500 $\mu\text{mol/L}$

La causa más frecuente de exceso de homocisteína plasmática es el déficit de ácido fólico, a continuación las mutaciones enzimáticas y en menor proporción se encuentran el resto de factores.

Por otro lado, ninguno de los resultados superó la cifra de 50 $\mu\text{mol/L}$, con lo cual, las muestras analizadas presentaban un riesgo cardiovascular moderado.

CONCLUSIONES:

El exceso de homocisteína plasmática se asocia a un riesgo aumentado de enfermedad coronaria, vascular, cerebral y periférica. La relación entre la concentración de homocisteína y el riesgo cardiovascular es gradual, continua y no existe un valor umbral a partir del cual desaparezca el riesgo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 327

VALORACION DEL DEFICIT DE HIERRO

Autor/a/s: Ana Gloria Molina Garcia, Montserrat Junco Rodriguez, Ana Maria Villanueva Fernandez, Eva Forinda Orviz Iglesias, Belen Arango Garcia

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: anamol44@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El hierro es un nutriente esencial para la vida, ya que es imprescindible para gran cantidad de procesos biológicos muy importante: transporte de oxígeno a los tejidos, síntesis de DNA, transporte de electrones y producción oxidativa de energía; además forma parte de numerosas enzimas que serían metabólicamente inactiva sin su presencia . El hierro se incorpora al organismo mediante la alimentación y es absorbido en el duodeno y yeyuno superior. La asimilación diaria de hierro es aproximadamente de 1 mg .Cuando los iones de hierro Fe llegan a las células de la mucosa se fijan a las sustancias de transporte. Antes de pasar a plasma la ceruloplasmina los oxida a Fe³⁺, ligándose entonces de esta forma a la transferrina. La distribución de hierro en el organismo se hace en tres compartimentos: uno funcional formado por la hemoglobina, la mioglobina y las enzimas que actúan como cofactores; otro de transporte formado por la transferrina y un compartimento de depósito formado por la ferritina y la hemosiderina que constituyen las reservas de hierro del organismo.

El intercambio de hierro entre los distintos compartimentos y de estos con el medio externo se realiza mediante los procesos de absorción, transporte, depósito y eliminación.

El hierro se determina en el diagnóstico y el control de la evolución de anemias microcíticas

(trastornos de metabolismo férrico y hemoglobinopatías), de anemias macrocíticas (déficit de vit b12 o de ácido fólico y trastornos metabólicos inducidos por fármacos) así como anemias normocíticas o renales (deficiencia de eritropoyetina)

OBJETIVOS:

Diagnóstico y seguimiento de las anemias ferropénicas. Cribado de las enfermedades crónicas por sobrecarga de hierro, especialmente la hemocromatosis.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogieron al azar 150 pacientes que presentaban una ferritina menor de 10ng/dl. Se comprobó como se hallaban en estos pacientes el resto de los parámetros relacionados con el metabolismo del hierro:

En sangre total(edta)se determina: la hemoglobina y el VCM, en LA CADENA DE HEMATIMETRIA XN900 Y se realiza en los 4 analizadores SYSMEX XN10 Y XN20

En suero se determina: hierro y la ferritinas por un método colorimétrico Ferrozine en un COBAS E603

RESULTADOS:

De los 150 pacientes:140 son mujeres y 10 hombres

Anemias(<12g/dl mujeres y <13.5dl/hombres):70 (49%)

Ferropénicas (<39mg/dl mujeres y <59mg/en hombres):60 (42%)

Microcitosis (menos de 82 fl) 58(40%)

Anemia + ferropenia + microcitosis :48(36%)

Pacientes con solo hipoferritinemia:37 (24%)

CONCLUSIONES:

Para conocer el estado del déficit de hierro de un paciente hay que estudiar varios parámetros de laboratorio .Llama la atención que la tercera parte de los pacientes con ferritina baja tenga normales el resto de los componentes que se alteran en situaciones de déficit de hierro, lo que nos indica la elevada sensibilidad de la ferritina para el estudio del déficit del hierro.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 329

DETERMINACIÓN DE ALUMINIO EN PACIENTES SOMETIDOS A DIÁLISIS

Autor/a/s: ANA MARIA VILLANUEVA FERNANDEZ, BELEN ARANGO GARCIA, ANA GLORIA MOLINA GARCIA, ESTHER RODRIGUEZ REBOLLO, MONSERRAT JUNCO RODRIGUEZ.

Centro de trabajo: A.G.C LABORATORIO DE MEDICINA-HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO.

Correo electrónico del primer firmante: anaterano@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El aluminio (AL) es el metal más frecuente y se encuentra extensamente distribuido.

Las fuentes de aluminio son los alimentos, envases con aluminio, el agua de consumo y para diálisis y fármacos que contienen este elemento.

En condiciones fisiológicas, el aluminio ingerido en la dieta (5-10mg) se elimina por filtración glomerular. Los pacientes con fallo renal pierden esta capacidad por lo que son candidatos a toxicidad por aluminio.

Existen otros factores que pueden influir a una mayor incidencia en la toxicidad son:

- Exposición a fuentes de aluminio en el propio material empleado en el proceso de diálisis.
- Diálisis poco eficaz para eliminar aluminio.
- Tratamientos orales con geles de aluminio.

OBJETIVOS:

Determinar los niveles de aluminio en pacientes sometidos a diálisis y su relación con el correcto funcionamiento de los dializadores y el material empleado en el proceso dializador.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizan muestras de suero mediante espectrometría de masas con plasma de acoplamiento inducido (ICP-MS).

Los valores de referencia en nuestro laboratorio son:

SUERO En pacientes sometidos a diálisis	< 6 µg/L < 60µg/L
--	-------------------

Es importante utilizar, para la recogida de la muestra, contenedor de tubo de plástico (poliestireno cristalino) y que sea el primero en orden de llenado para evitar contaminaciones.

RESULTADOS:

Analizados 665 pacientes sometidos a diálisis, de los cuáles:

En 550 (83%) pacientes	Se encontraron valores < 6 µg/L.
En 115 (17%) pacientes	Se encontraron valores entre 12-16 µg/L (sospecha de posible contaminación a la hora de la extracción)

No se encontraron valores de AL superiores a 60 µg/L en las muestras analizadas, concentraciones que se consideran una sobrecarga de AL en pacientes dializados.

CONCLUSIONES:

A la vista de los resultados obtenidos, se observa que no existen resultados superiores de 60 µg/L que se consideran como tóxicos en pacientes sometidos a diálisis; lo que prueba que la monitorización de diálisis es correcta. 115 muestras dan resultados mayores de 6 µg/L, lo que se considera que puede existir una contaminación a la hora de la extracción.

La determinación de AL en pacientes dializados puede ayudar al clínico a establecer un control en la eficacia de los dializadores y el material empleado en el proceso dializador.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 330

PSA LIBRE: VALORACION CLINICA

Autor/a/s: Montserrat Junco Rodriguez, Ana Gloria Molina Garcia, Belen Arango Garcia, Rocio Romay Moliner, Ana Maria Villanueva Fernandez.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: (OVIEDO)

Correo electrónico del primer firmante: mjuncorodriguez@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El antígeno prostático específico (PSA) es una glicoproteína producida principalmente por las células epiteliales de la próstata. Participa en la licuefacción del coágulo seminal gracias a su acción proteolítica, circula en la sangre mayoritariamente unido a las proteínas plasmáticas y un pequeño porcentaje circula en forma libre.

El PSA está producido por el epitelio prostático en forma exclusiva, lo que lo a distinguido como marcador no invasivo, sensible y específico de enfermedad de la glándula prostática incluyendo el cáncer prostático, sin embargo la hipertrofia benigna y la prostatitis también elevan el nivel de PSA.

Junto con el tacto rectal es el mejor marcador para la detección de estadios precoces de carcinoma de próstata.

OBJETIVO:

Determinar la relación existente entre los niveles de PSA total, PSA libre, cociente PSA libre/PSA total y los diagnósticos de hipertrofia benigna y carcinoma de próstata.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizan muestras de 510 pacientes en el analizador Modulo E 602 Roche Diagnostic

Reactivos, controles y calibradores de Roche.

Se realizan las determinaciones de PSA y PSA libre mediante una reacción de electroquimioluminiscencia (ECLIA).

Los valores de referencia del PSA son: 0-3ng/ml. No se aplican valores de referencia para el PSA libre puesto que es un parámetro que se realiza en base a la concentración de PSA total en aquellas que presentan una concentración entre 3-20ng/ml, para calcular el cociente PSA libre/PSA total (con un valor discriminatorio del 18%).

RESULTADOS:

Se encontraron 390 pacientes con el PSA dentro del rango de referencia y 30 con niveles de PSA muy elevados.

Se revisan los diagnósticos de los 90 pacientes restantes que presentaban valores de PSA entre 3 y 10ng/ml y unas edades comprendidas entre 45 y 70.

	Relación PSA libre/Psa total>0.18	Relación PSA LIBRE/ PSA TOTAL <0.18
Cáncer de próstata (55 pacientes)	13 (24%)	42(76%)
Hiperplasia BENIGNA (35 pacientes)	33(95%)	2(5%)

CONCLUSIONES:

A la vista de los resultados obtenidos, se observa que la determinación de los cocientes PSA libre/ PSA total aumenta la sensibilidad y la especificidad del PSA. Es útil como método de cribado cuando los valores del PSA total se encuentran entre 3 y 10ng/ml para la detección precoz del cáncer de próstata, ayudando a establecer que pacientes requieren o no una biopsia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 336

DETERMINACION CUALITATIVA DE NEUMOCOCOS EN URINA EN EL SERVICIO DE URGENCIAS

Autor/a/s: Algar Romero Ana Isabel, Duro Olivas Yolanda, Ruiz Pérez Maria José, Colmenero Vega Vargas Maria Concepción y Colmenero Martos Ana María

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Jaén

Localidad: Jaén

Correo electrónico del primer firmante: algarana@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Streptococcus pneumoniae (neumococo) produce la enfermedad neumocócica invasiva (ENI), sobre todo en países en desarrollo,

siendo una de las más importantes en morbilidad y mortalidad en todo el mundo. El neumococo es una bacteria gram-positiva lanceolada anaerobia facultativa agrupada en forma de diplococos o pequeñas cadenas. Algunos neumococos tienen una cápsula, formada por polisacáridos complejos, que son los responsables de su patogenicidad. Se han identificado más de noventa serotipos.

OBJETIVO:

Se realiza un estudio en el Laboratorio de Urgencias durante el año 2016, de los análisis realizados con el test cualitativo de detección rápida del antígeno neumocócico en orina, para determinar su incidencia.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los métodos de detección de antigenuria se han desarrollado con la intención de resolver los problemas diagnósticos. Se basan en que algunas bacterias presentes en animales o seres humanos producen antígenos solubles (habitualmente polisacáridos de la cápsula) detectables en sangre, y eliminados por la orina de forma más concentrada que en otros fluidos. Por ello, y porque en la orina no existen otros anticuerpos que alteren los resultados, su detección es fácil e indicativa de la presencia bacteriana en el organismo que los excreta.

Para realizar la prueba se sumerge un hisopo en la muestra de orina, se saca y se introduce en la tarjeta del test. Se añade una solución buffer, se cierra la tarjeta, poniendo en contacto la muestra con la tira reactiva. Si el antígeno neumocócico está presente en la muestra, reacciona uniéndose al anticuerpo conjugado anti-S. pneumoniae. Los complejos antígeno-conjugados resultantes son capturados por los anticuerpos anti-S. pneumoniae inmovilizados, formando la línea de la muestra.

RESULTADOS:

Se recibieron 3478 peticiones para análisis de neumococo, 1983 para hombres (57,02%), y 1495 para mujeres (42,98%), resultando positivas 264, es decir un 7,59% del total de muestras analizadas. Destacamos que 142 positivos eran de hombres (53,79%) y 122 de mujeres (46,21%).

CONCLUSIONES:

Como se puede comprobar con este estudio, menos de 8% de los pacientes analizados presentan neumococos en su análisis, por lo que este método resulta muy eficiente a la hora de detectar antígeno neumocócico.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 344

EVALUACIÓN Y COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE SULFATO DE DEHIDROEPIANDROSTERONA (DHEA-S) EN SUERO

Autor/a/s: Gabriela Rodríguez Ávila, Irene Martínez, Montserrat Portas, Gregori Casals.

Centro de trabajo: Hospital Clínico de Barcelona

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: gabbyfranklin@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La sulfato de hidrocortisona (DHEA-S) es un andrógeno de origen suprarrenal. Su determinación es de utilidad en la exploración de la función suprarrenal. En un periodo de un año se detectaron nueve resultados de DHEA-S en suero elevados que no se confirmaron cuando se repitieron en el instrumento ADVIA Centaur XP. Ello motivó una evaluación del método ADVIA Centaur XP y de una alternativa, Immulite 2000.

OBJETIVO:

Estudio comparativo entre dos métodos tras observar discordancias en los resultados.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En un periodo de un año se evaluaron el porcentaje de muestras de pacientes con resultados de DHEA-S elevados por ADVIA Centaur XP que no se confirmaron. Posteriormente, se evaluó la precisión inter e intraensayo, linealidad y límite de detección de los instrumentos Immulite 2000 y ADVIA Centaur XP, así como se realizó una comparación entre ambos, (n= 49 muestras de suero).

Analizador	Advia Centauro XP	Immulite 2000
Método	Inmunoensayo magnético quimioluminiscente. Partículas paramagnéticas más anticuerpo aumenta el área reactiva. Quimioluminiscencia directa	Inmunoensayo por macropartículas. Quimioluminiscencia amplificada por enzima. Señal luminosa prolongada.

RESULTADOS:

En un año 9 muestras (1,5% del total de muestras determinadas) presentaron valores altos por ADVIA Centaur XP que no se confirmaron. Para el instrumento ADVIA Centaur XP se obtuvo una variabilidad intraensayo de <3,5% e interensayo < 11%. Para el instrumento Immulite 2000 se obtuvo una variabilidad intraensayo < 7% e interensayo < 7%. La comparación entre ambos métodos muestra que estos son equiparables. Sin embargo, durante la evaluación se obtuvo un resultado DHEA-S >15 µg/ml en ADVIA Centaur XP que no se confirmó (repetición por ADVIA Centaur XP: 6,44 µg/ml; resultado Immulite 2000: 6,46 µg/ml).

CONCLUSIONES:

Los métodos para la determinación de DHEA-S en suero ADVIA Centaur XP e Immulite 2000 presentan una buena variabilidad intra e interensayo. La comparación muestra que ambos métodos son intercambiables. La presencia de errores aleatorios observados previamente en el instrumento ADVIA Centaur XP se confirma durante la evaluación.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 345

ESTUDIO SOBRE LA NOTIFICACIÓN DEL VALOR CRÍTICO DE PROCALCITONINA A LOS MÉDICOS

Autor/a/s: ENCARNACIÓN DÍAZ HIGUERAS, MANUELA ESCOBAR CONDE, AURORA CARRASCO DE LA CASA

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO-QUIRÚRGICO DE JAÉN

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: encarnalaboratorio@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Valor crítico es aquel que ha de ser comunicado de forma inmediata al médico responsable porque requiere una atención clínica urgente. Aunque la procalcitonina (PCT) es un parámetro de urgencias, en nuestro laboratorio se realiza en rutina, de ahí la importancia de establecer un resultado crítico y su rápida comunicación a los clínicos para la mejora y beneficio del paciente. Existe controversia en cuanto a los puntos de corte. Algunos autores establecen en 2 el punto de corte para riesgo alto de infección sistémica grave (sepsis severa a menos que se conozcan otras causas). Otros autores hablan de 6 para distinguir entre pacientes críticos, quirúrgicos y no quirúrgicos. Nuestro punto de corte lo tenemos en 6 ng/mL.

OBJETIVOS:

Evaluar los resultados críticos de procalcitonina informados en el periodo de estudio.

Conocer el número de pacientes que podrían beneficiarse de esta información y no lo hacen según nuestro punto de corte.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio observacional descriptivo. Periodo de estudio: de 15 de febrero de 2015 a 25 de marzo de 2016. El punto de corte para procalcitonina se estableció en 6 ng/mL. El aviso queda registrado en el sistema informático del Laboratorio dando de alta en la petición correspon-

diente una prueba llamada resultado crítico con la codificación en la aplicación Openlab RESCRI. Donde se hace constar los siguientes apartados: Nombre del informante, Nombre del receptor de la llamada, incidencia y resultado crítico, fecha y hora de la comunicación. En el caso de pacientes de la UCI el informe se realizó en persona por el facultativo del laboratorio, en el resto de servicios, telefónicamente. El estudio estadístico de los datos con Stata 12.0.

RESULTADOS:

De un total de 447 determinaciones de procalcitonina solicitadas obtenemos 52 resultados de valores críticos (11,63 %). Hombres 27 (53%) y Mujeres 25 (47%), edad 22-95 años, mediana 20 ng/mL. Resultado crítico comprendido entre 6.03 y 208,5 ng/mL. De ellos corresponde a Unidad de cuidados intensivos 31 (59,62%), Medicina interna 14 (26,92%), Unidad de infecciosos 2 (3,85%), Neumología 2 (3,85%), Cirugía general 1 (1,92%), Atención Primaria 1 (1,92%), Hematológica 1 (1,92%). Aviso: por teléfono 20 (38,46%), el resto 32 (61,54%) acudiendo personalmente al servicio solicitante. Informante: 51(98%) por el facultativo, 1 (2%) por secretaria del laboratorio, Informado: 50 (96%) al facultativo, 2 (4%) ATS. Media de la hora de entrega 13 h. El tiempo estimado por mes destinados a esa tarea 43 minutos. Con resultado entre 2 y 6 ng/mL tenemos 36 pacientes (8,05%)

CONCLUSIONES:

La mayoría de los resultados críticos corresponden con pacientes de UCI y Medicina Interna, sugerentes de sepsis. Al no disponer de procalcitonina en el laboratorio de Urgencias, es muy recomendable informar ante resultados que consideramos como críticos, para facilitar la rápida actuación de los clínicos. Hay pacientes con resultados entre 2 y 6 ng/mL que no son informados. Sería necesario confirmar el diagnóstico y pronóstico de estos pacientes y revisar junto con los clínicos el punto de corte establecido

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 348

RELACIÓN ENTRE EL COCIENTE DE PSA LIBRE / PSA TOTAL Y LA VELOCIDAD DE PSA EN HIPERPLASIA BENIGNA DE PRÓSTATA

Autor/a/s: Benito Perez, María Esperanza; Fernández Martínez, María De Las Mercedes; Casado Hernández, María Del Carmen; Sastre Garrote, Ana María; Matas Llorente, Piedad; Gea López, María Fernanda; Romero García, Paula; Hernández Cerceño, María Luisa.

Centro de Trabajo: Hospital Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: ebepe62@hotmail.com

INTRODUCCIÓN:

El Antígeno Prostático Específico (PSA) es el mejor marcador biológico que tenemos actualmente para el diagnóstico de hiperplasia y/o cáncer de próstata. Es una glucoproteína sintetizada por las células prostáticas. Una parte de PSA se encuentra Libre (FPSA) en el plasma y otra unida a la alfa-1-antiquimiotripsina. El PSA total aumenta tanto en cáncer como en hiperplasia benigna, mientras que la fracción libre aumenta en menor proporción cuando existe cáncer, por lo que resulta útil para distinguir la hiperplasia benigna de los casos malignos. Por otra parte la velocidad con que aumenta el PSA en diferentes muestras tomadas de forma seriada es también un parámetro que nos indica el grado de hiperplasia y se hace especialmente rápida en caso de neoplasia.

OBJETIVOS:

Establecer los valores normales de FPSA y el aumento de concentración de PSA en pruebas secuenciadas (velocidad del PSA) en hiperplasia benigna de próstata así como la relación existente entre los % de FPSA y Velocidad de PSA en dichos pacientes.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han estudiado 45 pacientes diagnosticados de hiperplasia benigna de próstata, procedentes de la consulta de urología del Hospital Clínico Universitario de Salamanca, a los que en un principio se les realizaron las pruebas de PSA y FPSA, y posteriormente se les midió

el PSA de forma seriada durante un período aproximado de 800 días en los que cuantificamos la elevación del PSA (velocidad).

Para cuantificar FPSA y PSA se utilizó una electro quimioluminiscencia (ECLIA) en el sistema Cobas e 602 (ROCHE). Los cálculos se llevaron a cabo con el paquete estadístico SPSS 18.0

RESULTADOS:

En todos nuestros cálculos utilizamos medianas y percentiles ya que tenían una distribución no normal según Shapiro-Wilk. La velocidad de PSA en seis meses daba una mediana de 0.49 (P10=0.09 y P90 =2.8). Calculamos los días que tardaban los pacientes en aumentar la concentración de PSA en 0.5 obteníamos una mediana de 186 días, como era de esperar, P10-90 = 40 días - >800 días. El cociente FPSA/PSA presentaba una mediana de

0.22(P10=0.10 y P90 =0.35). Utilizamos un corte de 0.30 (30%) para el cociente FPSA/PSA y observamos que para el grupo de pacientes con FPSA/PSA>0.30 la velocidad de PSA/ 6 meses tiene una mediana 0.66

(P10=0.20 y P90 =17.13), para los pacientes con FPSA/PSA<0.30 la mediana es de 0.48 (P10=0.06 y P90 =2.32), no obstante no hay diferencias significativas (U Mann-Whitney p=0.338). Hacemos curvas de supervivencia con las dos poblaciones tomando como evento el momento en que el PSA aumenta 0.5, los pacientes con FPSA/PSA>0.30 alcanzan dicha concentración en una mediana de 376 días mientras que los que tienen el cociente menor son más lentos con una mediana de 479 días, la función de supervivencia resulta significativa con p=0.023. En una correlación de Pearson la velocidad de PSA/ 6 meses y el cociente FPSA/PSA correlacionan en 62.6 y p<0.000.

CONCLUSIONES:

El cociente FPSA/PSA se correlaciona con las velocidades moderadas en el aumento de PSA y los cocientes altos tienen mayor velocidad que los cocientes bajos, consideramos pues que estas son las dinámicas que presentan estos parámetros en hiperplasia benigna y nos indican el tamaño de la hiperplasia. Por otra parte se diferencian fácilmente de las neoplasias en las que la velocidad aumenta rápidamente frente a cocientes FPSA/PSA muy bajos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 353

ESTUDIO COMPARATIVO DE LA MEDICIÓN DIRECTA DEL COLESTEROL LDL Y EL MÉTODO DE REFERENCIA DE LA ULTRACENTRIFUGACIÓN

Autor/a/s: Fumanal Domenech, Sonia; Pérez Riedweg, Margarita; Muñoz Gómez, Rebeca; Rico Santana, Naira; Poblador Sanchez, Gloria.

Centro de trabajo: Hospital Clínic

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: sfumanal@clinic.cat

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El método de referencia de medición del colesterol LDL (cLDL) es el método de ultracentrifugación (ULTRA) pero se trata de un método manual, caro y lento. La fórmula de Friedewald permite calcular el cLDL (cLDL-FF) con una gran exactitud en muestras con triglicéridos (TGs) <200 mg/dL. En los últimos años los métodos de medición directa del cLDL han experimentado una gran mejoría y se plantea como una posible alternativa a la ULTRA en muestras con TGs entre 200 y 399 mg/dL, dejando el método ULTRA para muestras con TGs ≥ a 400 mg/dL. Existe en el mercado varios métodos homogéneos para la medición del cLDL de forma directa, algunos de ellos se han comparado con el cLDL-FF y con el cLDL-ULTRA, sin embargo con el método de Siemens Healthcare Diagnostics nunca se ha realizado un estudio comparativo.

Objetivos: Realizar un estudio de comparación entre el método directo de Siemens (cLDL-D) y el método ULTRA en muestras con TGs entre 200 y 399 mg/dL.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para la comparación del cLDL-D versus cLDL-ULTRA se recogieron de forma prospectiva 133 muestras de suero con TGs entre 200 y 399 mg/dL de pacientes con dislipemia que acudieron en ayunas a la extracción. Las muestras fueron alicuotadas y congeladas a -20 p C en un máximo de 12 horas tras extracción para evitar variaciones en el perfil lipídico. Se realizaron dos alícuotas, una para la medición de cLDL-ULTRA y otra para la medición del cLDL-D.

Para la medición directa del cLDL-D se utilizó el método homogéneo eliminación/catalasa de Siemens siguiendo las especificaciones recomendadas por el fabricante para trabajar en el ADVIA Chemistry System 1800.

El análisis estadístico de comparación de métodos se realizó con el método de regresión no paramétrico de Passing y Bablock.

RESULTADOS:

Tabla 1: Comparación cLDL-ULTRA (método de referencia) vs cLDL-D

Método	Triglicéridos (mg/dL)	N	r	Pendiente	Ordenada en el origen
cLDL-D	200 -399	133	0,970	1,050 (1,000 1,100)	-7,2 (-14,000 (-1,000))

N: número de muestras; r: coeficiente de correlación de Pearson

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES:

Tras los resultados obtenidos, observamos que, en muestras con TGs comprendidos entre 200 y 399 mg/dL el método directo de Siemens correlaciona bien con el método de referencia ULTRA, no presentando error proporcional aunque sí un error sistemático pequeño de 7,2 (-14,0 (-1,0)). Como conclusión, en el rango de TGs de 200 a 399 mg/dL, se puede utilizar el método de medición directa de Siemens reservando la ULTRA para muestras con TGs \geq 400 mg/dL.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 354

VALPROATO

Autor/a/s: GARCÍA GUZMÁN FRANCISCA, LÓPEZ RUIZ FRANCISCO, LUQUE JIMÉNEZ ALFONSO JAVIER, MARTÍNEZ NÁJERA JOSEFA, MARTÍNEZ PALACIOS GREGORIO.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN AGUSTIN

Localidad: LINARES (JAÉN)

Correo electrónico del primer firmante: pakymanz@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El ÁCIDO VALPROICO, también conocido como valproato sódico, valproato de magnesio o simplemente valproato, con cualquiera que se utilice el principio activo es siempre ión valproato, que en el estómago se convierte rápidamente en ácido valproico.

El fármaco que con mayor frecuencia se determina en el Hospital San Agustín de Linares es el VALPROATO. Es un anticonvulsivante con uso importante en psiquiatría como estabilizante del humor.

Su mecanismo de acción no se conoce con exactitud, se sabe que este principio activo aumenta la concentración de ácido gamma-aminobutírico en el cerebro; que es el principal neurotransmisor inhibidor del sistema nervioso central. Por lo tanto, si se disminuye el número de neurotransmisores que van a dar una respuesta al estímulo, se podrá paliar la reacción en cadena que provocará la crisis epiléptica. Además, parece, que el ácido Valproico inhibe la liberación de la dopamina presináptica, algo que explicaría sus efectos en el tratamiento de la manía.

Se absorbe con rapidez y por completo después de su administración oral. Alcanza una concentración plasmática máxima al cabo de una a cuatro horas. Casi todo el Valproico (95%) sufre metabolismo hepático, menos el 5% se excreta sin cambios, por lo que está asociado a una alta toxicidad al hígado. No debe ser utilizado durante el embarazo, ya que produce graves daños en el feto.

OBJETIVOS:

Realizar una distribución de las peticiones de VALPROATO remitidas al laboratorio de los diferentes sectores y servicios durante el año 2016.

Valorar el porcentaje de pacientes cuyas concentraciones séricas estaban dentro del margen terapéutico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizaron 475 peticiones de VALPROATO que se realizaron en el equipo ARCHITECT de ABBOTT mediante inmonuquimioluminiscencia de micropartículas.

Se consideró como rango terapéutico concentraciones plasmáticas entre 50- 100 nanogramos / mililitro.

RESULTADOS:

Durante el año 2016 se realizaron 475 determinaciones de VALPROATO de las cuales el 38.10% (181), estuvieron fuera del rango terapéutico.

Del total de solicitudes estudiadas, comprobamos que de Atención Primaria fueron el 43.5% (207). De Atención Especializada el 56.5% (268), de las cuales el 6.54% (31) fueron de Medicina Interna, el 19.60% (93) de Salud Mental, Pediatría el 9.28% (44), Urgencias el 13.28% (63), otras especialidades 1.26% (6) y procedente de otros hospitales 6.54% (31).

CONCLUSIONES:

La coordinación entre la Atención primaria, Especializada y el Laboratorio Clínico es fundamental en este tipo de tratamientos donde es importante controlar el rango terapéutico.

Tras este estudio podemos concluir que la mayoría de los pacientes presentaban concentraciones adecuadas de Valproato en sangre, ya que sólo el 38.10 % mostraban valores fuera del rango terapéutico.

En cuanto a la procedencia de solicitudes, fue ligeramente superior la Atención especializada (56.5%), con respecto a la Atención primaria.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 362

ESTUDIO COMPARATIVO DE DOS MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE 25OH VITAMINA D

Autor/a/s: Ortega de Francisco, Ana M.; Menchen Sanchez Rey, Miguela; Ponce Esteban, Elia; Álvarez Rodríguez, Ivan; Gonzalez Jato, Concepción Raquel

Centro de trabajo: Hospital 12 de Octubre

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: (otrosdias@gmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La vitamina D (VitD), calciferol, es una provitamina soluble en grasas del grupo de los esteroides, que funciona como una hormona de gran valor en metabolismo fosfocálcico regulando el paso de calcio (Ca²⁺) a los huesos y los niveles de fósforo en sangre

Hay disponibles suplementos dietéticos de vitD que pueden provocar toxicidad a determinadas concentraciones, lo que hace imprescindible su control clínico. Para ello se mide la concentración de 25-hidroxicalciferol o calcidiol (25OH VitD total) que constituye el mayor depósito de VitD en el organismo.

OBJETIVOS:

Comprobar la intercambiabilidad de resultados entre el nuevo ensayo de VitD, ABBOTT Diagnostics® reestandarizado según NIST SRM 2972 frente a 25OH Vitamina D Roche® Diagnostics estandarizado según LC MS/MS NIST

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio se realizó en una muestra de 79 pacientes diagnosticados de enfermedad metabólica ósea y sin patología asociada, de entre 17 a 102 años de edad, sus sueros se analizaron el mismo día en dos equipos, el ARCHITECT i system (ABBOTT Diagnostics) usando el

ensayo ARCHITECT 250HVITD mediante inmunoanálisis quimioluminiscente de partículas (CMIA) y el ensayo electroquimioluminiscente en el inmunoanálizador COBAS de Roche.

RESULTADOS:

Ambos métodos presentan relación lineal encontrando el 96.21% de los puntos en el intervalo permitido, por lo que existe concordancia entre los métodos. Se obtuvo la ecuación de regresión de Passing Bablok. En nuestro estudio la constante a (intercepción) difiere de 0, por lo que los dos métodos presentan diferencias de tipo constante, por tanto proporcional. (Tenemos cuadros de resultados para adjuntar en el poster)

CONCLUSIONES:

Los resultados obtenidos por ambos métodos no son intercambiables por presentar un error sistemático constante y proporcional, siendo necesario aplicar nuevos valores de referencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 369

LA IMPORTANCIA DE UNA BUENA FORMACIÓN PARA OBTENER RESULTADOS ÓPTIMOS EN UNA GASOMETRIA

Autor/a/s: Miriam Díaz Roldán, Ángeles Sánchez Porras, Montserrat Prieto Grueso, Sara Lafuente Muro y Carmen Pérez López.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Vall d'Hebron.

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: miridiaz@vhebron.net

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Para obtener unos resultados certeros en una gasometría se necesitan unas buenas condiciones tanto pre analíticas (extracción, conservación,&) como analíticas (buena agitación, sin micro burbujas,&).

Es una de las primeras determinaciones que se le suele hacer a un paciente grave. Es rápida, muchas veces permite una aproximación diagnóstica y la monitorización de la respuesta al tratamiento.

El gasómetro mide pH, pO₂, pCO₂, iones, glucosa, lactato, bilirrubina y cooximetría, y calcula otros parámetros. Para obtener unos resultados certeros se necesitan unas buenas condiciones tanto pre analíticas (extracción, conservación,&) como analíticas (buena agitación, sin micro burbujas,&).

OBJETIVOS:

Analizar las incidencias más comunes y si éstas afectan o pueden afectar a los resultados o al procesamiento de la muestra, y si es necesario realizar acciones de mejora.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han registrado las incidencias de 2606 muestras venosas y/o capilares programadas procesadas por el gasómetro GEM 4000 durante 21 días, para ver las incidencias más comunes.

Las muestras tienen que ser procesadas lo antes posible, conservadas en frío para obtener resultados estables.

RESULTADOS:

Se observa que de las 2606 muestras la incidencia más común es la de muestra con oxígeno elevado, debido a que muchas de estas muestras llegan al laboratorio con cámara de aire sin haber sido purgadas, esto supone un aumento de resultados de Po₂, que informamos mediante comentario de presencia de cámara de aire en la muestra.

En el poster se detallan los resultados y se comentan los parámetros que pueden estar falsamente alterados para cada una de las incidencias recogidas.

CONCLUSIONES:

La importancia de una formación continuada y la puesta en marcha de acciones de mejora para una correcta fase pre analítica y analítica, para evitar las incidencias más comunes

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 371

ESTUDIO SOBRE LAS ALERGIAS AL OLIVO Y GRAMÍNEAS EN LA ZONA NORDESTE DE JAÉN

Autor/a/s: ESPINOSA ESPINOSA, MARÍA DOLORES; RAMA RICO, JUANA; LOPERA CANTERO, ANA BELÉN; HIGUERAS BUENO, MARÍA DEL PILAR.

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: ÚBEDA

Correo electrónico del primer firmante: mespi7@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La alergia es una reacción de hipersensibilidad del sistema inmunitario del paciente que identifica como nocivas determinadas sustancias inocuas (como pueden ser los pólenes de algunas plantas) habitualmente toleradas por la mayoría de personas.

OBJETIVOS:

Obtención de los resultados de la prueba IgE Screening de neuroalergenos (tanto positivos como negativos) y seguimiento para estudio de los casos positivos, realizando a éstos últimos una segunda prueba específica para gramíneas y olivo.

Determinar el porcentaje de resultados positivos al polen de olivos y gramíneas, así como los meses en los que más aumentó durante el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para llevar a cabo estas pruebas se precisa de una muestra de sangre del paciente, extraída en tubo de bioquímica (tubo seco sin anticoagulante y con gel separador) para así trabajar con el suero obtenido al centrifugar la muestra a 3500 rpm.

Las muestras se procesan en el Inmunocap 250, siendo una técnica de fluoroinmunoensayo.

RESULTADOS:

Tras procesar todas las muestras a las que se les solicitaba la prueba de alergias, durante el año 2016, hemos obtenido un total de un 39% de resultados positivos y 61% de negativos. A estas muestras positivas se les ha realizado una segunda prueba específica para gramíneas y olivo, reflejándose así que los valores positivos elevados se dieron entre los meses de marzo y junio, tanto el caso del olivo como en el de las gramíneas.

CONCLUSIONES:

Tenemos que tener en cuenta que el área que abarca el Hospital San Juan de la Cruz es muy extensa y que los núcleos de población de los que se reciben las muestras son muy diferentes en lo que se refiere a su entorno y cultivos. Por lo tanto, los datos y las conclusiones obtenidas se podrían extrapolar a toda la provincia de Jaén.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 373

PREVALENCIA DE PROTEINURIA DE BENCE JONES EN PACIENTES CON GAMMAPATÍA MONOCLONAL EN EL ÁREA NORTE DE TENERIFE

Autor/a/s: GONZÁLEZ DÍAZ TAMIA, PEREZ CARRILLO LORAY

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE CARIARIAS

Localidad: LA LAGUNA

Correo electrónico del primer firmante: tamiagdiaz1979@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las proteínas de Bence Jones son cadenas ligeras libres de globulinas monoclonales presentes en sangre y/o orina que son producidas por células plasmáticas neoplásicas. Su presencia por tanto está relacionada con el Mieloma Múltiple y en algunos casos son el único producto biológico excretado por el clon maligno (Mieloma de Bence Jones o de Cadenas Ligeras Libres).

Dada su fisiopatología, su presencia es demostrable en la orina antes y con mayor facilidad que en suero, excepto en caso de disminución del filtrado glomerular. Por ello, en caso de sospecha de gammapatía monoclonal es imprescindible el estudio de la orina del paciente, pues podemos demostrar dicho componente monoclonal de proteínas de Bence Jones en ella sin que en el suero se observe anomalía.

Las Proteínas de Bence Jones son nefrotóxicas y están estrechamente ligadas a las complicaciones renales del Mieloma Múltiple y a su morbimortalidad. La determinación periódica de la presencia y cantidad de proteína de Bence Jones en orina es por tanto, un elemento indispensable para el diagnóstico, pronóstico, control, evolución y respuesta al tratamiento de Mieloma Múltiple.

OBJETIVOS:

Nuestro objetivo es determinar el número de proteinurias de Bence Jones positivas en la población del Área Norte de la isla de Tenerife, analizadas en la unidad de Proteínas del Laboratorio Central del Complejo Hospitalario Universitario de Canarias, el cual atendió a una población adulta de 320.000 personas de esta zona de la isla durante el año 2016 y así valorar las proteinurias asociadas a Mieloma Múltiple de paraproteínas de inmunoglobulinas completa y los Mielomas Múltiples de cadenas ligeras libres o Mieloma de Bence Jones. Tanto en su diagnóstico como en la monitorización del seguimiento y tratamiento.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La muestra utilizada ha sido orina de 24 horas.

Se ha determinado en primer lugar la proteinuria de las mismas. A continuación, hemos realizado por una parte la inmunofijación de las orinas en geles de agarosa HYDRAGEL BENCE JONES 2/4, que es la técnica de referencia, y por otra parte se empleó el método de la electroforesis de proteínas HYDRAGEL 7R también en gel de agarosa, para la cuantificación de la proteína. Ambos métodos se realizaron en el sistema semiautomático HYDRASYS de Sebia®.

RESULTADOS:

De 2.200 muestras de pacientes con Mieloma Múltiple, 1.545 (70,22%) presentaron proteinuria de Bence Jones, de los cuales 284 (18,38%) fueron vinculados a Mieloma de Bence Jones o de cadenas ligeras.

CONCLUSIONES:

La búsqueda de Proteinuria de Bence Jones es necesaria en todos los pacientes con gammapatía monoclonal en los que no se detecta en suero. Los resultados que hemos obtenidos demuestran que la proteína de Bence Jones está presente en el 60-80% de los casos de Mieloma Múltiple y en un 15-20% de los mismos son el único producto biológico excretado por el clon maligno (Mieloma de Bence Jones o de cadenas ligeras libres), coincidiendo estos resultados con los datos existentes en publicaciones previas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 379

MARCADORES DE PUBERTAD EN NIÑOS VARONES

Autor/a/s: GEA LÓPEZ MARÍA FERNANDA, BENITO PÉREZ MARÍA ESPERANZA, CASADO HERNÁNDEZ MARÍA DEL CARMEN, GONZÁLEZ MARTÍN SOFÍA, ROMERO GARCÍA PAULA, FERNÁNDEZ MARTÍNEZ MARÍA DE LAS MERCEDES, SASTRE GARROTE ANA MARÍA, HERNÁNDEZ CERCEÑO MARÍA LUISA.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: fernandagealopez@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Como marcadores bioquímicos de remodelado óseo tenemos el Pro péptido amino-terminal del procolágeno tipo 1 (P1NP) y la Fosfatasa Ósea (FAO), encontrándose elevados durante el crecimiento y estables en edades avanzadas.

La Testosterona es una hormona implicada en la regulación del crecimiento y aparición de la pubertad. Se sintetiza en las células de Leyding del testículo y está regulada por la hormona Luteinizante (LH). Aumenta en la pubertad y se mantiene durante la vida adulta.

La Hormona Antimulerina (AMH) se produce en las células de Sertoli del testículo. La secreción de AMH comienza durante la embriogénesis y continúa a lo largo de la vida. Los niveles de AMH caen después de la pubertad hasta alcanzar valores post- puberales.

OBJETIVOS:

Establecer los valores normales de los marcadores de metabolismo óseo FAO y P1NP durante el desarrollo puberal de los varones, tomando AMH y Testosterona como marcadores de pubertad, ya que estos se comportan inversamente, disminuyendo AMH y aumentando la Testosterona.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La población estudiada ha sido 183 niños divididos en 4 grupos: 11 años (33 niños), 12-13 años (73 niños), 14-15 años (57 niños) y 16 años (niños).

Se determina Testosterona y AMH en un analizador COBAS, mediante método inmunoensayo de electroquimioluminiscencia (ECLIA). P1NP Y FAO en un analizador ids-iys, método quimioluminiscencia. Los cálculos se han realizado con el paquete estadístico SPSS 18.

RESULTADOS:

Obtuvimos los siguientes valores de FAO y P1NP para el siguiente grupo de niños:

EDAD	TESTOSTERONA				AMH				FAO				P1NP			
	P ₁₀	MEDIANA	P ₅₀	P ₉₀	MEDIANA	P ₅₀	P ₁₀	MEDIANA	P ₅₀	P ₁₀	MEDIANA	P ₅₀	P ₁₀	MEDIANA	P ₅₀	
NIÑOS DE 11	2.5	13	250.8	6.1	57.1	125.7	57.8	97.0	156.8	432.4	653.0	1114.4				
NIÑOS DE 12 A 13	5.9	112.3	544	4.2	12.5	55.0	55.4	102.0	162.8	426.0	759.0	1280.6				
NIÑOS DE 14 A 15	84.7	375	645.9	3.66	7.5	31.1	36.8	87.0	146.0	334.8	781.0	1261.8				
NIÑOS 16 A	288.4	593.8	961.5	4.2	8.1	22.3	17.2	37.0	89.3	150.2	352.5	690.0				

Se ha hecho una correlación de Pearson para FAO y P1NP y se encontró que para la el grupo de 11 años una correlación de 0.555 ($p < 0.001$); en el grupo de 12-13 años una correlación de 0.485 ($p < 0.000$); en el grupo de 14-15 años ($p < 0.000$);

Y en el grupo de mayores de 16 años una correlación de 0.910 ($p < 0.000$).

CONCLUSIONES:

Hemos establecido los límites de valores normales de marcadores óseos desde el comienzo de la adolescencia hasta la entrada de la edad adulta.

Haciendo la correlación de FAO y P1NP hemos observado que al final de la pubertad la correlación es muy fuerte, pero antes sería conveniente realizar los dos marcadores para determinar el estado del crecimiento óseo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 384

ESTUDIO Y EVALUACIÓN DE LAS MUESTRAS DE SANGRE OCULTA EN HECES

Autor/a/s: MARTÍNEZ NALDA, MARÍA DEL CARMEN. JUAREZ SANZ, ISABEL. BLANCO DE GRADO, RAMÓN. BIZCAINO HERNÁNDEZ, BELÉN. GU-TIÉRREZ JUAREZ, JESÚS.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO RÍO HORTEGA

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: mmartineznalda@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El cáncer colorrectal es prevenible si se aplican programas de cribado en las poblaciones de riesgo medio entre varones y mujeres de entre 50 y 74 años de edad y alto en familiares de primer grado, síndromes hereditarios de CCR y enfermedad inflamatoria intestinal crónica. El diagnóstico precoz de este cáncer con invasión hasta la submucosa y los adenomas avanzados producen pérdidas microscópicas intermitentes de sangre que pueden ser detectadas mediante análisis con test de sangre oculta en heces (SOH) químicos o inmunológicos.

OBJETIVOS:

Evaluar el OC-SENSORIO (Eiken) que es una técnica de inmunoturbidimetría automatizada por anticuerpos policlonales específicos de hemoglobina humana y estudiar las muestras que llegan a nuestro laboratorio mediante el análisis de sus incidencias a lo largo de un año.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han evaluado 6.660 muestras de heces para SOH durante un año. El fundamento de la técnica es que las partículas de látex (poliestireno) recubiertas con Ac anti-Hb se mezclan con la muestra. Los anticuerpos específicos reaccionan con Hb (Ag) produciéndose la aglutinación. La turbidez producida por la aglutinación Ag-Ac es medida por un fotómetro a 660nm. A mayor turbidez, mayor concentración de hemoglobina. La curva de calibración es generada usando este principio. Partiendo de una concentración conocida del Standard (autodiluciones), es posible calcular un valor cuantitativo (ng/mL) de hemoglobina (Ag) presente en la muestra.

RESULTADOS:

Del total de las muestras estudiadas (6.660) para estudio de SOH a lo largo de un año se han producido en total 181 incidencias, lo que representa un 2,7 %. La media de muestras estudiadas en el laboratorio al día ha sido de 89 y el número de incidencias/día ha sido de 0,6 %.

Del total de las muestras recibidas las incidencias encontradas fueron: Una mala recogida de la muestra por exceso de volumen en un 53 %; Fermentación de la muestra en un 17 %; Recipientes inadecuados en un 15 %; Envoltura de la muestra inadecuada en un 15 %.

CONCLUSIONES:

Por tanto, la incidencia de un 2,7 % de muestras que llegan a nuestro laboratorio de forma inadecuada, debido a las incidencias anteriormente señaladas es alta y hay que intentar reducirlas con el fin de no perder población en el estudio o que tenga que enviarse nuevas muestras de estos pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL x

Número: 392

ESTUDIO DE LA DEMANDA DE PROCALCITONINA POR LOS DIFERENTES SERVICIOS HOSPITALARIOS

Autor/a/s: DAPENA PEREZ YESICA, MARTINEZ RAMOS MARTA, BRESME TRIGO MARIA ISABEL, GONZALEZ DEVESA NATASCHA, FERNANDEZ LOPEZ LOURDES, MIGUELEZ RODRIGUEZ NURIA, ALVAREZ MOREDA ANGELA.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA (LEON)

Correo electrónico del primer firmante: yessdp@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La procalcitonina es una molécula precursora de la calcitonina que se eleva en sangre como respuesta a infecciones bacterianas, pero no frente a infecciones víricas o procesos inflamatorios no infecciosos. En la actualidad es el mejor marcador de infecciones sistémicas y sepsis. Las principales indicaciones para su determinación son el diagnóstico de sepsis y la monitorización de pacientes sépticos y evaluación del tratamiento antibiótico en los mismos.

OBJETIVOS:

Analizar el número de solicitudes de procalcitonina durante el año 2016 de acuerdo a su procedencia. Valorar la proporción de resultados patológicos, igualmente según los servicios peticionarios.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La procalcitonina se cuantificó mediante un fluoroinmunoensayo de resolución temporal en el analizador AQT90 Flex (Radiometer).

Se consideraron patológicos los resultados superiores a 0.5 ng/mL, a partir de los cuales se considera sugerente de infección sistémica. Se realizó un estudio retrospectivo de todos los pacientes a los que se les solicitó procalcitonina durante el año 2016, clasificándolos según la procedencia de la solicitud y los valores normales o patológicos del resultado. Se agruparon los diferentes servicios de hospitalización médicos y quirúrgicos; el servicio de Urgencias se dividió en atención urgente en sí misma (Urgencias) y Observación de Urgencias, que es un servicio de hospitalización de corta estancia.

RESULTADOS:

El número de determinaciones de procalcitonina y la proporción de resultados patológicos según la procedencia fueron los siguientes:

Urgencias: 1380(27.7%); Observación de Urgencias: 374(38.5%); U.C.I.: 590(61.5%);

Pediatría: 385(40.8%); pacientes ingresados en servicios médicos: 1170(35.1%); pacientes ingresados en servicios quirúrgicos: 406(35.3%).

CONCLUSIÓN:

Respecto al origen de las peticiones, Urgencias es el servicio que más demandó, con un número de solicitudes superior incluso al del total de servicios médicos. También es el que registró una menor proporción de resultados patológicos (27.7%) lo que parece indicar una excesiva demanda de procalcitonina en la elevación diagnóstica de los pacientes que acuden a urgencias. Esta proporción, sin embargo, se incrementa en los pacientes admitidos a Observación de Urgencias hasta valores similares a los de cualquier otra unidad de hospitalización. La U.C.I. ocupa el segundo lugar en cuanto al número de solicitudes como servicio único y destaca su elevada proporción de resultados patológicos (61.5%) respecto a los demás; este hallazgo es atribuible a que gran parte de las peticiones tiene como fin la monitorización de pacientes ya diagnosticados de sepsis.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 394

COMPARACIÓN DE LA MEDIDA DE LAS CADENAS LIGERAS LIBRES EN SUERO (FREELITE®) ENTRE LOS ANALIZADORES SPAPLUS Y BNPROSPEC

Autor/a/s: Ares Vidal Olga, Lorenzo García Lourdes, García G, Cuadrado Mª Angeles

Centro de trabajo: Hospital Clínico San Carlos

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: olgares54@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las cadenas ligeras libres en suero se utilizan en la práctica clínica para el diagnóstico, pronóstico, seguimiento y monitorización de la respuesta al tratamiento de las diferentes gammopatías monoclonales. Su medición se basa en métodos inmunoquímicos que utilizan anticuerpos que reconocen epítopos de las cadenas ligeras accesibles únicamente cuando se secretan en su forma libre, pero que permanecen ocultos en la inmunoglobulina completa. El inmunoensayo más utilizado, Freelite®, está adaptado en varios analizadores automáticos.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es comparar la medida de las cadenas ligeras libres en suero con el inmunoensayo Freelite® en los analizadores automáticos SPAPLUS y BN proSpec.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el estudio se midieron las cadenas ligeras libres 8 y » en 66 muestras de suero de pacientes con diagnóstico de gammopatía monoclonal (rango de concentraciones 1,35-27200 mg/L). Para ello se utilizaron los analizadores SPAPLUS (Binding Site) y BN proSpec (Siemens) que se basan en los principios de inmunoturbidimetría e inmunonefelometría respectivamente. La medición se realizó en paralelo en ambos equipos. El reactivo empleado fue Freelite® de Binding Site.

Los resultados obtenidos en ambos analizadores se compararon mediante el test estadístico de regresión no paramétrica Passing & Bablok. Se realizó un análisis de Bland-Altman y se calculó la concordancia (índice kappa) entre los dos analizadores. Los valores discriminantes utilizados fueron los intervalos de referencia aportados por la casa comercial: cadena ligera libre 8 (3,3 19,4 mg/L), cadena ligera libre » (5,7 26,3 mg/L), ratio 8/» (0,26 1,65).

La imprecisión interensayo de ambos analizadores se obtuvo midiendo dos niveles de control para cada una de las cadenas ligeras libres (Binding Site) durante el periodo de evaluación.

RESULTADOS:

Los resultados obtenidos en el estudio comparativo se exponen en la siguiente tabla:

Magnitud	n	r	Pendiente (IC 95%)	Ordenada en el origen (IC 95%)
Cadena ligera libre k	65	0,984	1,18 (1,12; 1,22)	-0,02 (-0,99; 1,54)
Cadena ligera libre »	64	0,950	0,97 (0,88; 1,08)	-1,26 (-2,63; 0,002)

La concordancia para las cadenas ligeras libres en suero y el cociente k/» fue la siguiente:

	Cadena ligera libre k	Cadena ligera libre »	Cociente k/»
I. kappa (IC 95%)	0,784 (0,622-0,947)	0,788 (0,629-0,948)	0,636 (0,444-0,829)

La imprecisión interensayo (CV %) obtenida para la cadena ligera libre 8 fue inferior a 8,8% en el SPAPLUS e inferior a 8,1% en el BN proSpec. Para la cadena ligera libre » fue inferior a 6,1% en el SPAPLUS e inferior a 5,4% en el BN proSpec.

CONCLUSIONES:

Los analizadores SPAPLUS y BN proSpec son intercambiables para la medida de la cadena ligera libre ». Sin embargo, existen diferencias significativas entre ambos analizadores en la medida de la cadena ligera libre 8.

La concordancia en la medida de las cadenas ligeras libres 8 y » y en el cociente 8/» es buena. No obstante, la concordancia no es total, lo que afecta a la interpretación de los resultados.

Los resultados de imprecisión son comparables en los dos analizadores.

Los resultados varían dependiendo del analizador utilizado y aunque existe una buena correlación, es necesario el seguimiento de los pacientes en las mismas condiciones analíticas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 396

EVALUACIÓN DE RESULTADOS DE NIVELES DE VANCOMICINA EN PACIENTES INGRESADOS EN EL PRIMER SEMESTRE DE 2016 EN EL HOSPITAL LA MANCHA CENTRO

Autor/a/s: GLORIA FUENTE REQUENA, DOLORES PRIETO LOPEZ, MARIA LUISA BUSTOS CARBONELL, MARIA MILAGROS INIESTA RODRIGUEZ-PALANCA, MARIA TERESA MAZA MAROTO

Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL LA MANCHA-CENTRO DE ALCAZAR DE SAN JUAN

Localidad: ALCAZAR DE SAN JUAN

Correo electrónico del primer firmante: GLORI_81@YAHOO.ES

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La vancomicina es un antibiótico de régimen hospitalario de tipo glicopeptídico derivado del microorganismo *Nocardia orientalis*, con acción frente a la mayoría de bacterias grampositivas (tanto aerobias como anaerobias). La administración de vancomicina intravenosa se aconseja para el tratamiento de infecciones como septicemia, endocarditis, osteomielitis, algunas neumonías y meningitis. A menudo es el fármaco de elección para las cepas meticilín-resistentes de *Staphylococcus epidermidis* y para las infecciones de MRSA (*Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina), especialmente cuando están asociadas a implantes de prótesis como válvulas cardíacas, caderas artificiales y catéteres. También se emplea en casos de enterocolitis inducidas acompañadas de *Clostridium difficile*.

Las dosis de vancomicina administradas depende de muchos factores, entre ellos la función renal y hepática, tratamiento con otros fármacos, la edad, el peso. Los niveles de vancomicina deben monitorizarse en laboratorio clínico debido a que concentraciones muy elevadas pueden ser tóxicas para los pacientes, presentando una especial ototoxicidad y nefrotoxicidad; y niveles bajos provocan ineficacia del tratamiento.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es observar la prevalencia en rango terapéutico del tratamiento de vancomicina durante los 6 primeros meses del año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las determinación de niveles de vancomicina se llevaron a cabo siempre en el valle del tratamiento (antes de la siguiente dosis) en pacientes en régimen hospitalario, empleando para ello muestras de suero y/o plasma heparina de Lítio en un automatizador cobas c 501 (Roche diagnostics). El principio del test es una tecnología de enzimo-inmunoanálisis homogéneo competitivo mediado por anticuerpos. Se analizaron un total de 183 muestras, correspondientes a 86 pacientes, con edades comprendidas entre los 15 y los 98 años de edad, de las cuales, 52 fueron hombres y 34 mujeres.

RESULTADOS:

De las 183 muestras analizadas, 19 se encontraban con nivel de vancomicina bajo (10%), 57 tenían niveles de vancomicina por encima del rango de normalidad (31%) y 107 en rango de normalidad (59%).

CONCLUSIONES:

Tras el análisis de los datos obtenidos queda demostrada la importancia de la monitorización de los niveles de vancomicina. En el protocolo de seguimiento para pacientes que se encuentran ingresados, conocer los niveles de vancomicina permite evaluar de forma rápida el estado del fármaco a nivel sistémico y poder controlar la dosis/eficacia del mismo.

En nuestro medio encontramos que el 41% de los casos los pacientes se encontraban con niveles de vancomicina fuera del rango de normalidad, tanto por defecto del tratamiento como exceso del mismo.

El tratamiento con varios fármacos a la vez, otros antibióticos, antihipertensivos, antidiabéticos, etc. además del estado de la función renal y hepática de los pacientes, pueden poner en compromiso su estado vital, y un seguimiento de forma controlada y continua durante el mismo permite tomar medidas adaptadas a cada paciente de forma veloz.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 401

DIABETES GESTACIONAL Y EDAD MATERNA

Autor/a/s: Janeiro Varela, Patricia; Alonso Meira, Natalia; Álvarez Álvarez, María Isabel; Villar Losada, Casimira; Rodríguez Murciego, Manuela; López Álvarez, María Ignacia.

Centro de trabajo: EOXI VIGO

Localidad: VIGO

Correo electrónico del primer firmante: patricia.janeiro.varela@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La diabetes gestacional (DG) se define como la disminución de la tolerancia de los hidratos de carbono durante el embarazo. Es la complicación más frecuente durante el periodo gestacional, y su importancia radica en el incremento del riesgo de complicaciones obstétricas, como sufrimiento fetal, macrosomía y problemas neonatales entre otros.

Para su diagnóstico se recomienda un despistaje mediante el test de O'Sullivan, donde se determina la glucosa basal y a la hora tras una ingesta de una solución oral de 50 gr de glucosa. Cuando dicho test resulte positivo se recomienda la confirmación diagnóstica con una sobrecarga oral de 100 gr de glucosa (SOG 100 g) determinando la glucemia basal y posteriormente cada hora hasta las tres horas.

OBJETIVOS:

Valorar la posible relación entre la diabetes gestacional y la edad gestacional.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo entre los años 2013 y 2015, que incluye 23933 sobrecargas orales de glucosa de gestantes con edades comprendidas entre 16 y 51 años, entre las cuales 16201 corresponden a sobrecargas oral de 50gr de glucosa (test de O'Sullivan) y 7732 SOG 100g.

En el caso del test de O'Sullivan se considerará positivo cuando la glucemia a la hora de la ingesta de la sobrecarga de glucosa sea superior a 140 mg/dL.

En cuanto a la SOG 100g esta será positiva cuando al menos dos glucemias de la curva sean patológicas, es decir:

- Glucemia basal superior o igual a 105 mg/dL.
- Glucemia tras una hora postingesta superior o igual a 190 mg/dL.
- Glucemias tras dos horas postingesta superior o igual a 165 mg/dL.
- Glucemias tras tres horas postingesta superior o igual a 145 mg/dL.

En el caso de solo resultar patológico uno de los niveles el estudio se considerará no concluyente.

La determinación de glucosa se llevó a cabo mediante el método de hexocinasa en la plataforma AU 5800 de Beckman Coulter®.

RESULTADOS:

De los 16201 test de O'Sullivan revisados el 40% (6487) fueron positivos. Se realizó una distribución por edades obteniendo los siguientes resultados:

Edades	O'Sullivan	O'Sullivan positivos	%
≤20 años	36	59	17,56
21≤X≤25 años	1084	271	25
26≤X≤30 años	3452	1136	32,91
31≤X≤35 años	6277	2599	41,41
36≤X≤40 años	4333	2009	46,37
≥41 años	719	413	57,44

Tabla 1

De las 7732 SOG 100gr que analizamos, el 16,68% (1290) resultaron positivas, lo que condujo al diagnóstico definitivo de DG de 1286 mujeres, y solamente el 6,79% de los estudios (525) resultaron no concluyentes.

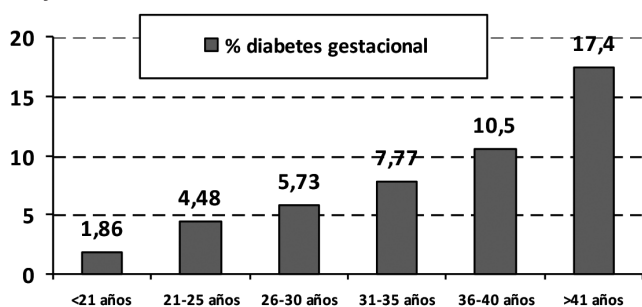


Gráfico 1

Edades	Gestantes con diabetes gestacional
≤20 años	6
21≥X≤25 años	42
26≥X≤30 años	193
31≥X≤35 años	480
36≥X≤40 años	442
≥41 años	123

Tabla 2

En contraposición, 56 mujeres de las 1286 diagnosticada de DG no se les realizara previamente el test de O'Sullivan y 157 estudios positivos de O'Sullivan no fueron confirmados mediante SOG de 100g de glucosa.

CONCLUSIONES:

Tras realizar este estudio podemos confirmar que se observa una relación directamente proporcional entre el diagnóstico de DG y la edad de las gestantes, produciéndose el mayor número de diagnóstico en pacientes mayores de 40 años, lo que confirma un aumento de riesgo de DG a medida que se incrementa la edad de las gestantes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 403

ESTUDIO COMPARATIVO DE LOS NIVELES DE VITAMINA D EN LAS DIFERENTES ESTACIONES DEL AÑO

Autor/a/s: GONZÁLEZ GARCÍA LAURA, GÓMEZ MARTÍN BELÉN, FERNÁNDEZ TAMARGO MARIA VICTORIA, HIERRO DELGADO CARLOS

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE ÁVILA

Localidad: ÁVILA

Correo electrónico del primer firmante: laura-go-garcia@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La vitamina D (calciferol) es un término genérico que engloba una serie de secoesteroles liposolubles que tienen actividad biológica de colecalciferol (vitamina D3).

El colecalciferol puede tener un aporte endógeno (síntesis cutánea) o exógeno (obtenido a partir de la dieta). La mayor parte suele obtenerse a partir de la síntesis cutánea por la acción de la radiación de la luz solar (UV B). En la dieta habitual hay pocos alimentos que la contengan en cantidades importantes y se absorbe en el intestino delgado.

Las acciones principales de la vitamina D deben encuadrarse dentro del contexto del metabolismo fosfocálcico. Las formas 25 OHD2 y 25 OHD3 se consideraban iguales pero se ha demostrado que la D3 es más eficaz y mejor indicador del estado de esta vitamina.

La exposición al sol de unos 10 minutos, 3-4 días a la semana, garantiza unos niveles adecuados de esta vitamina en el organismo. La vitamina D producida en la piel se almacena en el tejido adiposo y el músculo a partir de donde se utiliza.

A pesar de vivir en un país con un gran número de horas de sol al año, recientemente se ha detectado un déficit creciente de vitamina D en la población general.

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo es estudiar si existen variaciones significativas en los niveles de vitamina D determinados en nuestro hospital según en la estación del año que se realizaron los análisis.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para nuestro estudio vamos a utilizar el ARCHITECT i2000 mediante un inmunoanálisis quimioluminiscente de micropartículas (CMIA) para la determinación cuantitativa de 25-OH vitamina D en suero humano. Para el estudio estadístico se utilizaron los programas SPSS y MedCalc.

RESULTADOS:

Se compararon los valores medios de Vitamina D obtenidos durante las diferentes estaciones del año desde el invierno de 2015 hasta otoño de 2016. Se utilizó el test t de student para comparación de dos medias independientes.

Las medias que se obtuvieron para cada una de las estaciones fueron las siguientes: Primavera 19.97ng/mL (SD=12.5); Verano 26.28ng/mL (SD=14.39); Otoño 25.31ng/mL (SD=12.58); Invierno 18.60ng/mL (SD=11.91).

Se observaron diferencias muy significativas ($p < 0.01$) en las comparaciones de las medias de Primavera-Verano ($P < 0,0001$), Primavera-Otoño ($P < 0,0001$), Primavera-Invierno ($P < 0,001$), Verano-Invierno ($P < 0,0001$) y Otoño-Invierno ($P < 0,0001$). En la comparación entre Verano-Otoño se observó una $p = 0.044$ dando una diferencia significativa para $p < 0.05$.

CONCLUSIONES:

Según los resultados obtenidos, existen diferencias entre las medias de las determinaciones de Vitamina D según la estación del año y por lo tanto influyen las horas de luz solar disponibles en cada una de las estaciones. Las concentraciones séricas se relacionan directamente con la exposición solar de manera que están más elevadas al final del verano y disminuyen en invierno y primavera.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 406

CONCORDANCIA EN LA ESTIMACIÓN DEL FILTRADO GLOMERULAR POR CREATININA JAFFÉ Y ENZIMÁTICA

Autor/a/s: María Felicidad Martín Andrés, Lourdes Martín Rodríguez, Demetria Hernández Benito, Julia Martín García, Julia Isabel Vacas Recalde, Inmaculada Sánchez Villares, Juan Carlos Rodríguez Pérez

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: marifelyma@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La concentración sérica de creatinina se utiliza para evaluar la función renal en las ecuaciones que estiman la tasa de filtración glomerular. El sesgo en las mediciones de creatinina ha sido motivo de preocupación debido a la posibilidad de clasificar erróneamente a los pacientes respecto a la función renal. Las campañas de normalización y armonización han reducido el sesgo de calibración, pero todavía hay preocupaciones con respecto al error debido a la no especificidad del método.

Dos métodos están actualmente disponibles para medir la creatinina: el ensayo de Jaffé (prueba cinética colorimétrica) y enzimáticos, siendo Jaffé más susceptible a sustancias interferentes. Varios autores han sugerido que el método de Jaffé debe ser abandonado a favor del enzimático.

Sin embargo, el ensayo enzimático es considerablemente más caro y la determinación de creatinina es una prueba de alto volumen, por lo tanto la elección de dicho método presentaría un compromiso de coste y por ello tenemos que valorar la relación coste/calidad y si este último método aporta información añadida para un mejor diagnóstico para el clínico.

OBJETIVOS:

Analizar la concordancia en las tasas de filtración glomerular estimadas con la ecuación CKDEPI calculadas a partir de mediciones de creatinina en suero por el método de Jaffé y enzimática. La tasa de clasificación errónea es una medida de rendimiento clínico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

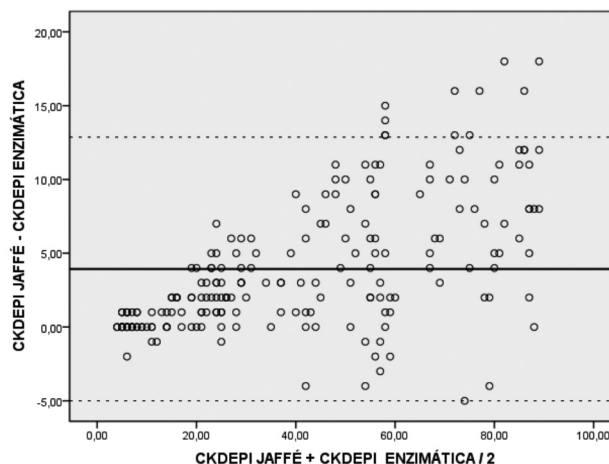
Seleccionamos 205 muestras de pacientes distribuidas en distintos estadios de función renal a los que se determinó creatinina en el analizador Cobas c701 (Roche Diagnostics) con los dos métodos mencionados. La población a estudio incluyó adultos con edades comprendidas entre 31 y 96 años (edad media 77 años), de los cuales 104 (51%)

fueron mujeres y 101 (49%) hombres.

Para evaluar la concordancia entre los dos sistemas de medida se realizó el Diagrama de Bland-Altman con nivel de significación $p < 0.05$. El paquete estadístico utilizado es el SPSS Statistics 18.0

RESULTADOS:

El análisis de concordancia muestra una diferencia media entre los dos métodos de 3.93, con límite inferior de -5 y superior de 12,87 mL/min/1.73m² (IC95%).



CONCLUSIONES:

El intervalo de confianza para la media de las diferencias incluye el valor cero por lo que se considera que no existen diferencias estadísticamente significativas entre los resultados proporcionados por ambos métodos ($p = 0.05$).

Debemos señalar la limitación en nuestro estudio, el error total en los ensayos de creatinina debería tener en cuenta no sólo el componente de especificidad sino también el sesgo de calibración y la imprecisión.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 407

INFLUENCIA DE LA VARIABLE HEMÓLISIS EN MÉTODO JAFFÉ PARA POBLACIÓN PEDIÁTRICA

Autor/a/s: MARIA FELICIDAD MARTIN ANDRES, LOURDES MARTIN RODRIGUEZ, DEMETRIA HERNANDEZ BENITO, MARIA TERESA EGIDO ANDRES, ROSARIO AGUADERO MARTIN, PATRICIA FERNANDEZ GONZALEZ, MARIA SOLEDAD CORRAL VICENTE, JUAN CARLOS RODRIGUEZ PEREZ

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: marifelyma@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Concentraciones elevadas de hemoglobina fetal presente en las muestras hemolizadas enmascaran el color de la reacción de Jaffé ocasionando una infraestimación de la concentración de creatinina.

Con la finalidad de minimizar estas interferencias, los fabricantes de reactivos han realizado modificaciones en sus procedimientos de medida; introduciendo un factor de corrección negativo para contrarrestar la interferencia positiva de los pseudocromógenos, dicha corrección puede ser excesiva en las muestras de pacientes en los que la producción diaria de creatinina es baja como es el caso de la población pediátrica.

Por todo ello, diferentes autores y sociedades científicas recomiendan la utilización de los métodos enzimáticos para la medida de creatinina en población pediátrica, especialmente en neonatos y niños pequeños.

OBJETIVOS:

Evaluación de la no especificidad para el método de Jaffé observando la influencia de la hemólisis en población pediátrica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemos recogido 62 alícuotas de sueros de niños menores de un año con un índice de hemólisis alto > 100 mg/dl.

Las muestras a procesar se congelaron (-20°C) y el mismo día se determinó concentración de creatinina por el ensayo de Jaffé y el enzimático en el analizador Cobas c701 (Roche Diagnostics).

Para determinar si la hemólisis influye en la variable concentración de creatinina realizamos un Análisis de Varianza (ANOVA) de un factor calculando el estadístico F (distribución F de Snedecor) con su nivel de significación. El paquete estadístico utilizado es el SPSS Statistics 18.0.

RESULTADOS:

El valor de F para la variable creatinina Jaffé es de $F=5.499$ con un nivel de significación de $p=0.012$ ($p<0.05$) en cambio para la variable creatinina enzimática encontramos una $F=1.203$ no significativa $p=0.434$.

ANOVA					
CREA.JAFFÉ	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Inter-grupos	10,880	53	,205	5,499	,012
Intra-grupos	,261	7	,037		
Total	11,141	60			

ANOVA					
CREA.ENZIMÁTICA	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Inter-grupos	2,843	53	,054	1,203	,434
Intra-grupos	,312	7	,045		
Total	3,156	60			

CONCLUSIONES:

Interferencia positiva del factor hemólisis para la concentración de creatinina por el método de Jaffé (significación menor de 0.05). Al 18% de los pacientes no se les pudo dar resultado por interferencia en la medición con el ensayo de Jaffé.

La hemólisis interfiere en el ensayo de creatinina de Jaffé que conducen a inexactitudes en las tasas de filtración glomerular que son clínicamente importantes especialmente en niños y neonatos. Por lo tanto para la evaluación de la función renal en los casos pediátricos se debería utilizar el método enzimático.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 417

ANÁLISIS COMPARATIVO ENTRE DOS MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE ALDOSTERONA

Autor/a/s: HERRERO BERROCAL, MARÍA; LLURVA GALÁN, ALEXANDRA; MARTÍNEZ CHINCOLLA, CAROLINA; ZAFRA FERNÁNDEZ, ANTONIO; ELORZA MÉNDEZ, SILVIA; ARRIBAS HERRERO, BEATRIZ; IZQUIERDO ÁLVAREZ, CRISTINA.

Centro de trabajo: HOSPITAL PUERTA DE HIERRO MAJADAHONDA

Localidad: MAJADAHONDA

Correo electrónico del primer firmante: mariahb26@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La aldosterona es una hormona que se sintetiza en la corteza adrenal. Su producción está regulada por la renina y la angiotensina, y los niveles plasmáticos de potasio.

Su función principal es estimular la retención de sodio y la excreción de potasio por los riñones, estando implicada en el mantenimiento de las concentraciones de sodio y de potasio en sangre, y en el control del volumen sanguíneo y de la presión arterial.

La determinación principal de aldosterona se realiza para el diagnóstico de hiperaldosteronismo o insuficiencia adrenal, siendo también necesario el análisis de renina para la correcta interpretación de los resultados.

OBJETIVOS:

Realizar un estudio comparativo de dos métodos para la determinación de aldosterona en suero.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se determinan los niveles de aldosterona en 49 muestras de suero por dos métodos diferentes: inmunoensayo quimioluminiscente en el analizador LIAISON de DIASORIN y por radioinmunoanálisis.

Se realiza el análisis estadístico mediante el programa Medcalc. Se comparan los dos métodos mediante estudio de correlación de Pearson, y análisis de las diferencias mediante Bland-Altman

RESULTADOS:

Se observa una correlación positiva y lineal ($r=0.77$ y $p<0.001$). La diferencia de las medias entre ambos métodos es de 13.13 pg/mL, IC95% [1.5-24.75] y el 95% de los datos se encuentra dentro del límite de concordancia [-66.17- 92.43].

CONCLUSIONES:

Los resultados de la determinación de aldosterona por ambos métodos presentan una buena correlación. El cambio de técnica para el análisis de aldosterona, no supondría ningún cambio para el diagnóstico del paciente, por lo que podemos concluir que ambos métodos son intercambiables.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 420

APLICACIÓN EN URGENCIAS DE LOS NUEVOS TUBOS "BD BARRICOR" PARA ANÁLISIS CLÍNICOS

Autor/a/s: HITA SÁNCHEZ, MARIA TRINIDAD (Nº SOCIO 15197); ANDREU PÉREZ, ROSA MARIA; CORREA VILCHEZ, FERNANDA Y SANPEDRO DE LA TORRE, INMACULADA CONCEPCION.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES.

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: maritrinihs@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los tubos de recogida de plasma sanguíneo BD Vacutainer Barricor están destinados a recoger, separar, procesar y conservar muestras de sangre venosa para usos de análisis de detección de enfermedades infecciosas y análisis de detección de zinc en plasma, entre otras. Estos tubos de plástico tienen un separador mecánico (en lugar de gel), un tapón con bajo contenido en zinc y un protector de plástico Hemogard con código de color verde lima o verde trébol.

OBJETIVOS:

El objetivo del estudio es comprobar las ventajas de los nuevos tubos BD Vacutainer Barricor LH Plasma (con separador mecánico) sobre los que utilizamos actualmente que son los BD Vacutainer SST Advance (separador de gel)

METODOLOGÍA:

El estudio se ha realizado durante un mes y para ello se han utilizado 28 muestras recogidas a pacientes del Servicio de Urgencias del Hospital Virgen de las Nieves de Granada.

El interior de los tubos BD Barricor está revestido con un anticoagulante de heparina de litio, además, éstos contienen menos de 50 microlitros de zinc para facilitar el análisis de detección de zinc. Estos tubos están disponibles en los tamaños 13x75mm y 13x100mm con varios volúmenes de extracción que varían entre 3 ml. y 5.5 ml. El tapón y el separador mecánico están lubricados con un surfactante a base de silicona que facilita la colocación para separar las células del plasma.

RESULTADOS:

Los tubos BD Barricor tienen un excelente comportamiento centrifugándolos a 4000 RCP(g) durante 3 minutos. En tanto que los tubos BD Advance 3500 RCP(g) tardan 7 minutos en el centrifugado.

El separador mecánico es muy útil, ya que las células quedan separadas del plasma y se decantan sin necesidad de usar pipeta, en caso de hacer alícuota.

Otra de las ventajas que hemos observado en estos tubos BD Barricor sobre los BD Advance es que en caso que la punta de muestras de un analizador baje y toque el separador, nunca se obturará ésta, como ocurre en los tubos de gel (en caso que detecte poca muestra y baje hasta el gel separador).

Si bien, la ventaja más interesante de los tubos BD Barricor sobre lo BD advance es que con un solo tubo realizaríamos todos los perfiles que efectuamos a las muestra del Servicio de Urgencias incluida la proBNP. Actualmente necesitamos un tubo extra de heparina de litio, que en bastantes ocasiones olvidan extraer al paciente, quedando solucionado éste problema.

CONCLUSIÓN:

En el Laboratorio de urgencias podríamos procesar todas las muestras urgentes con un sólo tubo de BD Barricor. Se realizarían todas las determinaciones, incluida la proBNP, además de mejorar el tiempo de respuesta en nuestro laboratorio con respecto a los tiempos que damos actualmente sobre la determinación de proBNP.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 424

ESTUDIO DE COMPARACIÓN DE METODOS PARA LA AUTOMATIZACIÓN DE LA ANDROSTENDIONA

Autor/a/s: YEBRA ELIPE, BELEN; OÑATE MORAL, JULIA; GINER MARTINEZ, XAVIER; PEREZ GOMEZ, PEDRO; LOPEZ LAZARENO, NIEVES; HERRAZ PUEBLA, MERCEDES

Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: belen.belenchu.yebraelipe4@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La androstendiona es una hormona esteroide producida por la glándula adrenal y las gónadas, que es precursora de la testosterona, estrona y estradiol. Por lo tanto, su medición tiene interés tanto en hombres como en mujeres por las diversas patologías asociadas al desequilibrio de sus niveles.

La medición de esta molécula se realiza por Radioinmunoensayo (RIA), una técnica manual actualmente en desuso por la aparición de nuevos autoanalizadores, que trabajan con tubo primario y tienen la posibilidad de volcar los resultados al Sistema Informático del Laboratorio (SIL). La evolución del laboratorio tiende a la automatización máxima para mejorar los flujos de trabajo, tiempos de respuesta, evitar al máximo los errores humanos y mejorar la trazabilidad. Existe la posibilidad de mejorar el laboratorio con un equipo con tecnología ELISA mas automatizado, el Hybrid-XL, que trabaja con tubo primario y transmite resultados al SIL.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es evaluar la concordancia entre los resultados obtenidos por RIA y el Hybrid-XL y realizar el estudio de imprecisión de la medición de la androstendiona en el Hybrid-XL.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se procesaron muestras de suero con distintas concentraciones procedentes de pacientes de hospitalizados y de atención primaria. El número de muestras analizadas N=30.

Las mediciones de androstendiona se realizaron en el Hybrid-XL con cartuchos y Personal LAB con microplacas recubiertas de DGR, que basan las determinaciones en ELISA.

El estudio de imprecisión se realizó con material control a dos niveles de concentración Control I y II.

Para el estudio de repetibilidad y reproducibilidad se siguieron las recomendaciones de la SECQ y del NCCLS.

RESULTADOS:

El tratamiento estadístico de los datos se realizó con el Software SPSS 21.0. Los resultados obtenidos para el estudio de repetibilidad y reproducibilidad en el Hybrid-XL se muestran en la tabla siguiente.

	Nivel	Concentración medida (ng/mL)			
		Repetibilidad		Reproducibilidad	
		X±SD	CV(%)	X±SD	CV(%)
17-OHP	I	1.05±0.08	7.9	1.06±0.09	8.8
	II	3.14±0.24	7.8	3.21±0.28	8.7

Los datos de obtenidos de la Regresión de Pearson, el Coeficiente de Correlación Intraclase y de la Regresión de Passing-Bablok para la medición de Androstendiona se muestran en la tabla siguiente.

	Androstendiona	
CC de Pearson R2	0.935	
Bland-Altman CCI (IC95%)	0,945(0.881-0.974)	
Regresión Passing-Bablok (IC95%) y=ax+b	a	1.10(0.729-1.482)
	b	0.94(0.616-0.828)

CONCLUSIONES:

Basados en las especificaciones de calidad analítica se puede afirmar que el analizador Hybrid-XL para la medición de la androstendiona muestra coeficientes de variación aceptables (CV<10%).

Por otro lado, la buena concordancia entre los resultados permite que ambos métodos sean intercambiables.

El Hybrid-XL aunque sobrestima ligeramente los resultados, permite clasificar a los pacientes de manera similar con RIA, no siendo necesario establecer nuevos valores de referencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 432

PROTOCOLO DE CONTROL DEMANDA PARA LA PROCALCITONINA EN EL LABORATORIO DE ANÁLISIS CLÍNICOS DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE LA PRINCESA

Autor/a/s: Alejandra Quattrocchi ; Ramón Urrea; Pedro Díaz Calvo; Alberto Martín

Centro de trabajo: Hospital Universitario de la Princesa

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: angela14128@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La procalcitonina es un biomarcador correlacionado con la severidad de la infección.

Una correcta interpretación de la procalcitonina, así como la correcta serialización de su muestreo, permite mejorar la toma de decisiones en los tratamientos antibióticos relacionados con sepsis.

OBJETIVOS:

Mejorar la toma de decisiones y de la racionalización de los recursos sin merma de la calidad asistencial.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para alcanzar los objetivos del presente proyecto se establece un protocolo en el Hospital de La Princesa para la correcta demanda de la PCT.

Se analiza la base de datos de 5860 muestras de PCT recogidas en el Hospital de Princesa en el periodo de enero a Junio de 2016.

Asunciones: La base de datos no recoge registro de parámetros SOFA o qSOFA ni de tratamiento antibiótico previo o posterior a la demanda de PCT. Asumiremos estos parámetros como criterios adecuados en la solicitud de la primera muestra. Para un mismo paciente, cuando la muestra anterior de la PCT es <0,25 ng/ml y la siguiente muestra se toma pasadas las 96 horas, se entiende, como la primera muestra de análisis. Hemos ampliado en una hora por cada extremo los intervalos 6-24 y 24 48 horas pasando a ser 5 25 horas y 23 49 horas para evitar que pequeñas diferencias en los minutos se consideraran muestras fuera de protocolo.

Para cada muestra recorreremos el árbol de decisión del protocolo para determinar si era pertinente la solicitud de la muestra y si se hizo en el periodo adecuado. Se entenderá que se sigue el protocolo si se cumplen estas dos condiciones.

Si el resultado de la primera muestra es PCT<0,5 ug/l, la segunda muestra debería tomarse entre 6 y 24 horas siguientes (5 - 25 horas a nuestros efectos). El resultado de esta segunda muestra (y sucesivas si procede) determinará qué debe hacerse. Si es inferior a 0,25 ug/l no deberán realizarse muestras sucesivas, si está entre 0,25 y 0,5 ug/l se repetirá a las 24h y si supera el 0,5 ug/l pasará a la otra rama principal del árbol. Se repetirá cada 24 48 horas (23 49 horas en nuestro análisis) durante 4 días y cada 72h posteriormente hasta sea inferior a 0,25 ug/l o baje un 90% del valor pico.

RESULTADOS:

El análisis de los datos siguiendo los métodos descritos arrojan los siguientes resultados:

Total muestras de PCT: 5.860

Muestras que cumplen con el protocolo: 3.364 (57,41%)

Muestras que no cumplen con el protocolo: 2.496 (42,59%)

De las cuales:

No debieron hacerse: 835 (14,25%)

Se hicieron demasiado pronto: 700 (11,95%)

Se hicieron demasiado tarde 961 (16,40%)

CONCLUSIONES:

A la luz de los resultados obtenidos entendemos como muy positivo el establecimiento de un protocolo de demanda para la PCT pues sin duda su aplicación tendrá importante impacto en la mejora de la toma de decisiones a tiempo en tratamientos antibióticos relacionados con sepsis, a la vez que hace un uso racional de los recursos sin merma, sino al contrario, de la calidad asistencial.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 437

SEGUIMIENTO DE RESPUESTA A ESTIMULOS FISIOLÓGICOS PARA AYUDAR A VALORAR EL DÉFICIT DE GH EN NIÑOS EN NUESTRO LABORATORIO

Autor/a/s: M^a TERESA FERNANDEZ BAJO

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO

Localidad: LEON

Correo electrónico del primer firmante: galleta-12@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La GH estimula el crecimiento, la reproducción y generación celular, es un polipéptido de 191 aminoácidos de una sola cadena sintetizada, almacenada y secretada por las alas laterales de la hipófisis.

Debido a que la secreción de GH es pulsátil para diagnosticar la existencia de una deficiencia de GH debe recurrirse a estímulos fisiológicos.

Todas las pruebas de estimulación deben realizarse en ayunas, dado que altos niveles de glucosa y ácidos grasos pueden bloquear las pruebas.

El stress que precede a la prueba en niños puede aumentar los niveles basales de GH y bloquear posteriormente la respuesta hormonal al estímulo.

OBJETIVOS:

Valoración de la respuesta a estímulos fisiológicos mediante el Test de Clonidina y Test de Hipoglucemia Insulínica para diagnosticar un posible déficit de GH en niños.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han realizado dos pruebas de estimulación ó pruebas funcionales a 56 niños entre 21m y 14 años.

- Test de Clonidina: Se realiza extracción en condiciones basales y se administra vía oral en niños menores de 10 años 0.075mg/m² y en mayores de 10 años 0.10mg/m²

Se extrae sangre a los 30 60 90 120 siendo necesario el control de tensión arterial durante toda la prueba.

Habremos obtenido estímulo si al menos en uno de los tiempos la GH es mayor de 7,4ug/L.

- Test de Hipoglucemia Insulinica: Se realiza extracción basal y se administra v.i 0,10u/kg de insulina rápida si sospechamos de déficit de ACTH, obesidad seran 0.05-0.075u/kg v.i.

Se extraerá sangre a lo 30 60 90 120 Como en la prueba anterior sera el resultado positivo si la GH es mayor de 7.4ug/L en alguno de los tiempos.

Para que el estímulo sea valido la glucemia debe disminuir hasta por lo menos el 50%del valor basal,teniendo monitorizada la glucosa durante todo el transcurso de la prueba.

Tanto el Test de Clonidina como el Test de Hipoglucemia Insulínica provocan un estímulo alfa adrenérgico provocando la liberación de GH.

El metodo utilizado para medir la GH sera, Ensayo Inmunometrico Quimioluminiscente (Inmulite 2000,Siemens).

RESULTADOS:

De los 34 niños y 22 niñas, a 41 se les ha realizado el test de clonidina, obteniendo los siguientes resultados:

En 25 sujetos hemos observado valores superiores a 7.4ug/L en al menos un tiempo de la prueba, siendo el tiempo 60 donde mejor respuesta a la estimulación hemos encontrado en 12 pacientes, seguido del tiempo 90 con 9 pacientes con un valor superior a 7.4ug/L. Por tanto en un 44.6% han respondido al estímulo.

En 17 niños se realiza el Test de Hipoglucemia Insulinica obteniendo en 7 un valor superior a 7.4ug/L. Un 52% respondió al estímulo, -tendremos en cuenta que el numero de muestras utilizadas en esta prueba es menor.

Observamos que a un sujeto se le realizo las dos pruebas de estimulación, sin obtener respuesta en el Test de Clonidina y si en el Test de Hipoglucemia Insulinica con un valor superior a 7.4ug/L en el tiempo 120.

También hemos visto que el stress causado por la prueba ha producido un aumento de GH basal en 10 niños bloqueando después la estimulación sin producir respuesta en ninguno de los tiempos.

CONCLUSIONES:

Las pruebas funcionales son una ayuda en el diagnostico de deficit de GH no son determinantes para el diagnostico ya que hay diversos factores a tener en cuenta stress, obesidad, hipotiroidismo, pubertad acelerada & etc

Para concluir,es necesario realizar pruebas de estimulación para ayudar al estudio de déficit de GH, ya que una medición de GH aleatoria no nos da la información que buscamos,por que como hemos dicho anteriormente es una hormona de secreción pulsatil.

No son pruebas definitorias de diagnostico, se usan para complementar otras pruebas y en nuestro laboratorio la mas utilizada es el Test de Clonidina ya que es el que menos contraindicaciones tiene y menos efectos secundarios.

GENÉTICA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 002

DETECCIÓN DEL DAÑO AL DNA EN LINEAS CELULARES DE LINFOMA DE CÉLULAS DEL MANTO.

Autor/a/s: Miriam Prieto, David Martín, Robert Albero, Silvia Beà.

Centro de trabajo: IDIBAPS

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: mprieto1@clinic.ub.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

H2AX es una variante de la familia de proteínas H2A que es un componente del octómero de histonas. La fosforilación de H2AX, gamma-H2AX, es el primer paso en el reclutamiento y localización de proteínas de reparación del DNA. El daño del DNA puede ser provocado por roturas de simple o doble hebra (DSB).

Las roturas del DNA pueden ser inducidas por mecanismos tales como radiación ionizante o agentes citotóxicos dónde posteriormente se forman rápidamente foci gamma-H2AX para señalar zonas del DNA dañadas.

Estos foci representan la acumulación de proteínas de reparación del DNA, siendo proporcional al daño celular detectándose por inmunofluorescencia a través de un anticuerpo contra gamma-H2AX y anticuerpos secundarios unidos a fluorocromos. Ésto nos permite cuantificar el efecto de agentes externos sobre la estabilidad cromosómica.

OBJETIVOS:

Estudiar daño ante un agente externo, rayos ultravioleta C (UV-C) y observar la acumulación de la proteína gamma-H2AX, responsable de la señalización del daño al DNA, a través de focis en la línea celular de Linfoma de Células del Manto (LCM) REC-1

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realizamos la técnica con 1 millón de células de la línea celular de LCM REC-1 sometidas a radiación UV-C y otro millón de células no irradiadas (Control)

A las 6 horas, fijamos las células a un cubreobjetos con paraformaldehído al 16%, las permeabilizamos, bloqueamos y incubamos con un anticuerpo H2AX y su anticuerpo secundario anti Rabbit (Alexa 488) y finalmente realizamos una contratinción con DAPI.

Hacemos el montaje en portaobjetos para su visualización en microscopía confocal.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN:

En las células no irradiadas no se observan focis en ninguna de las zonas nucleares. En las células irradiadas con UV-C podemos apreciar diferentes grados de intensidad observando: células no marcadas con gamma-H2AX, células con focis de gamma-H2AX y células pan-nucleares para gamma-H2AX. En las células no irradiadas no se detectan focis de gamma-H2AX ya que no se produce ningún tipo de daño en el DNA. En las células irradiadas se detecta la acumulación de gamma-H2AX lo cual nos indica que en éste tiempo el DNA dañado ha sido detectado. Además observamos que existen células con diferente cantidad de focis y, por lo tanto, diferente grado de daño al DNA (a más focis mayor daño en el DNA). Por lo contrario aparecen células pan-nucleares en las cuales observamos diferentes números de focis lo que nos permitiría cuantificar el grado del daño producido de una manera mucho más precisa en cada caso.

CONCLUSIONES:

Utilizando cómo marcador gamma-H2AX mediante inmunofluorescencia

hemos podido detectar y cuantificar daño al DNA producido por un agente externo (UV-C).

Incubando las células 6 horas tras la irradiación, la célula ya es capaz de detectar las zonas de daño del DNA y marcarlas para una posterior reparación.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 047

IMPORTANCIA DE LA DETERMINACIÓN DEL POLIMORFISMO IL-28B EN PACIENTES CON INFECCIÓN POR VHC

Autor/a/s: ELENA TORRES CARRASCO - MARIA CONCEPCION VEGA VARGAS - ANA ISABEL ALGAR ROMERO

Centro de trabajo: HOSPITAL MEDICO QUIRURGICO DE JAEN

Localidad: JAEN

Correo electrónico del primer firmante: etc696@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El gen IL28B codifica la interleucina 28, también conocido como interferón (IFN) lambda tipo III (IFN-lambda-3). La IL28B es un mensajero químico de las reacciones inmunológicas que presenta actividad antiviral (citocina relacionada al IFN-alfa).

El polimorfismo genético hace referencia a la existencia en una población de múltiples alelos de un gen. Es decir, un polimorfismo es una variación en la secuencia de un lugar determinado del ADN entre los individuos de una población.

En pacientes con infección crónica por VHC se ha descrito el polimorfismo de nucleótido único (PNU) de la IL-28B, como un importante predictor de respuesta al tratamiento con ribavirina e interferón pegilado alfa (IFN alfa), actualmente, el tratamiento estándar utilizado en la infección por VHC.

Los individuos con dos copias del alelo C (genotipo CC), son más propensos a responder al tratamiento que los individuos TT. También el alelo C es más frecuente en pacientes en los que la infección por el VHC se resuelve espontáneamente. Por el contrario, los individuos portadores del genotipo CT o TT tienen menor capacidad de responder al tratamiento. Es preciso remarcar que la posesión de un genotipo favorable no garantiza la curación y, al contrario, poseer un genotipo desfavorable no la excluye.

OBJETIVOS:

Determinar la frecuencia de los genotipos con mayor respuesta al tratamiento en pacientes de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron las muestras recibidas en nuestro hospital entre el periodo de enero a diciembre de 2016, siendo analizadas un total de 124 pacientes. Dicho análisis se realizó en lightcycler2.0, cuyo método que utiliza es el Sistema de PCR en tiempo real.

RESULTADOS:

De los 124 pacientes estudiados obtuvimos unos resultados de 17 pacientes con genotipo TT, (asociado a mala respuesta al tratamiento), 43 pacientes con genotipo CC, (asociado a buena respuesta al tratamiento) y 64 pacientes con genotipo CT, (asociado a respuesta intermedia al tratamiento)

CONCLUSIONES:

Teniendo en cuenta el alto coste de dichos tratamientos, y los diferentes aspectos adversos graves, la identificación de factores que predicen respuesta a la terapia, representan un importante factor a tener en cuenta antes de suministrarlas.

JAK2 Y NEOPLASIAS MIELOPROLIFERATIVAS

Autor/a/s: ANA AGUDO MORENO, PILAR HIGUERAS BUENO, JUAN ANGEL CAMARA PERAGON, M^a CONCEPCION MARTINEZ RODRIGUEZ

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: UBEDA

Correo electrónico del primer firmante: anaagudo@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Según la clasificación de la OMS de 2008, la policitemia vera (PV), la trombocitemia esencial (TE) y la mielofibrosis primaria (MP), se encuentran entre los síndromes mieloproliferativos crónicos y reciben el nombre de neoplasias mieloproliferativas (NMP) clásica BCR-ABL negativas; caracterizadas por el aumento de la proliferación de las líneas eritroides, megacariocíticas y mieloides.

La mutación JAK2V617F es adquirida y conduce a una alteración en el bloque de proteínas, se sustituye la valina (V) por la fenilalanina (F). Este cambio de aminoácidos implica la activación continuada de la proteína JAK2, lo que origina una producción descontrolada de las células sanguíneas.

OBJETIVOS:

Estudio de la mutación del JAK2, incidencia en la zona y afectación entre hombres y mujeres.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para el estudio de la presencia de la mutación del JAK2, se emplea la técnica de Hibridación molecular (PCR) utilizando como muestra 5 ml. de sangre EDTA; aunque también se puede realizar en médula ósea.

Para la recopilación de los datos hemos utilizado el sistema informático laboratorio (SIL), OMEGA 3000 (ROCHE DIAGNOSTICS) y la aplicación estadística OMNIUM (ROCHE DIAGNOSTICS).

RESULTADOS:

El seguimiento se realiza durante el período 2015-2016 a pacientes derivados por la consulta de hematología ante la sospecha de la existencia de alguna de las patologías descritas anteriormente. Durante el año 2015 se solicitan un total de 72 determinaciones, de estas, 34 son mujeres y se encontraron 3 casos con presencia de la mutación del gen, y 38 varones analizados, de los cuales 4 fueron positivos a la mutación.

Durante el año 2016 se solicitan 48 determinaciones de las cuales 22 corresponden a mujeres, con 2 positivos a la mutación entre ellas; y 26 correspondieron a varones con 1 positivo a la mutación entre estos.

CONCLUSIONES:

En vista de los resultados obtenidos, podemos observar como el porcentaje de estudio, en cuanto a género se refiere, es bastante similar en su solicitud, un poco más elevado para los varones aunque no demasiado. De un total de 120 pacientes, 56 fueron mujeres y 64 varones.

En la población analizada en este período la incidencia de la mutación es de un 8%, es decir, 10 casos de los 120 revisados.

Para concluir diremos que la presencia de la mutación del JAK2 permite establecer un diagnóstico definitivo de trastorno mieloproliferativo pero su ausencia no descarta dicho trastorno.

USO COMBINADO DE LA SECUENCIACIÓN MASIVA Y MLPA PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GRANDES REORDENAMIENTOS EN FAMILIAS CON SÍNDROME MAMA/OVARIO.

Autor/a/s: Colmena García Marta, Perez Barrios Clara, Barquín del Romo Miguel, González Jimiénez Lydia, Martínez Rodríguez Ana, Romero Alfonso Atocha, Provencio Pulla Mariano.

Localidad: Majadahonda

Correo electrónico del primer firmante: martacolmena@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La secuenciación masiva por amplicones y el MLPA (Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification) son técnicas que permiten la identificación de alteraciones en el número de copias (CNVs). Ambas técnicas resultan de utilidad para la identificación de grandes reordenamientos en los genes BRCA1 y BRCA2. Alteraciones en el número de copia en estos genes se asocian a casos de síndrome mama-ovario.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es valorar la utilidad clínica del uso secuencial de la secuenciación masiva y posterior confirmación por MLPA para la identificación de grandes reordenamientos en los genes BRCA1 y BRCA2.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó el estudio completo de los genes BRCA1 y BRCA2 de 86 casos índices de familias de alto riesgo de cáncer de mama/ovario hereditario mediante secuenciación masiva con el kit de Multiplicom BRCA MASTR Dx en un secuenciador masivo MiSeq de Illumina.

Las alteraciones en el número de copias se confirmaron mediante MLPA utilizando el kit de MRC-Holland para BRCA1 (SALSA P002-D1) y BRCA2 (SALSA P090-B1).

RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

De los 86 casos índices en 15 casos se encontraron mutaciones puntuales clasificadas como patogénicas y en 3 casos se identificaron alteraciones en el número de copias mediante estudios de secuenciación masiva a saber: una pérdida de dosis del exón 16 de BRCA1, otra pérdida de dosis de los exones 8-11 de BRCA1 y una amplificación del exón 16 de BRCA1.

Todas las mutaciones puntuales se confirmaron por secuenciación Sanger.

Respecto a la variación del número de copias el MLPA confirmó las dos deleciones y descartó la amplificación, que se catalogó como un falso positivo.

El MLPA es una técnica adecuada para la confirmación de variaciones en el número de copias (CNV) identificadas mediante estudios de secuenciación masiva, ya que tiene una elevada especificidad y elimina los falsos positivos encontrados por dicha técnica.

CULTIVO DE RESTOS ABORTIVOS Y VELLOSIDADES CORIALES MEDIANTE LA TÉCNICA DE LOS EXPLANTES. RESULTADOS OBTENIDOS CON LAS DIFERENTES MUESTRAS

Autor/a/s: MARÍA DEL CARMEN TORIBIO PRIETO, JÉSSICA SÁNCHEZ DEL VALLE, ANTONIA MARÍA BAÑOS GUERRERO, MARÍA DEL CARMEN GARCÍA VICENTE, JUAN CARLOS FERNÁNDEZ SENOVILLA, ARACELI ORTEGA MUÑOZ, JUAN ANTONIO DÍAZ MARTÍNEZ, ROSA MARÍA LOBO VALENTÍN

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO RIO HORTEGA

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: MARIFU83@HOTMAIL.ES

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

el tiempo de respuesta para muestras tanto de vellosidades coriales como de restos abortivos para técnicas de citogenética convencional puede llegar a suponer el 80% del tiempo total hasta la emisión del informe, siendo el factor limitante en todo el proceso.

El proceso convencional de cultivo en el Hospital Universitario Río Hortega comprende la puesta de cultivo en tubos truncados de 12ml, cambio de medio a los 7 días tras cultivo, valoración del cultivo para realización de subcultivo a frascos easy-flask, subcultivo y valoración para sacrificio de los cultivos (hasta 3 días posteriores al subcultivo).

OBJETIVO:

Comprobar que en función de la muestra utilizada el tiempo medio en todo este proceso varía mucho aún realizándose con el mismo protocolo. Para las vellosidades coriales es de 29 días, en cambio para los restos abortivos es de 59 días.

MATERIAL Y MÉTODOS:

se han seleccionado 30 muestras de vellosidades coriales y 30 muestras de restos abortivos en el periodo comprendido entre el 02/01/2016 y 20/12/2016 y se ha aplicado el protocolo de cultivo de vellosidades coriales y restos abortivos mediante la técnica de los explantes. Para el análisis estadístico se utiliza el programa SPSS versión 21.0.

RESULTADOS:

El tiempo de respuesta para las vellosidades coriales es de 29 días, en cambio para los restos abortivos es de 59 días.

CONCLUSIONES:

con los resultados obtenidos podemos comprobar que tratando dos muestras de igual forma, con el mismo protocolo de trabajo, los resultados obtenidos son muy diferentes. Esto es debido a que una de las muestras esta viva en el proceso del cultivo (la de la vellosidad corial) y la otra no sabemos cuánto tiempo hace que ha fallecido (la de los restos abortivos).

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 069

IMPORTANCIA DE CONTAR CON UN MÉTODO DIAGNÓSTICO ALTERNATIVO EN MUESTRAS DE DIFÍCIL CRECIMIENTO

Autor/a/s: MARÍA DEL CARMEN TORIBIO PRIETO, JÉSICA SÁNCHEZ DEL VALLE, ANTONIA MARÍA BAÑOS GUERRERO, MARÍA DEL CARMEN GARCÍA VICENTE, JUAN CARLOS FERNÁNDEZ SENOVILLA, ARACELI ORTEGA MUÑOZ, JUAN ANTONIO DÍAZ MARTÍNEZ, ROSA MARÍA LOBO VALENTÍN

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO RÍO HORTEGA

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: MARIFU83@HOTMAIL.ES

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En el laboratorio de citogenética realizamos el cariotipo en distintas muestras. Según la muestra que nos ocupe, hay situaciones en las cuales no podemos informar el cariotipo, dado a las limitaciones que presenta la técnica y a las características propias de la muestra. Ya que hay ocasiones que el cultivo no crece, ocurre sobretodo en los restos abortivos.

Por todo ello, nos resulta imprescindible contar con una técnica complementaria para poder informar los casos. En nuestro caso esa técnica es la QF-PCR.

OBJETIVO:

demostrar la importancia de la técnica complementaria, QF-PCR, para aportar información diagnóstica a través de la biología molecular de la muestra problema. Sobre todo en los casos en los que no se ha podido realizar el cariotipo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

se han seleccionado 55 muestras de restos abortivos comprendidas entre el 03-01-2016 y el 29-12-2016. Hemos valorado cuales de ellas han podido informarse mediante cariotipo, mediante QF-PCR y cuales no han podido informarse.

RESULTADOS:

de las 55 muestras problema, 16 pudieron informarse mediante cariotipo, mientras que de las 39 restantes 33 pudieron informarse por QF-PCR y 6 no han podido informarse por ningún método al tratarse de material materno.

CONCLUSIONES:

con los resultados obtenidos podemos comprobar que con determinadas muestras es imprescindible contar con una técnica de apoyo. Tanto por las características propias de la muestra como por las limitaciones que nos ofrece la técnica principal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 082

EVALUACIÓN DE LA DIFERENTE EXPRESIÓN GÉNICA ENTRE DOS PATOLOGÍAS RELACIONADAS ENTRE SÍ

Autor/a/s: RAQUEL MORENO MAYORDOMO, DIANA ZAUTUA ROMERO, ALICIA ZAPICO BELLOSO, AZUCENA TOLOSA ANTOLÍN, MARÍA PAZ CALLEJO DEL POZO, BELÉN PRIETO SAINZ

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE VALLADOLID

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: morenomayordomo@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en su tercera generación o PCR digital, permite una cuantificación absoluta de moléculas de ácidos nucleicos. Su utilidad radica en conocer en qué grado se está expresando un gen en un individuo en un momento dado, y una de sus ventajas es la capacidad de detectar y cuantificar pequeñas diferencias porcentuales en el número de copias con un alto grado de precisión.

OBJETIVO:

Buscar patrones de expresión génica de genes implicados en la fisiopatología de la migraña en pacientes con Migraña Episódica y Migraña Crónica mediante PCR digital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se extrajo ARN de sangre periférica de 20 pacientes migrañosos. Analizamos 5 genes con conocida expresión linfocitaria (MTDH, SLC6A4, ACE, NOTCH3, TGFBR2) mediante el equipo de PCR digital QX200® (Bio Rad). Utilizamos como gen de referencia el GAPDH, presente en todas las células, y analizamos los resultados con el programa estadístico IBM SPSS versión 19.0.

RESULTADOS:

Se analizó el ARN de 20 pacientes migrañosos. 11 padecían MC y 9 ME (80% mujeres, edad de $41,8 \pm 13,7$ años (18-60)). Se obtuvieron resultados amplificables únicamente en dos de los genes evaluados: TGFBR2 y MTDH. En cuanto al gen de la metadherina (MTDH), observamos que la mediana del número de copias MTDH/GAPDH expresadas fue mayor en el grupo de pacientes con ME comparado con el de MC. Por encima del valor $p50 (=0,077)$ de copias MTDH/GAPDH expresadas por los linfocitos, la probabilidad de un migrañoso a sufrir una ME era 8,2 veces mayor que la de sufrir una MC.

CONCLUSIONES:

Si bien la serie actual es reducida y estos resultados deben considerarse preliminares, existen genes implicados en la migraña cuya expresión linfocitaria es detectable por PCR digital en pacientes migrañosos. El gen MTDH podría expresarse de forma diferente en pacientes con ME y MC.

La PCR digital puede ayudar a diferenciar la etiopatogenia de patologías muy similares clínicamente entre sí.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 094

SINDROME DE KLINEFELTER (ESTUDIO GENETICO PRENATAL)

Autor/a/s: HONRUBIA HERRERA ROSALIA, MUÑOS JARA RAQUEL, PE-REZ JURADO MARIA CARMEN, GOMEZ LOPEZ AMPARO, GALAN LOPEZ MARTA

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rhh.1976@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El síndrome de Klinefelter es debido a una anomalía numérica de los cromosomas sexuales, su incidencia es de 1 de cada 1000 varones nacidos. Es una forma de hipogonadismo masculino debido a esclerosis testicular con atrofia y azoospermia, ginecomastia y tasa elevada de gonadotropinas.

Este defecto genético es debido a la presencia de un cromosoma X extra, la mayoría de ellos tienen un cariotipo 47, XXY.

Es debido a errores en la meiosis I o II materna.

Normalmente aparecen como fenómenos aislados sin aparentes factores de predisposición a excepción de la edad avanzada de la madre.

MATERIAL Y MÉTODOS:

A continuación vamos a exponer un caso clínico de una paciente de 40 años embarazada.

FUR: 03/12/2016, screening primer trimestre: edad gestacional 10s + 1d.

BHCG libre: 30.7 ng/ml, PPAP-A: 140.7 mU/L.

Con estos resultados presenta un riesgo elevado de trisomía 21, y riesgo bajo de trisomía 18.

Por lo que se deriva al servicio de ginecología y obstetricia de nuestro hospital, para la realización de una ecografía. Datos ecográficos primer trimestre edad gestacional 14s + 4d. Resultados normales en la ecografía.

Se indica procedimiento invasivo al presentar un riesgo combinado elevado. Se realiza amniocentesis y amplificación de QF-PCR.

RESULTADOS:

En el estudio de este líquido amniótico se amplificaron 7 marcadores microsatélites específicos del cromosoma X, 3 marcadores específicos del cromosoma Y, y 2 marcadores comunes a ambos cromosomas sexuales. Tras el análisis conjunto de estos 12 marcadores se confirma la presencia de 2 cromosomas X y 1 cromosoma Y, por lo que se confirma el diagnóstico de SK.

Se realiza cariotipo y se confirma la presencia de este síndrome.

CONCLUSIÓN:

Mediante la QF-PCR se amplifican secuencias microsatélites altamente polimórficas pertenecientes a los cromosomas 13, 18, 21, X e Y.

La característica principal de esta PCR es que es capaz de cuantificar la dosis genética de estos marcadores, lo que posibilita la detección de aneuploidias en los cromosomas analizados, con un coste menor que la realización del cariotipo y en menos de 48 horas desde la recepción de la muestra, lo que es de vital importancia por el escaso tiempo del que se dispone desde la semana en que se realiza la punción y el límite legal para la interrupción de embarazo (semana 22).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 110

ESTUDIO DE MUTACIONES EN LA HEMOCROMATOSIS HEREDITARIA

Autor/a/s: YOLANDA DURO OLIVAS, ANA ISABEL ALGAR MORENO, MARIA JOSE RUIZ PÉREZ, ELENA TORRES CARRASCO, CONCEPCIÓN VEGA VARGAS

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: ÚBEDA

Correo electrónico del primer firmante: durolivas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Existen cinco variantes de Hemocromatosis Hereditaria, la de tipo I es

una enfermedad metabólica producida por una acumulación excesiva de hierro en la sangre, el parénquima hepático, el miocardio y otras localizaciones. Clínicamente suele presentar fatiga crónica, afectación grave del hígado, páncreas, articulaciones, hueso, glándulas endocrinas, etc, que lleva a diferentes complicaciones como: fibrosis hepática, diabetes mellitus, osteoporosis, etc.

Es una mutación en el gen HFE, que está localizado en el brazo corto del cromosoma 6. Es la enfermedad hereditaria más frecuente en Europa.

Los pacientes afectados por este tipo de hemocromatosis, presentan la mutación C282Y del gen HFE en forma homocigota y mutaciones C282Y/H63D o C282Y/S65C del mismo gen en forma heterocigota.

OBJETIVOS:

Estudio realizado en nuestra área sanitaria de la frecuencia de las mutaciones C282Y, H63D y S65C en aquellos pacientes a los que se les solicita el estudio genético de hemocromatosis durante los años 2013-2015.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras son enviadas al Hospital Ciudad de Jaén, donde se realiza el análisis para la detección de la mutación C28Y, H63D y S65C en el gen HFE. Esta prueba se realiza en la sección de Biología Molecular donde se extrae de forma manual el DNA con el Kit High Pure PCR Template Preparation de la casa comercial Roche y amplificación del DNA y detección con sondas Fret mediante la reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real con autoanalizador Light Cycler también de la casa Roche. Con este test podemos detectar la presencia o no de la mutación y nos distingue si son genotipos homocigoto o heterocigoto.

RESULTADOS:

De los 182 pacientes estudiados entre los años 2013-2015, observamos que la alteración más frecuente fue el estado heterocigoto de la mutación H63D con un 35%, seguida del heterocigoto de la mutación C282Y con un 5.8%. El genotipo C282Y/C282Y se encontró en un paciente (0.54%) y la mutación C282Y/H63D se observó en 10 pacientes (5.49%).

Genotipo C282Y/C282Y se encontró en un paciente (0.549%).

Mutación C282/H63D se encontró en diez pacientes (5.49%).

Genotipo C282Y/S65C se detectó en un paciente (0.549%).

El 24.72% (45 pacientes), no presenta ninguna de las mutaciones anteriores.

El porcentaje restante presenta las siguientes mutaciones:

El más frecuente fue el estado heterocigoto de la mutación H63D con un 21.42% (45 pacientes), seguida del heterocigoto para mutación C282Y y del homocigoto H63D.

CONCLUSIONES:

La conclusión que obtenemos de este estudio, es que los genotipos que predisponen a hemocromatosis tipo 1 es muy alta.

La mutación H63D presenta una prevalencia mayor que la mutación C282Y en nuestra área al igual que podemos observar en otros estudios publicados en áreas mediterráneas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 117

ANÁLISIS DEL GEN CYP2C19 MEDIANTE MICROARRAYS DE GENOTIPADO BASADO TECNOLOGÍA BIOFILMCHIP®

Autor/a/s: Carrero Baz, Pilar ; Crego Martín, Amador ; García Berrocal, Belén ; Marqués García, Fernando ; Isidoro García, María

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: pcarrerob@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El gen CYP2C19 pertenece a la familia de genes del citocromo P450

localizado en cromosoma 10, el análisis del gen CYP2C19 proporciona una predicción genotípica de la actividad enzimática asociada e interviene el metabolismo de gran cantidad de fármacos. Este gen presenta múltiples polimorfismos y determinadas variantes alélicas que están asociadas a una alteración de la actividad enzimática: metabolizador eficiente, metabolizador ultrarrápido, metabolizador intermedio, metabolizador deficiente, estos últimos con alto riesgo de sufrir efectos adversos a fármacos metabolizados por CYP2C19. Existe un nuevo ensayo, INFINITI CYP450 2C19+ mediante BioFilmChip® Microarrays que detecta 10 variantes alélicas. Los alelos *2, *3, *4, *5, *6, *7 y *8 no tienen respuesta funcional, mientras que los alelos *9 y *10 tienen una actividad enzimática disminuida. El alelo *17 en cambio muestra una respuesta enzimática aumentada que puede ser modificada en función de los alelos con los que se combine. Una gran proporción de fármacos son metabolizados por enzimas codificados por este gen por lo que su genotipado puede contribuir a la selección del tratamiento y a la determinación individualizada de la dosis farmacológica.

OBJETIVO:

Desde nuestra Sección de Genética Molecular y Farmacogenética nos planteamos la puesta a punto de esta nueva Tecnología de BioFilm-Chip® Microarrays para analizar el gen CYP2C19 dada la elevada incidencia de pacientes polimedicados y determinar su fenotipo metabolizador.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizaron 255 determinaciones alélicas correspondientes a 15 pacientes. Las muestras se analizaron por triplicado. Primero se analizaron mediante microarrays de alto rendimiento Amplichip CYP450 que analiza los alelos *1*2 y *3, por PCR a tiempo real en el Light-Cycler 480 (Roche Diagnostics) para los alelos *1, *2, *3* y *17 y posteriormente se ampliaron los alelos incluyendo *4, *5, *6, *7, *8, *9, *10 mediante microchip de alto rendimiento. Para ello, tras la extracción del DNA con el sistema MagnaPure Compact® (Roche Diagnostics), se realiza una amplificación mediante PCR. Posteriormente, las PCR se trasladan al analizador INFINITI® PLUS Analyzer donde se realiza la hibridación en los BioFilmChip® microarrays que contienen una capa de oligonucleótidos de captura, de origen no humano para evitar hibridaciones inespecíficas y posteriormente se realiza la lectura de la fluorescencia emitida. Los resultados se analizan mediante un programa informático para determinar la información genética específica de la muestra y posteriormente se procede a la interpretación clínica.

RESULTADOS:

El 20% de los pacientes analizados presentaron un fenotipo eficiente para CYP2C19. El 80% restante correspondía en un 40% al fenotipo metabolizador ultrarrápido y un 40% metabolizadores deficientes. En cuanto a la validación del método obtuvimos una concordancia en todos los casos mediante los tres métodos empleados si bien el alelo *5 solo se analiza con analizador INFINITI® PLUS Analyzer y el alelo *17 no estaba incluido en el panel de Amplichip.

genotipo	*1,*1	*1,*17	*2,*2	*1,*2	*17,*17	*2,*5
muestras	3	4	3	1	2	2

CONCLUSIONES:

La determinación del genotipo de CYP2C19 mediante la plataforma INFINITI® PLUS Analyzer constituye un método adecuado de análisis que proporciona información sobre las variantes de mayor relevancia en nuestra población y contribuye a realizar una buena selección del fármaco y de la dosis individualizada que permita disminuir la presencia efectos adversos, en especial en pacientes polimedicados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 118

ANÁLISIS GENÓMICO DE PACIENTES CON ENFERMEDAD ALÉRGICA MEDIANTE MICROARRAYS DE ALTO RENDIMIENTO

Autor/a/s: Carrero Baz, Pilar ; Crego Martín, Amador ; García Berrocal, Belén ; Catalina Sanz Lozano ; Isidoro García, María

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: pcarrerob@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La alergia es una enfermedad heterogénea en la que participan factores genéticos y ambientales. Desde el punto de vista genético es una enfermedad de herencia compleja en la que diversos genes contribuyen al desarrollo del genotipo. Para el estudio de los factores genéticos que influyen en la enfermedad se han aplicado distintas metodologías. Las técnicas de alto rendimiento como los microarrays de genotipado utilizados para nuestro estudio permiten analizar múltiples genes simultáneamente. Los estudios de asociación de genoma completo (GWAs, Genome Wide Association Studies) mediante microarrays son una técnica muy revolucionaria que permite investigar numerosas regiones del genoma humano y detectar un número considerable de marcadores genéticos tipo SNPs (polimorfismos en un solo nucleótido) y CNV (variaciones en el número de copia).

OBJETIVOS:

Identificar variantes génicas localizadas en los cromosomas de pacientes con alergia a ácaros.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En este estudio se han incluido 240 individuos, 132 pacientes diagnosticados de alergia a ácaros y 108 controles.

Se realizó la extracción del ADN a partir de 1 ml de sangre total (con anticoagulante EDTA) con el sistema MagnaPure Compact® (Roche Diagnostics). Tras la extracción se utilizó la tecnología SNP 6.0 GeneChip® de Affymetrix que comprende arrays de genoma completo que permiten analizar más de 906.600 SNPs y más de 946.000 variaciones en el número de copia.

El protocolo para el procesamiento de las muestras con esta tecnología (Affymetrix Genome Wide Assay protocol) comienza con un paso de digestión del ADN genómico con las enzimas de restricción NspI o StylI, para generar fragmentos de 200 a 1.100 pares de bases. A continuación, estos fragmentos son ligados a adaptadores diseñados específicamente para actuar como lugares de unión de primers de PCR para permitir el enriquecimiento de esos fragmentos mediante PCR. Los productos de PCR se purifican con bolas para-magnéticas y se fragmentan con una DNAsa hasta tamaños inferiores a 200 pb.

El ADN fragmentado se marca con biotina y se hibrida con el array en el GeneChip Hybridization Oven 640. Finalmente, las muestras se lavan, se amplifica su señal (tinción estreptavidina-biotina) en la plataforma FluidicsStation 450 y se escanean en GeneChip® Scanner 3000 7G. Los genotipos se calculan empleando algoritmos y softwares específicos.

RESULTADOS:

El análisis de más de 1.8 millones de variaciones del genoma mediante el empleo de la metodología Genome Wide Search (GWAs) ha permitido la identificación de variantes candidatas. Hemos detectado algunos marcadores en los pacientes alérgicos localizadas en el cromosoma 6, 8, 11, 18, con una diferencia significativa entre con los controles en concreto para el cromosoma 6 de $p < 4E-07$ superando la corrección de Bonferroni.

CONCLUSIONES:

La aplicación del estudio de asociación de genoma completo (GWAs) al análisis de la enfermedad alérgica ha permitido identificar variantes génicas localizadas en los cromosomas 6,8,11 y 18 presentes en los pacientes con alergia a ácaros. Posteriores estudios permitirán identificar las implicaciones de las variantes identificadas en dicha enfermedad.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 130

CARACTERIZACIÓN DE PERFILES DE EXPRESIÓN DE MICRORNAS EN PACIENTES DE CÁNCER DE COLÓN ESPORÁDICO

Autor/a/s: David Olivares Osuna, Adrià Closa Mosquera*, Xavier Solé Acha*, David Cordero Romera, Francisco-David Morón Duran, Marta Crous-Bou, Víctor Moreno Aguado.*

RESUMEN:

*Estos autores han contribuido de forma equánime en este trabajo.

INTRODUCCIÓN:

Los microRNAs constituyen un amplio grupo de RNAs pequeños no codificantes que juegan un papel fundamental en la regulación génica post-transcripcional. En los últimos años se han proporcionado sólidas evidencias que relacionan la desregulación de la función de los microRNAs como paso fundamental de la oncogénesis de muchos tumores. Su relevancia biológica ha llevado a muchos grupos de investigación a explorar su uso como biomarcadores de diagnóstico, metástasis, pronóstico y respuesta a tratamiento.

El Cáncer Colorectal (CCR) es el tercer cáncer más frecuente y el segundo con mayor número de muertes en el mundo. El CCR es una enfermedad compleja, heterogénea y que implica factores genéticos y ambientales. Los modelos clásicos de progresión adenoma-carcinoma postulan que la tumorigénesis en CCR constituye un proceso progresivo de acumulaciones de alteraciones genéticas en oncogenes y supresores tumorales. La detección precoz y el seguimiento de la evolución de la enfermedad son dos de los retos fundamentales en investigación preclínica y translacional en cáncer colorectal.

En este estudio presentamos una estrategia genómica, computacional y molecular a gran escala para identificar patrones de expresión de microRNAs relacionados con el estado clinicopatológico de los pacientes de nuestro proyecto COLONOMICs, así como una estrategia de identificación y validación de potenciales marcadores de diagnóstico y pronóstico en pacientes de CCR.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En este estudio hemos utilizado 4 series independientes de muestras: una primera serie de discovery compuesta por 100 pacientes de CCR de los cuales se obtuvo muestra tumoral y de tejido normal adyacente a la lesión, la serie de validación técnico-biológica de 53 muestras tumorales y 43 muestras de mucosas sanas obtenidas mediante colonoscopia exploratoria a controles poblacionales, una serie de 118 sueros de pacientes de CCR y 113 sueros de controles poblacionales sanos y, finalmente, una serie de 100 pacientes de CCR con un máximo de 5 años de seguimiento desde el diagnóstico de la enfermedad. El análisis por secuenciación masiva de RNAs reguladores (Small RNA-Seq) y su validación con paneles personalizados de qPCR, nos ha permitido:

1. Una caracterización comparativa completa de los niveles de expresión en tejido de los microRNAs en pacientes de cáncer colorectal y controles poblacionales.
2. La identificación de microRNAs asociados con las características clinicopatológicas de los pacientes.
3. La validación de los niveles de expresión en tejido mediante paneles de sondas LNA-Poly(T) personalizadas de RT-qPCR.
4. La búsqueda de potenciales marcadores en tejido, suero/plasma y test de sangre oculta en heces (TSOH) para la detección precoz, diagnóstico y pronóstico de los pacientes de cáncer colorectal.

RESULTADOS:

- 1) Existe un perfil de expresión de microRNAs característico en el tejido tumoral de los pacientes de CCR.
- 2) Nuestros análisis funcionales computacionales sugieren que existen subgrupos de microRNAs relacionados con la regulación de los mecanismos moleculares fundamentales de las células de CCR.
- 3) Existe un subgrupo de microRNAs cuya expresión está estrechamente relacionada con el estado clinicopatológico de los pacientes.
- 4) Es posible la detección de microRNAs diferencialmente expresados en los restos celulares de los TSOH utilizados en los programas de cribado poblacional de CCR. La evaluación de estos microRNAs constituyen un potencial marcador de cribado que reduzca el número de falsos positivos de los TSOH.

5) La detección de diferencias de expresión de microRNAs en suero de paciente supone un reto debido a la liberación de estos mismos microRNAs desde tejidos sanos y células sanguíneas. La construcción de paneles de screening con subgrupos de marcadores puede atenuar estos efectos fisiológicos y proporcionar información relevante sobre el estado clinicopatológico de los pacientes de CRC.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 131

CONTEXTOS DE ADICCIÓN ONCOGÉNICA Y MECANISMOS MOLECULARES DE RESISTENCIA A IMATINIB EN EL TUMOR DEL ESTROMA GASTROINTESTINAL: UN NUEVO PARADIGMA BIOLÓGICO Y TERAPÉUTICO

Autor/a/s: David Olivares Osuna, Alfonso García Valverde, Claudia Valverde Morales, Stefania Landolfi, Joan Carles Galceràn, Joaquín Arribas López, César Serrano García.

Centro de trabajo: Vall d'Hebron Instituto de Oncología VHIO - Hospital Universitario Vall d'Hebron

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: dolivares@vhio.net

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Tumor del Estroma Gastrointestinal (GIST) es el tumor mesenquimal maligno más frecuente y constituye un paradigma de adicción oncogénica y de desarrollo de terapias dirigidas. El evento oncogénico iniciador y esencial es la presencia de mutaciones activadoras en el receptor tirosina quinasa KIT (85% de los casos), promoviendo la señalización fundamentalmente a través de sus dos vías críticas: RAS/MAPK y PI3K/mTOR. Por lo tanto, la inhibición de KIT con imatinib (fármaco de 1ª línea) obtiene un beneficio sustancial en la mayoría de los GIST. No obstante, el 85% de pacientes desarrollan resistencia a imatinib como consecuencia de la selección positiva de poblaciones celulares con mutaciones secundarias en KIT. Recientemente, hemos hallado la presencia de mutaciones secundarias concomitantes en distintos nodos de RAS/MAPK y PI3K/mTOR en un grupo de pacientes resistentes a imatinib, lo cual confirma la relevancia de ambas vías en GIST. Además, el papel fundamental que ejerce el factor de transcripción ETV1 en la oncogénesis de los GIST y como factor de supervivencia a través de la activación KIT-MAPK también confirma la especial relevancia de esta vía en GIST.

Estas evidencias previas nos llevan a hipotetizar:

- 1) Las mutaciones secundarias en las vías de RAS/MAPK y PI3K/AKT/mTOR modifican las relaciones de dependencia y la relevancia funcional de determinados nodos de señalización en el mantenimiento de la oncogénesis.
- 2) La alta dependencia que los GIST presentan hacia las vías de RAS/MAPK y PI3K/mTOR se debe a su poder activador de la función de un conjunto de factores de transcripción.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para la caracterización de los 4 contextos biológicos de adicción oncogénica descritos en GIST, hemos utilizado un total de 8 modelos celulares: 2 líneas celulares con mutaciones primarias en el gen de KIT y sensibles a imatinib (GIST-T1 y GIST882), 2 líneas celulares con mutaciones primarias y secundarias en el gen de KIT y resistentes a imatinib (GIST-T1/670, GIST430/654), 1 línea celular con una mutación primaria en el gen de KIT y una pérdida homocigota del gen PTEN (GIST882/PTEN), 1 línea celular con mutación primaria en el gen de KIT y una sobreexpresión inducida con vector lentiviral de la forma mutada V600E del gen BRAF (GIST882-BRAF/V600E), 1 línea celular desarrollada a partir de una biopsia tumoral de un caso clínico del Hospital Vall d'Hebrón que presenta una mutación primaria en KIT y dos mutaciones secundarias en NF-1 y PTEN (GIST-VH715).

Para la evaluación de las relaciones de adicción oncogénica en los distintos contextos anteriormente mencionados y mediante inhibición farmacológica, hemos caracterizado la repercusión de la supresión de nodos fundamentales de las vías de RAS/MAPK y PI3K/mTOR so-

bre la señalización celular (western blot), viabilidad (CTG), apoptosis (BrdU), proliferación (recuento celular).

Recientemente, hemos construido un complejo DataSet de información transcripcional gracias a la secuenciación por RNA-Seq de un total de 114 muestras de RNA obtenidas a partir de 4 líneas celulares tratadas a distintas condiciones farmacológicas, en el que hemos evaluado la repercusión de estos eventos en el programa oncogénico y transcripcional de los GIST, y cómo estos cambios alteran las relaciones de adicción y dependencia que estas células presentan para la preservación de las características moleculares fundamentales así como de su fenotipo maligno.

RESULTADOS:

- El conjunto de nuestros hallazgos enfatiza la relevancia de las vías de señalización RAS/MAPK y PI3K/mTOR en GIST, incluso en contextos de resistencia a imatinib producida por lesiones oncogénicas secundarias. Sin embargo, hemos observado que la inhibición exclusiva de una de ellas no tiene repercusiones sobre la proliferación celular a largo plazo debido a la persistencia del efecto señalizador de KIT sobre la vía no inhibida. En un contexto de sobre-activación de la vía de PI3K/mTOR por eventos oncogénicos secundarios, la inhibición de la vía de RAS/MAPK y la consecuente supresión de ETV1 no tiene efectos sobre la viabilidad celular. A pesar de esto, los eventos secundarios en la vía PI3K/mTOR no tienen capacidad de suplantar la función de KIT, lo que hace que este contexto celular siga siendo dependiente del receptor. Este hallazgo nos lleva a hipotetizar que: existe un conjunto de factores de transcripción, funcional y jerárquicamente asociados a ETV1 exclusivamente activados por la vía de PI3K/mTOR.
- Mediante la transfección inducible de la sustitución V600E del gen BRAF, hemos demostrado que los eventos secundarios en la vía de RAS/MAPK sí producen resistencia a imatinib por su capacidad estabilizadora de ETV1 de forma independiente de KIT.
- Finalmente, la caracterización de nuestro modelo celular primario GIST-VH715 que presenta eventos secundarios concomitantes en las vías de RAS/MAPK y PI3K/mTOR, nos lleva a hipotetizar que existe un balance en la activación del programa regulador transcripcional de los GIST entre las vías de RAS/MAPK y PI3K/mTOR.

A partir de los hallazgos obtenidos en estas dos primeras fases experimentales podremos identificar el programa regulador transcripcional completo de los GIST y los readouts finales de la señalización oncogénica de estos tumores para su posterior validación en muestras de pacientes y en modelos animales, esto nos permitirá identificar nuevos mecanismos moleculares fundamentales que puedan ser utilizados como diana de futuras estrategias terapéuticas no susceptibles a generar resistencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 152

COREA DE HUNTINGTON EN EL LABORATORIO

Autor/a/s: JEZABEL GONZÁLEZ BONILLA. ENCARNACIÓN ÁLVAREZ MORENO. ISABEL POSTIGO GARCÍA.

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LAS NIEVES

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: jgbmorgana@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Causada por un defecto genético en el cromosoma 4 y es hereditaria. Los cambios de comportamiento suelen ser de los primeros síntomas en aparecer, también hay trastornos motores como muecas faciales, movimientos espasmódicos. Los principales déficit congénitos se relacionan con la memoria, el razonamiento, planificación y flexibilidad.

El objetivo: Mediante un análisis de sangre que se envía al laboratorio de genética para evaluar la aparición del gen defectuoso y contabilizar las repeticiones sobre la enfermedad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La muestra que utilizamos para realizar ésta prueba, es sangre total (EDTA-K3), microcentrifuga, pipetas automáticas, termociclador y analizador genético.

Se extrae el ADN genómico con PUREGENE DNA ISOLATION KIT. Se hace un tratamiento con Rnase, se obtiene un lisado celular. Se precipitan las proteínas se recogen el sobrenadante que contiene el DNA. Preparamos la PCR mezclando con buffer, primers-FW, primers-RE. Se usa como control del amplificado un DNA humano patológico con una expansión superior a 40 tripletes de CAG (Citosina, Adenina, Guanina). La amplificación comienza con un paso inicial de activación, seguido de desnaturalización y elongación. Preparamos la muestra para la electroforesis capilar en el automatizador genético Abis Prim 310.

RESULTADOS:

Se considera positivo, siendo portador del alelo HD, el rango de 36 a 121 tripletes CAG (Citosina, Adenina, Guanina). Puede transmitir la lesión medular y por tanto la enfermedad al 50% de sus descendientes.

Se considera negativo, no siendo portador del alelo HD, el rango 10 a 26 tripletes.

CONCLUSIONES:

Se necesitan estudios genéticos para poder tener un diagnóstico y tratamiento más efectivo. A pesar de que la enfermedad no tiene cura, se pueden mejorar y controlar los síntomas para tener una mejor calidad de vida.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 168

EL SISTEMA DE EDICIÓN GENÓMICA CRISPR-CAS9 PERMITE ELIMINAR EFICAZMENTE LA PROTEÍNA DE FUSIÓN BCR/ABL EN LÍNEAS CELULARES DE LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA

Autor/a/s: Irene Rodríguez Iglesias, Ignacio García Tuñón, Miguel Quijada Alamo, María Hernández Sánchez, Verónica Alonso Pérez, Jose Luis Ordoñez García, Sara González Briones, Almudena Martín Martín, Rocío Benito Sánchez, Jesús M^a Hernández Rivas

Centro de trabajo: Centro de Investigación del Cáncer

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: irene_r_i@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Leucemia Mieloide Crónica (LMC) es una neoplasia hematológica caracterizada por la translocación de los cromosomas 9 y 22 en la que se encuentran implicados los genes BCR y ABL, dando lugar a una proteína patológica producto de la fusión de los dos genes.

Recientemente, la tecnología CRISPR-Cas9 ha surgido como una herramienta eficaz para la edición del genoma, permitiendo realizar modificación genética dirigida de una forma rápida y sencilla.

Objetivos: El objetivo de este trabajo consiste en el empleo de la tecnología CRISPR-Cas9 con el fin de eliminar la proteína de fusión BCR/ABL en una línea celular de LMC.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Partimos de un plásmido con la siguiente construcción: proteína Cas9 + RNA guía (gRNA) + GFP, que se introduce en células Boff-p210 (que expresan la fusión BCR/ABL) por infección lentiviral. A las 72 horas se seleccionan las células GFP positivas mediante sorting (FACS aria) y separamos cada célula en un pocillo de una placa multipocillo de 96. Tras un mes de crecimiento de los clones separados por single-cell, expandimos los clones que hayan crecido a una placa de 24 pocillos y posteriormente, se realiza la extracción de ADN de cada uno de los clones con el kit de Qiagen, Qiamp DNA minikit. Se cuantifica la cantidad de ADN extraída utilizando una técnica fluorimétrica (Qubit). Partiendo de 20 ng de ADN por cada uno de los clones, realizamos una PCR para amplificar la región genómica donde se produce la fusión BCR/ABL. Los productos de PCR se testan en un gel de agarosa

al 1,5% y se purifican con un sistema de columnas. Finalmente, se analiza la presencia de cortes de la fusión génica mediante secuenciación Sanger de los productos de PCR purificados. A partir de estos resultados, seleccionamos 3 clones que tengan interrumpida su secuencia BCR/ABL y confirmamos la ausencia de la proteína BCR/ABL patológica mediante Western Blot.

RESULTADOS:

El experimento de sorting por single-cell dio como resultado 15/96 pocillos donde se produjo crecimiento de los clones. Los resultados de secuenciación Sanger de estos clones, revelaron que 8/15 presentaban una alteración de la fusión BCR/ABL que provocaba el truncamiento de la proteína patológica. Finalmente, por estudios de Western Blot se confirmó la ausencia de la proteína de fusión en 3 de los 8 clones analizados.

CONCLUSIONES:

El sistema CRISPR-Cas9 destruye eficazmente la proteína patológica de fusión BCR/ABL en las líneas celulares de LMC, pudiendo ser aplicable a células primarias de pacientes en un futuro.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 184

DISEÑO DE PROTOCOLO PARA DETERMINACIÓN DE LAS MUTACIONES MÁS FRECUENTES EN BRCA1 Y BRCA2 EN POBLACIÓN SELECCIONADA DE CÁNCER DE MAMA Y OVARIO HEREDITARIO EN ASTURIAS. EVALUACIÓN DE COSTE/EFECTIVIDAD.

Autor/a/s: Marta González Alvarado, Ana Sánchez Pitiot, Ángeles Cubie-Illa, Iñigo Santamaría, Ana Ynés Martínez, Carmen Álvarez López, Ángeles Paredes, Pilar Blay, Milagros Balbín

Centro de trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias

Localidad: Oviedo 33011

Correo electrónico del primer firmante: gonzalezamaria@uniovi.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La prevalencia de las mutaciones en los genes BRCA1 y BRCA2 en las pacientes con sospecha de síndrome de cáncer de mama y ovario hereditario es heterogénea y parece variar según el origen geográfico de las familias en estudio. Recientemente nuestro laboratorio ha publicado los datos referentes a la población de Asturias sobre el análisis de 256 familias, observándose varias mutaciones no descritas previamente y con posible efecto fundador, ya que se han hallado en familias independientes cuyos orígenes estaban en áreas geográficas determinadas de Asturias (Blay et al. BMC Cancer 2013). El conocimiento de las mutaciones más frecuentes en una región determinada puede ser útil para poder diseñar un cribado mutacional eficiente y ayudar en el proceso de consejo genético, reduciendo costes y tiempo de respuesta.

Objetivos. Diseño de metodología para detectar las mutaciones de BRCA1 y 2 más frecuentes en la población de Asturias y análisis de la efectividad de la utilización de este cribado previo al estudio genético completo en las muestras para estudio recibidas a partir del año 2013.

METODOLOGÍA:

Se diseñaron parejas de oligonucleótidos (uno de ellos marcado con fluorescencia) para la detección las mutaciones más frecuentes encontradas en Asturias: dos mutaciones en el gen BRCA1 y una mutación en el gen BRCA2, utilizando reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y posterior análisis con electroforesis capilar. Se analizó el número de casos positivos detectados mediante este método de cribado previo.

RESULTADOS:

Desde el año 2013 se analizaron 400 probandos que cumplían criterios de sospecha de síndrome de cáncer de mama y ovario familiar. Se encontró una mutación patológica en BRCA1 o BRCA2 en 80 casos índice (20%). En 25 de estos 80 casos se detectaron las muta-

ciones BRCA1: c.2901_2902dup (10 familias) y c.3331_334delCAAG (11 familias), BRCA2:c.4030_4035delinsC (4 familias), mediante el método de cribado previo diseñado, lo que corresponde al 31% de los casos mutados que se han observado en la población analizada. Adicionalmente, en 6 casos, en familias de origen gallego, se encontró la mutación en BRCA1: c.211A>G originaria de esta región, conformando un 8% más de los casos mutados. El resto de los casos índice fueron posteriormente analizados mediante secuenciación completa de los genes BRCA1 y BRCA2, detectándose otras mutaciones patogénicas en alguno de estos dos genes en 49 familias más. Se ha podido establecer que el coste monetario del cribado reduce en un 90% el gasto en aquellos casos en los que se detecta la mutación, reduciendo además el plazo de entrega de los resultados de varias semanas a apenas unos pocos días.

CONCLUSIONES:

El conocimiento del origen geográfico de las familias con cáncer de mama y ovario hereditario susceptibles a estudio de mutaciones en BRCA1 y 2 permite que hasta un 39% de las familias de Asturias que portan mutaciones en alguno de estos genes puedan ser detectadas mediante un cribado sencillo, previo al análisis mediante secuenciación. Este diseño de cribado aquí descrito se ha mostrado eficiente en cuanto a coste y tiempo de respuesta, siendo un ejemplo de investigación traslacional aplicada en un laboratorio de oncología molecular.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número 248

LABORATORIO DE GENÓMICA

Autor/a/s: JEZABEL GONZÁLEZ BONILLA. ENCARNACIÓN ÁLVAREZ MORENO. ISABEL POSTIGO GARCÍA.

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LAS NIEVES

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: jgbmorgana@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVO:

Con la incorporación de la Genómica y el conocimiento del genoma humano se pueden prevenir enfermedades familiares con una base genética, con el estudio de la genética se pueden hacer diagnóstico y terapias personalizadas.

OBJETIVOS:

El diagnóstico genético permite conocer la base genética de una enfermedad hereditaria y la información que puede obtenerse es necesario para la toma de decisiones en varios aspectos. Tratamiento. Evolución y pronóstico. Forma de herencia. Evitar la transmisión de patología. Estudio familiar.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Utilizaremos la extracción de DNA genómico con el método clásico para el diagnóstico molecular.

- Resuspender el sedimento celular en TNE y agrega SDS y proteinasa K. Incubar, centrifugar y recuperar sobrenadante.
- Agregar fenol-cloroformo, mezclar, centrifugar y recuperar sobrenadante.
- Agregar cloroformo/alcohol isoamílico, mezclar, centrifugar y recuperar sobrenadante.
- Agregar acetato de Na y etanol absoluto frio. Agitar, centrifugar y desechar sobrenadante.
- Agregar etanol, centrifugar y desechar sobrenadante. Secar el DNA, agregar agua tridestilada dejar a temperatura ambiente.
- Conservar a 4 grados.

RESULTADOS:

Cuando el resultado del análisis genético da evidencia de mutaciones de por sí, patogénicas se puede establecer un diagnóstico molecular fundamentado en la aparición de dicha mutación. Tanto en la enfermedad genética como las cromosómicas se evidenciará en los

primeros estadios de la vida del paciente, que es cuando se realiza la confirmación molecular del diagnóstico.

A veces, ciertas enfermedades pueden pasar inadvertidas durante la vida del individuo y cuyo peligro de transmisión a la descendencia hacen que tengamos que estar atentos a los antecedentes familiares.

CONCLUSIÓN:

La necesidad del diagnóstico molecular y la necesidad de que se convierta en parte de las pruebas rutinarias de laboratorio está clara, es una de las disciplinas del laboratorio clínico que más rápidamente evolucionan. La detección precoz de enfermedades y vigilar su evolución hacen de la genética la clave para reducir los costes de salud.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 310

FUNCIONALIDAD DE LAS MUTACIONES DE NOTCH Y EFECTO DE INHIBIDORES DE NOTCH1 EN LA LEUCEMIA LIMFÁTICA CRÓNICA (LLC) Y EN EL LIMFOMA DE CÉLULAS DEL MANTO (LCM)

Autor/a/s: Ariadna Giró (1), Elisabeth Horing (1), Maria L. Toribio(3), Mònica Lopez-Guerra(1,2), Dolors Colomer (1,2)

Centro de trabajo: (1) Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (IDIBAPS) Barcelona, (2) Unitat d' Hematopatologia, Hospital Clínic, Barcelona, (3) Centro de Biología Molecular Severo Ochoa CSIC-UAM, Madrid

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: giro@clinic.cat

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La leucemia linfática crónica (LLC) y el linfoma de células del manto (LCM) son dos tipos de neoplasias linfoides B que se caracterizan por la proliferación y acumulación progresiva de linfocitos B clonales en sangre, médula ósea y tejidos linfoides. En los últimos años, los estudios de secuenciación masiva han permitido la identificación de nuevas alteraciones genéticas en estas entidades. Entre ellas, una de las más frecuentes es la mutación en NOTCH1, que afecta aproximadamente a un 10-15% de casos de LLC y a un 5% de LCM. Esta mutación es activadora y se traduce en una proteína Notch1 truncada que no se degrada por proteosoma ya que afecta al dominio PEST. Este tipo de alteración es dependiente de la activación por los ligandos de Notch, Jagged y Delta-like. A nivel clínico, los pacientes con mutaciones en NOTCH1 tienen peor pronóstico y alto riesgo de transformación a formas tumorales más agresivas. En este contexto, el estudio del papel que estaría jugando la vía de Notch en la patogénesis de la LLC y del LCM tiene un gran interés, así como el análisis del potencial terapéutico de inhibidores de Notch en estas enfermedades.

OBJETIVOS:

Los objetivos de este estudio fueron: 1) La optimización de un sistema de activación in vitro de la vía de Notch en células primarias de LLC y líneas celulares de LCM con mutaciones en NOTCH1 mediante el cocultivo con células estromales adherentes que han sido modificadas genéticamente para expresar de forma constitutiva el ligando de Notch Delta-like ligand 4 (DLL4). 2) El análisis del efecto de un anticuerpo anti-Notch1 en esta señalización.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las células primarias de LLC y las líneas celulares de LCM se cocultivaron con las células estromales OP9 que expresan de forma constitutiva el ligando de Notch DLL4 (OP9-DLL4). Estas células fueron proporcionadas por la Dra. M. Toribio. Durante el cocultivo, las células se trataron con un anticuerpo anti-Notch1. Tras 24 horas de cocultivo, las células de LLC y de LCM se separaron de las OP9-DLL4 pipeteando con cuidado varias veces el medio de las placas, se obtuvieron extractos proteicos y se analizó la expresión de NOTCH1 por Western blot.

RESULTADOS:

El cocultivo con las células OP9-DLL4 aumenta los niveles proteicos de Notch1 activo en los casos de LLC y de LCM que presentan la

mutación de NOTCH1. Además, el tratamiento con un anticuerpo anti-Notch1 es capaz de bloquear esta activación.

CONCLUSIONES:

El cocultivo con las células estromales OP9 que expresan constitutivamente el ligando de Notch DLL4 es un buen sistema para simular in vitro la activación de la vía de Notch así como para evaluar el potencial terapéutico de inhibidores de Notch en neoplasias linfoides portadoras de mutaciones en NOTCH1.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 335

ESTRATEGIA DE CRIBADO PRIMER TRIMESTRE Y DIAGNÓSTICO PRENATAL EN NUESTRO DEPARTAMENTO DE SALUD.

Autor/a/s: Laura Murciano Perpiñan, Enrique Zucchet, Carolina Guzman Luján, Raquel Rodríguez López, Fátima Gimeno-Ferrer, Inma Sanchez, María Gonzalez Baraces, Goitzane Marcaida Benito, Irene Ferrer Bolufer.

Centro de trabajo: Consorcio Hospital General de Valencia

Localidad: Valencia

Correo electrónico del primer firmante: lamurciano@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Entre el 3-6% de los recién nacidos presentan alguna anomalía congénita, representando un gran porcentaje de ellas las trisomías 13,18 y 21. Existen técnicas de diagnóstico que permiten su determinación (biopsia corial, amniocentesis) pero entrañan un riesgo de pérdida fetal. Por tanto es necesario disponer de una técnica de cribado para seleccionar aquellos casos que se deben someter a técnica invasiva de diagnóstico.

En la Comunidad Valenciana se ha establecido el cribado combinado de primer trimestre como estrategia de screening. Consiste en calcular el riesgo estadístico del feto de poseer una cromosopatía determinando marcadores bioquímicos: proteína plasmática asociada a embarazo (PAPP-A) y la fracción libre de la gonadotropina coriónica humana (B-hCG libre) junto con datos ecográficos (Translucencia nucal).

Si el riesgo es superior a 1:270 se ofrece a la gestante una prueba invasiva, entre los riesgos de 1:271 a 1:500 se acepta la prueba. El cribado prenatal no invasivo en sangre materna (NIPT) se acepta en aquellos casos con riesgo elevado-intermedio en los que una técnica invasiva está contraindicada.

OBJETIVOS:

Valorar la eficacia del cribado combinado de primer trimestre en nuestro departamento de salud.

Valorar las técnicas utilizadas en el diagnóstico de aneuploidías y el porcentaje de anomalías detectadas con cada una de estas técnicas: cariotipo, QFPCR (reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa fluorescente) y array si se observan alteraciones ecográficas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

6167 cribados prenatales realizados desde Julio de 2013 hasta Diciembre de 2016. Las determinaciones de la PAPPa y la bHCG libre se realizaron mediante inmunoensayo en un equipo cobas e411 (Roche Diagnostics) y el cálculo de riesgo mediante el software SsdwLab (SBP Soft 2007 S.L)

277 muestras obtenidas mediante técnicas invasivas, 55 biopsias coriales (casos en los que el riesgo es superior a 1:100) y 222 líquidos amnióticos: 140 con riesgo superior a 1:270 . Las cuales fueron estudiadas mediante cariotipo en todos los casos y QFPCR (Devyser) de los cromosomas 13,18,21, X e Y a partir de noviembre de 2014.

RESULTADOS:

De los 195 casos con un riesgo de aneuploidías elevado, 194 para trisomía 21, 33 además para trisomía 13-18 y uno solo para trisomía 13-18, se realizaron:

	Nº de muestras	Aneuploidias	Alteraciones estructurales
Vellosidad corial	55	15	1
Líquido amniótico	140	23	5

	Trisomía 21	Trisomía 18	Trisomía 13	Trisomía 16	45,X	Triploidía
Vellosidad corial	9	3	1	1	1	
Líquido amniótico	18	1	2	1	1	

La QFPCR de los cromosomas 13,18 y 21 resultó patológica para 17 de las 18 muestras analizadas mediante esta técnica presentando trisomía 16 la no detectada.

Los 6 arrays con alteraciones ecográficas resultaron normales.

Se realizan 3 NIPT en los que no se detectó aneuploidía.

Por otra parte nacieron 2 niños con trisomía 21 que presentaban un riesgo de 1:819 y 1:649, y otros dos niños con riesgo elevado cuyas madres rechazaron pruebas invasivas.

CONCLUSIÓN:

La mayor parte de aneuploidías diagnósticas presentaban un riesgo superior a 1:100. El test combinado de primer trimestre ha demostrado ser una herramienta útil en el cribado de cromosopatías pero su sensibilidad aumenta considerablemente con el NIPT. La introducción de esta prueba en casos justificados durante el 2016 ha evitado la realización de técnicas invasivas en pacientes con riesgo entre 1:100 y 1:1000. Se espera que durante el 2017 sea introducido en la Comunidad Valenciana como parte del cribado contingente, lo cual permitirá a su vez disminuir la tasa de falsos negativos.

Por otra parte, la QFPCR ha demostrado ser un método preciso, robusto y eficiente para el diagnóstico rápido de las aneuploidias 13,18,21,X e Y.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 341

PERFIL BIOQUÍMICO EN EL ESTUDIO GENÉTICO DE HEMOCROMATOSIS. CORRELACIÓN GENO-FENOTÍPICA.

Autor/a/s: Martín Vega, José Valerio; Bolaños del Rosario M^a del Carmen; Díaz Zamora, Rosa; Aguiar Gil, Adelaida; Santana Benítez, Jesús; Martínez-Saavedra Álvarez, M^a Teresa.

Centro de trabajo: Servicios de Análisis Clínicos e Inmunología, Hospital Universitario de Gran Canaria Dr. Negrín.

Localidad: Las Palmas de G.C.

Correo electrónico del primer firmante: (valmaveg@gmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La hemocromatosis hereditaria (HH), es una enfermedad genética, generalmente con una herencia de tipo autosómico recesivo y muy frecuente en el mundo occidental. Se caracteriza por un incremento en la absorción intestinal del hierro, sobrecarga progresiva en los depósitos corporales de este metal y disfunción de diversos órganos (en especial hígado, páncreas, corazón y articulaciones). Se han establecido 5 tipos y está causada por mutaciones, fundamentalmente en el gen de la proteína HFE (HFE/6p21.3).

OBJETIVOS:

Análisis retrospectivo de los estudios genéticos de HH (tipo I del adulto) realizados en nuestro centro durante el último trimestre de 2016, y valoración de los parámetros bioquímicos de los pacientes estudiados, que pudieran ser utilizados en el diagnóstico y control de los casos con diagnóstico presuntivo de HH, seleccionando el parámetro de mayor interés entre los mismos para poder estudiar eventuales diferencias entre los diferentes grupos de pacientes (Ferritina (Fer), Transferrina (Trf), Índice de Saturación de la Transferrina (IST), Apartato aminotransferasa (AST), Alanina aminotransferasa (ALT), Hematocrito (Hto) y Concentración de Hemoglobina Corpuscular Media (CHMC)).

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio de mutaciones del gen que codifica la proteína HFE se realizó mediante detección de los siguientes polimorfismos SNP: C282Y (c.845G > A, que induce cambio proteico p.Cys282Tyr), H63D (c.187C > G, que induce cambio proteico p.His63Asp), y S65C (c.193A > T, que induce cambio proteico p.Ser65Cys), mediante técnica de PCR a tiempo real utilizando sondas FRET. La consulta de los parámetros bioquímicos y hematológicos se hizo en sistema informático de laboratorio (SIL, Cobas Infinity). Los datos y el análisis estadístico se realizaron mediante hoja de cálculo Open Office Calc.

RESULTADOS:

En el periodo de análisis se realizaron 70 estudios genéticos, de los cuales, en 29 pacientes, no se detectó mutación (41%). De los 41 pacientes en que se detectó mutación (59%), en 3 de ellos se detectó más de una mutación. De los pacientes en que se detectó mutación, ésta fue de tipo C282Y en un 27.3%, de tipo H63D en un 63.6% y de tipo S65C en un 9.1%. Teniendo en cuenta como parámetro bioquímico seleccionado como marcador sugestivo de HH, un IST con un valor mayor del 45% en varones y del 40% en mujeres, se encontró que en los pacientes en que no se detectó mutación, un 37.9% presentaban un IST elevado, y un 27,6%, IST normal (10 pacientes sin dato en SIL). En los pacientes en que se detectó una o dos mutaciones en heterocigocis (34), en un 50% se encontró un IST normal y en un 30.55%, un IST elevado (8 pacientes sin dato en SIL). En los pacientes en que se detectó alguna mutación en homocigocis (7), un 42,8% presentó un IST elevado y un 28.6%, normal (2 pacientes sin dato en SIL). El motivo de estudio genético encontrado fue mayoritariamente, por elevación de transaminasas, patrón de hierro patológico (IST y/o ferritina elevados), o estudio genético de familiares portadores de mutación.

CONCLUSIONES:

El estudio genético para detectar mutaciones del gen HFE/6p21.3 es una herramienta utilizada en el algoritmo diagnóstico de sospecha de HH ante hallazgos clínicos y de laboratorio que indiquen su posible existencia en nuestro medio. Además, se realiza también a familiares de pacientes en que ya se ha detectado como portadores de alguna de las mutaciones características de la HH. La presencia de C282Y en homocigocis o en heterocigocis compuesta junto a H63D están asociados a este tipo de HH, siendo el significado de S65C controvertido. La relación entre el genotipo y el fenotipo bioquímico es muy variable, y depende de diferentes factores, como edad y sexo del paciente, tipo de mutación, mutación en heterocigocis u homocigocis, mutación única o múltiple, así como otras causas que puedan influir en el acúmulo de hierro a nivel hepático u otros órganos. De esta forma, diferentes series de casos muestran diferentes porcentajes de afectación del perfil bioquímico férrico en pacientes portadores de una misma mutación. En nuestra serie de pacientes estudiados, hemos encontrado un porcentaje de afectación del perfil bioquímico férrico, teniendo en cuenta únicamente el IST, superior en pacientes portadores de alguna mutación en homocigocis, respecto a pacientes en que no se detectó mutación o en aquellos en que se detectó una o dos mutaciones en heterocigocis, datos comparables a los publicados en otras series. En nuestro estudio, la ausencia del dato de IST en el SIL en 20 de los 70 pacientes estudiados, podría influir a la diferencia encontrada entre los porcentajes referidos para los distintos grupos de pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 357

DESARROLLO DE UN MÉTODO DE GENOTIPADO DE CYP2D6 PARA MEDICINA PERSONALIZADA EN EL ENTORNO HOSPITALARIO

Autor/a/s: MARIA ISABEL GARCIA GARCIA, CAROLINA BLANCO AGUDO, XANDRA GARCÍA GONZÁLEZ, SARA SALVADOR MARTIN, MARIA SANJURJO, LUIS LÓPEZ FERNÁNDEZ

Centro de trabajo: INSTITUTO DE INVESTIGACION SANITARIA GREGORIO MARAÑÓN. HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO GREGORIO MARAÑÓN.

Localidad: MADRID

Correo electrónico primer firmante: misabel.garciaga@salud.madrid.org

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El gen CYP2D6, codifica para una enzima con gran importancia en el metabolismo de aproximadamente un 20% de los fármacos, entre los que se encuentran, antidepresivos, antipsicóticos, analgésicos, anti-tusivos, bloqueantes beta adrenérgicos, antiarrítmicos y antieméticos. Obtener un correcto genotipo de CYP2D6 es importante para poder personalizar el tratamiento, evitar reacciones adversas y mejorar la eficacia.

La amplificación del gen presenta importantes dificultades técnicas por su tamaño y la presencia de pseudogenes con secuencias muy similares, los kits comerciales que existen, son muy fiables, pero tienen un elevado coste y requieren equipamiento complejo.

OBJETIVOS:

Desarrollar una técnica sencilla, económica y reproducible que nos permita definir el genotipo del gen CYP2D6

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó el genotipado de CYP2D6 a partir de muestras de sangre o saliva de una cohorte de 137 pacientes de diversos hospitales de España. El DNA genómico se extrajo mediante High Pure PCR Template Preparation Kit (Roche Diagnostics). La concentración de ADN se cuantificó por espectrofotometría en un Quawell Q5000 (Quawell) y se ajustó a 10ng/μl.

Se diseñaron tres parejas de oligonucleótidos, mediante SNAPGENE v3.2, en regiones específicas de CYP2D6 evitando la amplificación de CYP2D7 y CYP2D8, altamente homólogos a CYP2D6. Se optimizó la PCR para la amplificación de los tres fragmentos de CYP2D6 en un StepOnePlus (Life Technologies) utilizando Complex Master Mix (Bio-tools). El tamaño de los productos de PCR se verificó mediante electroforesis en chip en un Bioanalizador 2100 (Agilent Technologies). Los fragmentos se mezclaron y purificaron por ExoSapIt (Affymetrix) y posteriormente se determinaron 13 polimorfismos mediante SNaPshot (Life Technologies) en un secuenciador ABI 3130xl.

El número de copias de CYP2D6 se determinó por PCR a tiempo real mediante una sonda TaqMan CNV normalizando con RNAsaP en un StepOnePlus y analizando con Copy Caller v2 (Life Technologies).

RESULTADOS:

Los oligonucleótidos diseñados permitieron la amplificación específica de tres regiones de CYP2D6. El procedimiento descrito, fue capaz de identificar 13 polimorfismos genéticos y el número de copias de CYP2D6. Esto permitió la identificación de los alelos: *1, *2, *3, *4, *5, *6, *7, *9, *10, *17, *29, *35, *39, *41

La correcta identificación de muestras con genotipo CYP2D6 conocido previamente demostró la especificidad de las amplificaciones de CYP2D6 y la validez del método.

En este estudio de los 137 pacientes, el 5.1% son metabolizadores ultrarrápidos, el 7.3% son metabolizadores intermedios, el 2.9% son metabolizadores nulos y el 84.7% son metabolizadores eficientes. Se describen también las frecuencias alélicas observadas.

Esta técnica es más económica que los kits comerciales y se puede implementar en laboratorios equipados con equipos de PCR a tiempo real y un secuenciador o servicio de secuenciación accesible.

CONCLUSIONES:

La amplificación múltiple de CYP2D6 utilizando oligonucleótidos de regiones específicas unida a la técnica de SNaPshot es un método sencillo, económico y reproducible de genotipado de este gen.

Centro de trabajo: Consorcio Hospital General de Valencia

Localidad: Valencia

Correo electrónico del primer firmante: carol.guzman76@gmail.com

RESUMEN:

Las miocardiopatías hereditarias (MCH) son mayoritariamente hipertrófias del ventrículo izquierdo, siendo también las miocardiopatías dilatadas, arritmogénicas, y Síndromes de QT largo, otras entidades de gran relevancia. Estos fenotipos se expresan con una gran variabilidad interindividual, incluso entre individuos portadores de la misma alteración genética. El Hospital General de Valencia es uno de los centros CSUR (Centros, Servicios y Unidades de Referencia del sistema nacional de salud) para este grupo de patologías. Proponemos la descripción clínica y genética exhaustiva de la serie de pacientes afectados de MCHs en nuestro CSUR, y el diseño del seguimiento de familiares portadores para identificación del inicio del fenotipo clínico patológico. Las mutaciones genéticas provocan alteraciones estructurales cardíacas como desorden fibrilar y fibrosis, determinando la evolución y el pronóstico de los pacientes. Las técnicas de ecocardiografía bidimensional, Doppler y la cardi resonancia sirven para definir sus características y aportan una información esencial para su manejo clínico. Los parámetros bioquímicos estudiados son troponina I ultrasensible y creatinquinasa, como parámetros clásicos de insuficiencia cardíaca congestiva (ICC). La determinación de pro-BNP es la de mayor precisión para detectar insuficiencia o isquemia cardíaca. La intervención quirúrgica y la colocación de desfibriladores automáticos implantables, son los principales tratamientos a indicar. La combinación de toda la información e intervenciones médicas, constituyen el algoritmo de diagnóstico y manejo clínico de las cardiopatías familiares.

El objetivo es identificar tanto marcadores precoces y predictores de riesgo en individuos portadores, incorporando datos precisos que puedan asesorar la toma de decisiones en este contexto clínico.

Evaluamos la eficiencia del algoritmo establecido, en 38 familias atendidas: 23 de miocardiopatía hipertrófica, 7 afectadas de MC dilatada, 6 con Síndrome de QT largo y 2 con MC arritmogénicas. Procedimos con la construcción del pedigré, selección del caso índice e indicación de la secuenciación completa de los genes mayoritariamente asociados con la patología definida. Si el estudio fue negativo y cumplían criterios de alto grado, se amplió el estudio al conjunto de genes de susceptibilidad específicos. Se identificó la mutación causal en 12, 5, 3 y 2 familias, respectivamente. 14 de estas mutaciones no se habían descrito previamente en la literatura, tampoco en poblaciones de Murcia y Extremadura. 2 de las mutaciones fueron recurrentes en nuestra serie, 1 de ellas también en población Extremeña; la segunda había sido descrita en población de Murcia. 114 individuos fueron apartados del Programa de seguimiento, por resultar no portadores de la mutación familiar respectiva, y 72 resultaron portadores e incluidos en el Programa consensuado.

La correlación genotipo/fenotipo corroboró la clasificación de las diferentes patologías, evidenciando también diferentes subgrupos clínicos de MCH. La variabilidad fenotípica intrafamiliar resultó evidente. La valoración conjunta de los datos clínicos, sumada a la correcta interpretación del conjunto de variantes genéticas detectadas, permitió el Consejo genético y diagnóstico predictivo en los familiares, así como la puesta en marcha de los algoritmos de prevención primaria, individualizados en relación a la alteración genética causal y a las características de los individuos portadores.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 363

MUTACIONES CAUSALES DE MIOCARDIOPATÍAS FAMILIARES EN POBLACION VALENCIANA

Autor/a/s: Carola Guzmán Luján, Noelia Escartín, Laura Gandía Artigues, Fátima Gimeno-Ferrer, Carmen Jordá Bilbao, Jesusa Rodrigo Sánchez, Goitzane Marcaida Benito, Óscar Fábregat Andrés, Raquel Rodríguez-López

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 375

ESTABLECIMIENTO DE PARÁMETROS ÓPTIMOS PARA BIOPSIA LÍQUIDA EN EL HUCA

Autor/a/s: Ángeles Cubiella Granda, Ana Sánchez-Pitiot, Rosa Romero Carou, Ángel Álvarez Eguiluz, Ana Ynés Martínez, Marta González Alvarado, Carlos Álvarez, Íñigo Santamaría

Centro de trabajo: Lab. Oncología Molecular. HUCA

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Una parte importante de la labor del Laboratorio de Oncología Molecular del HUCA es la caracterización molecular y genética de los tumores mediante el estudio de biopsias de tejido tumoral; sin embargo, en algunas ocasiones, el acceso al tumor o el estado del propio paciente hace muy complicada la obtención de dichas muestras. Se ha descrito que algunos pacientes con determinados tumores presentan una minúscula cantidad de material genético (ADN) de ese tumor circulando libre por su torrente sanguíneo debido a la proliferación y rotura de las células tumorales. Ese ADN, con la metodología adecuada, puede aislarse y analizarse, permitiendo identificar las alteraciones genéticas particulares de ese tumor y contribuyendo así a su caracterización y apoyando, además, las decisiones terapéuticas correspondientes. A una muestra de sangre (obtenida mediante extracción rutinaria) de la que se puede obtener ese ADN circulante se denomina biopsia líquida, aunque el término también es aplicable a otros fluidos de obtención no invasiva, como orina y saliva. La baja concentración y estabilidad de ese ADN extracelular hace preciso que su extracción y manejo sean óptimos.

OBJETIVOS:

Establecer los parámetros más adecuados en lo que se refiere a recogida y manejo del ADN circulante para estudio de biopsia líquida que garanticen que el ADN circulante obtenido no está contaminado con ADN genómico procedente de la rotura de células sanguíneas nucleadas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

sangre periférica extraída en el HUCA de manera estándar de pacientes oncológicos, recogida en mano o enviada por tubo neumático, procesada a distintos tiempos y a diferentes velocidades de centrifugación. La rotura celular en la muestra, así como la ausencia de celularidad en el plasma, se analizan de manera directa mediante técnicas de microscopía y de manera indirecta mediante el estudio del ADN circulante por electroforesis microfluidica del ADN total y de productos de PCR de diferentes tamaños obtenidos del mismo.

RESULTADOS:

Los resultados muestran variabilidad importante por paciente, lo cual es compatible con las fases y tipo de tratamiento clínico en que se encuentran. La observación directa mediante microscopía no parece indicar importantes variaciones en cuanto a extracción y manejo de las muestras (aunque las bajas velocidades de centrifugación sí muestran células aisladas en el plasma). El análisis del ADN resultante tampoco parece concluyente para la toma de decisiones, aunque las muestras enviadas por tubo neumático parecen tener una mayor cantidad de ADN de gran tamaño. Las diferencias se observan al analizar esas mismas muestras tras realizar una PCR que amplifica fragmentos de tamaño creciente: las muestras recogidas en mano y centrifugadas a una velocidad de 1900g en un plazo no superior a 1 hora no amplifican fragmentos superiores a 200 pb, indicando ausencia de contaminación por ADN genómico; sin embargo, esas bandas sí se observan en aquellas muestras recibidas por tubo neumático, independientemente de las velocidades de centrifugación y el tiempo transcurrido hasta ella.

CONCLUSIONES:

la biopsia líquida ha emergido como una técnica fundamental en la determinación molecular de ciertos tumores, pero sólo es determinante cuando da lugar a la detección de mutaciones, por lo que cualquier medida encaminada a la reducción de resultados de tipo falsos negativos ha de ser considerada. En este trabajo se recogen las condiciones óptimas en nuestro laboratorio para que el ADN circulante en plasma obtenido a partir de muestra de sangre periférica llegue en las mejores condiciones a la determinación mutacional propiamente dicha, sin interferencia del ADN genómico de las células nucleadas de la sangre. Los parámetros analizados muestran diferencias muy variables por paciente, pero demostrando la importancia de este tipo de estudios de optimización propios en un laboratorio clínico.

ESTUDIO DE FISH PARA LA DETECCIÓN DE ROTURAS DEL GEN IRF4 SOBRE TEJIDO FIJADO EN FORMALINA E INCLUIDO EN PARAFINA

Autor/a/s: García Noelia, Martín Silvia, Gonzalvo Elena, Gómez Cándida, Arias Amparo, Prieto Miriam, González-Farré Blanca, Campo Elias & Salaverria Itziar

Centro de trabajo: Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (IDIBAPS)

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: garcia11@clinic.ub.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La hibridación in situ fluorescente (FISH) es una técnica citogenética molecular que consiste en la detección de secuencias concretas de ácidos nucleicos sobre cromosomas, mediante el empleo de sondas específicas marcadas con fluorocromos. Dicha técnica es aplicable a diferentes muestras biológicas como p.e tejidos fijados en formalina e incluidos en parafina (FFPE). Las sondas tienen diferentes diseños en función de si se pretende detectar rotura de genes (break apart) o fusión de diferentes genes (dual color-dual fusion).

Actualmente, existen sondas comerciales para el estudio de las alteraciones genéticas más frecuentes en las leucemias y linfomas. Sin embargo, en ocasiones, y especialmente con el desarrollo de técnicas de secuenciación de última generación (WGS, RNA-seq) que permiten detección de variantes estructurales crípticas, a veces no existe una sonda comercializada para el estudio de una alteración cromosómica concreta. Para ello, existen protocolos específicos para generar sondas de FISH a partir del marcaje de clones BAC (bacterial artificial chromosome). Un ejemplo son las translocaciones de IRF4, reordenamientos crípticos de dicho gen con los genes de las I κ que están presentes en aproximadamente un 10% de los pacientes pediátricos con linfoma de células grandes (Salaverria et al, Blood 2011). Dicha alteración da lugar a la sobreexpresión del gen. La identificación de dichos casos ha dado lugar a una nueva entidad provisional en la actualización de la clasificación de la OMS denominada linfoma de células grandes con alteración de IRF4 (Swerdlow et al, Blood 2016).

OBJETIVOS:

- Optimizar la técnica de FISH para la detección de translocaciones/fusiones en linfomas sobre muestras incluidas en parafina.
- Identificar la incidencia de los reordenamientos del gen IRF4 (Salaverria Blood 2011) en linfomas de célula grande en pacientes pediátricos y jóvenes adultos (≤ 25 años) con expresión de IRF4/MUM1 mediante una sonda de break apart custom.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Materiales: Cortes de 2-4 μ m de tejido FFPE de 28 linfomas de células grandes recogidos de la colección de Hematopatología Hospital Clínico o de centros adscritos a la Sociedad Española de Hematología y Oncología pediátrica con antigüedades entre 1993 y 2017.*

Reactivos: Microtomo; Olla a presión; Proteínasa K; 2xSSC; formol; etanol; 4xSSC; Plasmid Midi Kit Qiagen ref 12143; Nick translation kit Abbott Molecular ref.07J00-001; Green-dUTP ref.02N32-050 Enzo; Red-dUTP ref.02N34-050 Enzo.

Hybridization buffer Abbott Molecular ref.06J67-011; Sonda IRF4 break apart: RP3-416J7 (Spectrum red), RP5-1077H22 (Spectrum green) RP5-856G1(Spectrum green); COT human DNA Roche ref.11581074001 ;DAPI II counterstain. Abbott Molecular ref. 53206J50-001; Cámara de hibridación;Microscopio de fluorescencia.

Se realiza un corte con el microtomo de 2-4 μ m a partir de un tejido fijado en formol e incluido en parafina previamente congelado 15 . *

Desparafinización:

- Colocar el corte en un baño de flotación a 40°C, recoger con el portaobjetos y dejar secar a T.A, después dejar en estufa O/N a 56°C.

- Desparafinar el corte pasándolo por dos baños de xilol 10 e hidratar 2 veces en alcohol 100% 5 , dejar secar a T.A 5-10 .
- Pretratar el corte introduciendo la preparación en una olla a presión a 95°C con tampón citrato durante 3 .
- Lavar con agua bidestilada y colocar en una caja de portaobjetos hidratados con agua destilada.

Técnica de FISH:

- Poner una gota de proteinasa K sobre la preparación y dejar actuar 15 a 37°C en la cámara de hibridación.
- Pasar la preparación por las diferentes soluciones: 2xSSC 5 ; Formol 10 ; 2xSSC 5 ; Etanol 100% 3 .
- Dejar secar y poner 6.5 ul de sonda IRF4** (0.5ul de cada BAC marcado + 5.5ul de hybridization buffer)
- Dejar en la cámara de hibridación a 90°C durante 3 para que se produzca la rotura de los puentes de hidrógeno y la separación de las hebras de DNA, después disminuye progresivamente hasta mantenerse a 37°C O/N.
- Al día siguiente lavar la preparación en 4xSSC a 73°C 2 , pasar a 2xSSC a T.A 1 , poner 7ul de DAPI II y visualizar al microscopio.

* En el caso de no disponer de secciones suficientes se pueden reutilizar preparaciones inmunohistoquímicas incubadas con anticuerpos y cubiertas con solución de montaje DPX. En estos casos, las preparaciones se sumergen en xilol hasta hacer saltar el cubreobjetos y posteriormente se pasan por alcoholes de gradiente decreciente hasta 70%. A continuación se procede con la desparafinización.

** Para la preparación de sondas no comerciales, utilizaremos Qiagen Plasmid Midi Kit para la extracción de DNA de clones BAC, clones RP3-416J7, RP5-1077H22, RP5-856G1. Posteriormente se realiza la fragmentación y marcaje del DNA (Reacción Nick Translation) y su precipitación con COT. La sonda se comprueba sobre células normales fijadas en Carnoy para confirmar que la hibridación es específica.

RESULTADOS:

Todos los casos seleccionados presentaban expresión inmunohistoquímica del marcador MUM1/IRF4. Del total de 28 casos, 14 fueron positivos para roturas del gen IRF4 (50%), 11 negativos (39%) y 3 no valorables (11%). Los 14 casos positivos presentaban de forma frecuente enfermedad nodal de la zona cervical.

CONCLUSIONES:

El FISH es una técnica rápida y de alta sensibilidad y especificidad, que nos puede dar información sobre anomalías genéticas crípticas en pacientes con linfoma. Concretamente en el presente estudio hemos podido identificar las translocaciones de IRF4 en un subgrupo de casos morfológicamente diagnosticados como linfoma de células grandes en edad pediátrica y adultos jóvenes y que expresaban el marcador MUM1/IRF4 por inmunohistoquímica.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 402

EVALUACIÓN DE DOS PROTOCOLOS DE TRIPLE-PRIMED PCR (TP-PCR) PARA LA DETECCIÓN DE EXPANSIONES EN C9ORF72

Autor/a/s: Estefanía Martínez Barrios, Paula Sánchez Villar del Saz, María Dolores Jimenez, Montserrat Milà

Centro de trabajo: Hospital Clínic

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: esmartin@clinic.ub.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La expansión de repeticiones GGGGCC en C9orf72 es la causa más común de esclerosis lateral amiotrófica (ELA), demencia lobar frontotemporal (DLFT) y ELA-DLFT, tanto en las formas familiares como esporádicas de estas enfermedades.

OBJETIVOS:

El objetivo de nuestro estudio es evaluar dos protocolos de TP-PCR para determinar la presencia de la expansión GGGGCC C9orf72 en una cohorte de DLFT.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemos estudiado 36 individuos para la presencia de la expansión GGGGCC C9orf72, en 23 pacientes con DLFT y 13 familiares de pacientes diagnosticados ya previamente.

La principal razón para la solicitud de las pruebas fue la variante de comportamiento DLFT (23/36) y la demencia atípica (5/36).

Para ello se ha utilizado la amplificación mediante triple-primed PCR (TP-PCR) utilizando cebadores de diseño propio y el kit AmpliDeX® PCR/CE C9orf72 de Asuragen, esta técnica utiliza los cebadores flanqueantes específicos de locus junto con un cebador pareado a la repetición que se amplifica desde múltiples sitios dentro de la repetición, generando una escala de fragmentos característica en electroforesis capilar. Consideramos como alelos normales los que presentan un número menor o igual a 30 repeticiones y como alelos patológicos los que presentan más de 30 repeticiones. El 86% (31/36) de las muestras fueron evaluadas por los dos procedimientos.

RESULTADOS:

La expansión C9orf72 se detectó en el 28% (10/36) de los casos, correspondiente al 13% (3/23) de los esporádicos y al 54% (7/13) de los casos familiares de DLFT. Todos los casos expandidos fueron detectados por ambas técnicas. Ninguno de los casos estudiados por demencia atípica resultó positivo para expansiones.

CONCLUSIONES:

Los resultados obtenidos en esta cohorte concuerdan los reportados por otros estudios en los que C9orf72 se encuentra alterado en el 30-50% de los casos de DLFT familiares y en menor proporción en los casos esporádicos. La TP-PCR es una técnica específica que permite la detección de los alelos expandidos con una gran fiabilidad. Las expansiones se han detectado por igual con los dos protocolos, pero el kit comercial es más eficiente, permitiendo detectar expansiones mucho mayores, en frente a la técnica de diseño propio.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 421

ANÁLISIS DE LA PREVALENCIA POLIMORFISMOS DEL GEN FTO ASOCIADOS CON OBESIDAD EN PACIENTES CON ENFERMEDAD HEPÁTICA POR DEPÓSITO DE GRASA (NAFLD).

Autor/a/s: Ángel Estébanez-Gallo; Carolina Santa-Cruz; Enriqueta Puma-rejo; Rocío Gallégo-Durán; Carmen Alonso-Martín; Miguel Santibañez; Paula Iruzubietá; Javier Abad; Ángela Puente; Emilio Fábrega; José Luis Calleja; Raúl Jesús Andrade; Carmelo García-Monzón; Manuel Romero Gómez; María Teresa Arias-Loste; Javier Crespo.

Centro de trabajo: Hospital Univ. "Marqués de Valdecilla"

Localidad: Santander

Correo electrónico del primer firmante: aesga@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Estudios previos de asociación genética han descrito la existencia de polimorfismos en el gen FTO asociados a un aumento del índice de masa corporal y al desarrollo de sobrepeso y obesidad. La variante de alto riesgo forma parte de un circuito genético que provoca el cambio de la grasa parda en grasa blanca, con una reducción en la termogénesis mitocondrial y aumento del almacenamiento lipídico. Su relación con el desarrollo y la gravedad de la enfermedad hepática por depósito de grasa (NAFLD) es desconocida.

OBJETIVOS:

1. Analizar la prevalencia de polimorfismos en el gen FTO asociadas con la obesidad en pacientes diagnosticados de NAFLD y su relación respecto de la población sana.

2. Estudiar la asociación entre estas variantes y la progresión de la enfermedad hepática.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- El estudio se realiza sobre una cohorte de 408 pacientes, procedentes del registro nacional HEPAmet, con diagnóstico previo de NAFLD basado en criterios bioquímicos (alteración en las pruebas de función hepática, resistencia a la insulina) y clínicos. Además, en 313 casos se dispone de confirmación histológica. El grupo control está formado por 487 pacientes sanos en los que se ha excluido la presencia de esteatosis hepática mediante criterios bioquímicos y elastografía hepática.

- Se ha extraído una muestra de sangre en tubos con EDTA a todos los sujetos de estudio. Las muestras se han almacenado a -80°C.

- Se ha realizado la extracción de DNA genómico utilizando el kit comercial REAL Extraction DNA SSS de Durviz.

- Se ha realizado la determinación de los polimorfismos del gen FTO rs1421085 C>T, rs9930506 A>G y rs1558902 A>T mediante PCR usando las sondas comerciales de ThermoFisher Scientific. La PCR y la lectura se ha realizado con el equipo 7500 Fast Real-Time PCR System de Applied Biosystems®. Los datos han sido interpretados con el software TaqMan® Genotyper Software.

- Las biopsias, procedentes de la práctica clínica, han sido fijadas en formol y embebidas en parafina. Las secciones obtenidas han sido teñidas usando las técnicas de Hematoxilina-Eosina y tricómico de Masson. Se ha valorado la presencia de esteatosis, inflamación lobulillar, degeneración en globo y fibrosis, confirmando el diagnóstico de NAFLD y clasificando el estadio de la enfermedad.

RESULTADOS:

- No hay diferencias significativas en la distribución de las variantes de riesgo asociadas a cada polimorfismo entre los pacientes NAFLD y la población sana.

- Los pacientes NAFLD homocigotos para el alelo G del polimorfismo rs9930506 muestran un aumento significativo del IMC.

- Las variantes de riesgo para los polimorfismos rs1421085 (CC) y rs9930506 (GG) se asocian a la presencia inflamación lobulillar.

CONCLUSIONES:

1. Por primera vez, un polimorfismo del gen FTO se asocia con hallazgos histológicos en pacientes NAFLD.

2. La presencia del polimorfismo funcional rs1421085 del gen FTO confiere un riesgo aumentado de inflamación lobulillar en los pacientes diagnosticados de NAFLD. Este riesgo aumenta en pacientes con un IMC bajo.

3. Existe una relación entre la severidad de la lesión histológica y la alteración de la capacidad tejido adiposo para disipar energía.

HEMATOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 008

ASOCIACION HEMOGLOBINA S/ALFA TALASEMIA. SINDROME DREPANOCITICO

Autor/a/s: Couselo Noya, María Jesús; Rodríguez Barcia, José; Iglesias Lema, Teresa; Gestal Gómez, Pilar.

Centro de trabajo: Hospital Materno Infantil Teresa Herrera

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: maria.jesus.couselo.noya@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La asociación hemoglobina S/alfa talasemia, tiene como origen la herencia en forma heterocigota de dos mutaciones una hemoglobina patológica S y una alfa talasemia.

Esta asociación se conoce como síndrome depreanocítico y puede cursar asintomático o puede dar lugar a una anemia hemolítica. El caso clínico que a continuación exponemos es el de una familia compuesta por: padre con microcitosis pronunciada, madre portadora de HbS en forma heterocigota y feto en gestación de veinte semanas.

OBJETIVOS:

Estudiar a los tres miembros de la familia para ofrecer la información más completa de las distintas posibilidades de transmisión de hemoglobinopatías al feto y ofertar la mejor actitud terapéutica y consejo genético posible.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realización de hemograma completo a progenitores. Tubo EDTA. Analizador ADVIA Siemens.

Bioquímica completa. Tubo Suero. Analizador Advia Siemens.

Electroforesis de hemoglobinas. Tubo EDTA. Analizador SEBIA Capylaris.

Estudio genético. Extracción, amplificación e hibridación de DNA. Autolipa 48.

RESULTADOS:

En el caso de la madre se observó un hemograma y una bioquímica normal, pero un pico anómalo en posición Hb S en la electroforesis.

El padre presenta una bioquímica normal, con una pronunciada microcitosis en el hemograma, lo que nos hace pensar en una posible alfa talasemia.

Se les cita a consulta y se les comenta la posibilidad de hacer un estudio genético a lo que el padre se niega, con lo cual tuvimos que esperar a que naciese el niño para completar el estudio. Este da como resultado una Hb S heterocigota heredada de la madre y una alfa talasemia deleción 3,7 single gen heredada del padre ya que la madre no poseía dicha mutación. El neonato ha heredado lo que se conoce como síndrome depreanocítico. Actualmente no presenta ningún cuadro clínico.

CONCLUSIONES:

A nuestro criterio queremos destacar la importancia de los estudios genéticos en gente portadora de hemoglobinopatías, tanto para tratar posibles cuadros clínicos, como a la hora de tener descendencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 014

SOLICITUD DE VELOCIDAD DE SEDIMENTACIÓN GLOBULAR: ¿CRIBADO UNIVERSAL O POBLACIÓN DE RIESGO?

Autor/a/s: LUISA MARIA RUEDA DURAN, MARIA ANGELES MARTIN GARCIA, NURIA ALONSO GARCIA, MIGUEL ANGEL RUIZ GINES

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rufoa2@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Si dejamos reposar en un tubo la sangre mezclada con anticoagulante, observaremos cómo los eritrocitos sedimentan espontáneamente. Este proceso se llama eritrosedimentación (ES), y la rapidez con que tiene lugar, velocidad de sedimentación globular (VSG). La ES es un fenómeno que se altera en muchas situaciones, considerándose inespecífica, pero puede alertar de la posible existencia de un trastorno o patología subyacente. De hecho, constituye un indicador de la presencia y elevación de reactantes de fase aguda (citocinas, IL-1 y 6 y proteína C reactiva), aunque no exista una clara relación entre el aumento de la VSG y el inicio o fase evolutiva del proceso inflamatorio. Con todo, la simplicidad de su medición y el mínimo coste económico, hacen de la VSG, aún hoy en día, una de las pruebas de laboratorio más solicitadas en la práctica clínica. El fenómeno de la ES obedece a varios factores, destacando las interacciones electrostáticas que existen entre los hematíes debido a su carga de superficie. En este proceso intervienen las proteínas del plasma, pues mientras unas las favorecen (fibrinógeno y globulinas), otras las disminuyen (albúmina). El mecanismo de este fenómeno depende, a su vez, de cuatro factores: tamaño y rigidez hemática (VCM), diferencia de densidad entre eritrocitos y plasma, viscosidad del plasma y temperatura. De todos ellos, el más determinante es el aumento del fibrinógeno, pudiendo influir el aumento de inmunoglobulinas y/o una disminución ratio albúmina/globulinas. El mecanismo, se cree que actúa disminuyendo la fuerza de repulsión que existe entre los hematíes debido a su energía superficial o potencial zeta (carga negativa), la cual explica que estas células se mantengan separadas. La intensidad dependerá, en gran medida, de la composición proteica del plasma y, especialmente, de la relación entre las concentraciones de albúmina, globulinas y fibrinógeno. La disminución del potencial produce mayor tendencia a agregarse y formar pilas de monedas. De acuerdo con este mecanismo, la VSG resulta del equilibrio entre las principales proteínas plasmáticas. La ES tiene lugar en tres fases: agregación, donde los hematíes forman agregados ("pilas de monedas o rouleaux"), siendo la fase más importante, ya que de ella dependerá la velocidad de todo el proceso, sedimentación y empaquetamiento.

Procesos inflamatorios crónicos (arteritis de la temporal, polimialgia reumática, AR, TBC) y ciertas neoplasias (linfomas y gammopatías monoclonales), constituyen la causa más frecuente de elevación de la VSG al alterar la relación albúmina/globulinas. Por ello, la medida de esta magnitud contribuye no sólo al diagnóstico, sino también al seguimiento evolutivo y respuesta al tratamiento.

OBJETIVOS:

No solicitar la VSG como cribado poblacional de marcador de enfermedad subyacente salvo que pertenezca a grupos de riesgo definidos donde se haya demostrado su utilidad y eficacia.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Utilizamos el analizador automático VES-MATIC CUBE 200 de Menarini® para la determinación de la VSG según el método de Westergren y empleando el tubo de hemograma (anticoagulante EDTA-K3). No se requiere estar en ayunas. Valor de referencia en población sana: < 20mm/h50 años.

RESULTADOS:

Se determinan una media de 1.332 hemogramas/día (351.648 VSG/año), con solicitud concomitante de VSG del 32% (426 muestras/día y 112.527 muestras/año). El 7% (24.615) de los pacientes presentan VSG > 30 mm/h, y de los cuales, tras estudio exhaustivo, sólo se detectó enfermedad severa (infecciones, arteritis de la temporal, polimialgia reumática, colagenopatías o tumores y metástasis tumorales) en 23 pacientes/año (<0,1%).

CONCLUSIONES:

No utilizar la VSG como herramienta rutinaria de cribado en pacientes asintomáticos o de forma indiscriminada en pacientes sintomáticos y su interpretación realizarse siempre dentro del contexto clínico y con el resto de pruebas complementarias. La VSG es un reactante de fase aguda inespecífico y continúa considerándose muy útil en el diagnóstico, evolución y respuesta al tratamiento de procesos inflamatorios, neoplásicos, infecciosos y necróticos, constituye un importante criterio diagnóstico para la arteritis de la temporal y polimialgia reumática, y para el seguimiento y pronóstico de algunas enfermedades crónicas y tumores (mieloma múltiple).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 019

COMPARATIVA DE LOS CONTROLES EXTERNOS DE DOS COAGULOMETROS DEL MISMO LABORATORIO

Autor/a/s: ESTEVEZ RODRIGUEZ RAQUEL1. ROBLES MARINAS VERONICA2. CAPUCCIO DE BRABANDERE CASSANDRA CAROLINA3. ABADIA PRADA RAQUEL1. SANCHEZ ARGUELLO DIANA3.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE CABUEÑES

Localidad: GIJON

Correo electrónico del primer firmante: Marikel66@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCION: Realizamos controles externos en nuestro laboratorio. Entre otras pruebas, controlamos el estudio básico de coagulación (Ratio TP, Ratio TTPa y fibrinógeno). Recibimos 12 envíos anuales de dos especímenes cada uno. Vienen identificados con un número que acaba en 10 y 20. Desde hace un año, tenemos en el laboratorio dos coagulómetros de casas diferentes (Sysmex CS 5100 y ACL TOP 750 CTS). Hemos analizado los resultados de ambos equipos.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados de los controles externos del estudio básico de coagulación de dos coagulómetros diferentes realizados en el mismo laboratorio por el mismo personal.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se revisan los resultados de los índices de desviación de cada equipo comparándolos con respecto a todos los métodos del control de calidad externo. Se analiza desde enero del 2016 hasta enero del 2017.

Clasificamos los resultados en función de su exactitud en: excelente (Índice desviación 0-0.5); satisfactorio (Índice 1-2); bueno (Índice 0.5-1); no aceptables (Índice >2); No enviadas (SR).

RESULTADOS:

A lo largo del primer semestre no se enviaron los resultados del mes de febrero por lo que sólo podemos analizar 30 envíos (83.33%).

Los resultados del Sysmex CS 5100 son: excelentes 10 (33.33%). Satisfactorio 12 (40%). Bueno 6 (20%). No aceptables 2 (6.67 %). No enviados 6,8 (16.67%).

Los resultados del ACL TOP 750 CTS son: Excelentes 10 (33.33%) Satisfactorio 7 (23.33%) Bueno 12 (40%) . No aceptables 1 (3.33%). No enviados 6 (16.67%)

Por tanto, a lo largo del primer semestre los resultados de ambos equipos son más parejos, aunque el Sysmex CS 5100 tiene más resultados no aceptables (6.67% frente a 3.33%)

En el segundo semestre no se enviaron los resultados del mes de octubre, por lo que de nuevo sólo hemos podido analizar 30 envíos (83.33%)

Sysmex CS 5100: Excelentes 1 (3.33%) Satisfactorio 13 (43.33%) Bueno 7 (23.33%) No aceptables 9 (30%). No enviados 6 (16.67 %)

ACL TOP 750 CTS: Excelente 12 (40 %) Satisfactorio 8 (26.67%) Bueno 10 (33.33 %). No aceptables 0 (0 %)..

Está claro, que en el segundo semestre los resultados del ACL TOP 750 CTS son superiores ya que la suma de excelentes y buenos suponen el 73.33% frente al 26.66% del Sysmex. Además en este pe-

riodo, el ACL TOP 750 CTS no ha tenido ningún resultado inaceptable mientras que el Sysmex CS 5100 ha presentado 9 (el 30% de los resultados totales de este semestre).

CONCLUSIONES:

Los resultados obtenidos por el ACL TOP 750 CTS son claramente superiores a los del Sysmex CS 5100.

Es muy importante la curva de aprendizaje cuando se introduce un equipo nuevo en el laboratorio.

Las diferencias entre los resultados has sido más llamativas cuando los TEL del laboratorio tenían experiencia con el equipo nuevo.

Las diferencias observadas se deben exclusivamente a que los coagulómetros son diferentes ya que los TEL que trabajan con ellos son siempre los mismos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 035

INACTIVACIÓN DE PATÓGENOS EN CONCENTRADOS DE PLAQUETAS CON INTERCEPT BLOOD SYSTEM EN EL CENTRO DE TRANSFUSIÓN DEL COMPLEJO HOSPITALARIO DE TOLEDO

Autor/a/s: Redondo Chozas, María Dolores; Valverde Luque, María de los Ángeles; Zhelyazkova Kamenova, Nedyalka; Pajares Herraiz, Ángel Luis.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Toledo

Localidad: Toledo

Correo electrónico del primer firmante: lolyrd-79@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Una de las principales preocupaciones para los Centros de Transfusión, es la presencia de los agentes infecciosos emergentes, lo que ha propiciado, entre otras medidas la creación de sistemas de inactivación de patógenos para componentes sanguíneos, aumentando la seguridad en las transfusiones, disminuyendo considerablemente la posibilidad de transmisión de enfermedades infecciosas por la transfusión.

Intercept Blood System utiliza amotosaleno, un compuesto fotoactivo derivado de los psoralenosy dirigido específicamente al ADN y al ARN celular, y la iluminación mediante luz UVA, produciendo una reacción con los ácidos nucleicos y un entrecruzamiento irreversible, dando como resultado la inactivación celular, tanto de virus, bacterias u otras células que contengan ADN o RNA.

OBJETIVOS:

El principal objetivo de Intercept Blood System es inactivar la replicación de virus, bacterias y parásitos así como de Linfocitos activos, produciendo la inactivación de los agentes infecciosos, y por tanto su transmisión, y evitando la Enfermedad Injerto versus Huésped (EIVH) postransfusional mediada por Linfocitos, sustituyendo la irradiación de componentes sanguíneos para evitar este riesgo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Contamos con los pools de plaquetas realizados con Intersol, equipo iluminador Intercept Blood System, Cersus, kit de inactivación, sellador de tubulares, colgador de bolsas y agitador plano de plaquetas con una temperatura de 20-24°C.

Se hacen las conexiones necesarias del pool de plaquetas con el kit de inactivación Intercept. Se transfieren las plaquetas junto al amotosaleno al envase de iluminación. Se dejan 4-5 minutos en el equipo iluminador. Una vez pasados el tiempo necesario, se dejan fluir las plaquetas a la bolsa con el dispositivo de absorción de compuestos CAD. Por último, se transfieren las plaquetas al envase final para almacenar y posteriormente transfundir.

RESULTADOS:

En nuestro Centro de Transfusión se comenzó la inactivación de patógenos en diciembre de 2007. Desde entonces hasta el 31 de diciembre de 2016 se han inactivado un total de 4802 unidades.

BAJA DE LOS DIFERENTES COMPONENTES SANGUÍNEOS EN EL SERVICIO DE FRACCIONAMIENTO DEL COMPLEJO HOSPITALARIO DE TOLEDO

Autor/a/s: Zhelyazkova Kamenova, Nedyalka; Valverde Luque, María de los Ángeles; Redondo Chozas, María Dolores; Pajares Herraiz, Ángel Luis.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Toledo

Localidad: Toledo

Correo electrónico del primer firmante: lolyrd-79@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El Área de Fraccionamiento se encarga de la separación de la sangre total en sus diversos componentes, su correcta conservación, mantenimiento y distribución a los distintos centros de transfusión. También se encarga de realizar controles de calidad sobre todos los productos con el fin de obtener mayor seguridad. Dependiendo del tipo de bolsa con la que se haga la recolección de sangre podemos obtener los siguientes productos de cada donación:

- De una bolsa triple (L3), obtenemos hematíes y plasma.
- De una bolsa cuádruple (L4), obtenemos hematíes, plasma y buffy coat, con los que obtendremos plaquetas en un paso posterior.

OBJETIVOS:

Daremos de baja todos los componentes sanguíneos que no reúnan las directrices establecidas en el CAT (Normas de calidad actualizadas, que establecen los requisitos de un sistema de gestión de calidad de los productos sanguíneos y servicios que han de cumplir las organizaciones solicitantes de la certificación de la Fundación CAT) y por la normativa de la U.E.

MATERIAL:

Para el trabajo diario contamos con la disponibilidad de las unidades de sangre total, centrifugas (CRYOFUGE 8500i), ordenador y software de trabajo, etiquetadora (Zebra Stripe S4M), contenedores homologados para el material infeccioso, fraccionadores semiautomáticos TACE-II y sistema TACSI para obtención de pools de plaquetas.

MÉTODO:

Partiendo de una donación de sangre total, lo primero que hacemos en el Área de Fraccionamiento es centrifugarla siempre que tenga el volumen correcto. Una vez concluida la centrifugación, pasaríamos a fraccionarla en los equipos TACE-II de TERUMO.

La baja de productos sanguíneos se lleva a cabo en un programa informático llamado DELPHYN, donde se reúnen todas las posibles causas que pueden originar la baja de un producto, el cual será etiquetado para su posterior destrucción en los cubos reglamentarios para tal efecto.

RESULTADOS:

En el fraccionamiento nos podemos encontrar con diversos errores que pueden ser ocurridos en el propio o de origen. De ellos, los más frecuentes son:

1º Ocurridos en el servicio de fraccionamiento : por contaminación(155=0.28%),por rotura de bolsa(316=0.58%),por coágulos(230=0.42%),por sobrepeso o defecto de volumen(188=0.34%) o mal fraccionamiento del TACE-II (63=0.11%). Los errores ocurridos por éstos motivos ascienden a un total de 952 que equivalen a un 1.75% de los motivos de baja de bolsas.

2º Por causas ajenas al servicio de fraccionamiento: productos no usados (3119 =5.74%), caducados(730=1.34%) o por analítica alterada(1766=3.25%). Las causas de baja de productos por éstos motivos ascienden a un total de 5615 que equivalen a un 10.34% de los motivos de baja.

Las donaciones de sangre total fraccionadas durante los años 2015/2016 ascienden a un total de 54280, en las que 27039 corresponden al año 2015 y 27241 al año 2016.La cantidad de productos dados de baja en el servicio de fraccionamiento corresponden a un 12.09% del total de bolsas fraccionadas.

El número total de pools de plaquetas que se han realizado son 33672, de los cuales 4802 han sido inactivados y los 28870 restantes han sido pools de plaquetas normales.

Se comenzó inactivando un 11% de los pools de plaquetas que se realizaban llegando a alcanzar en la actualidad hasta un 20%

CONCLUSIONES:

La inactivación de los patógenos permite obtener productos comparables en calidad con los convencionales, con la misma eficacia, pero con un margen de seguridad más alto y con menos reacciones adversas.

Estos productos pueden ser transfundidos a todo tipo de pacientes.

Este método sustituye la irradiación de Componentes Sanguíneos para evitar la EIVH postransfusional

GESTOR DE SISTEMAS DE PROCESO (PSM)

Autor/a/s: MARIA ANTONIA DIAZ GOMEZ, PABLO JOSE MAYO PINTOR

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN AGUSTIN

Localidad: AVILES

Correo electrónico del primer firmante: mariaagi8@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

A partir de Mayo de 2016 se comenzó a utilizar un Gestor de Sistemas de Procesos (PSM) en el Banco de Sangre del Hospital. Con este programa podemos asignar un lugar de almacenamiento para los plasmas congelados de pacientes a los que se les ha realizado un tipaje y escrutinio en espera de que se solicite una transfusión de concentrado de hematíes en un plazo inferior a seis meses .

DESCRIPCIÓN:

Anteriormente se utilizaba una serie de paneles colgados en la pared, con cuadrículas (10x10) de los diferentes servicios (Traumatología, Cirugía, Ginecología, etc) en los cuales se fijaba una pegatina identificativa de la muestra y después se colocaba dicha muestra en la misma posición en la gradilla

El PSM asigna un lugar a cada plasma: gradilla (0-n), columnas (0-10) y filas (0-10), simplemente con introducir el número de identificación al que asigna esa posición.

Para recuperar la muestra con el PSM al introducir el número de identificación nos dará la posición en la que se encuentra. Anteriormente teníamos que buscar la gradilla correspondiente al Servicio petionario y después una por una examinar cada etiqueta hasta encontrar la deseada y luego ir a esa misma posición.

OBSERVACIONES:

Tras un período de seis meses hemos podido constatar la facilidad para recuperar las muestra almacenadas, así como el ahorro que supone el evitar el hacer escrutinios a pacientes que lo tenían ya hecho es decir evitar duplicidades innecesarias de escrutinios.

En un período de dos meses, Octubre y Noviembre pudimos comprobar que se evitó la duplicidad de escrutinios en 20 casos de un total de escrutinios realizados lo que supone un 5%.

Esto es debido en parte a que cuando se utilizaban paneles, estos tenían una capacidad limitada por lo engorroso a la hora de refrescar las pegatinas fijadas se perdían bastantes muestras

CONCLUSIONES:

Aumento de seguridad a la hora de almacenar muestras.

Disminución del tiempo de procesado de las peticiones y de la carga de trabajo

Ahorro económico al evitar la duplicidades de pruebas

CONCLUSIONES:

Teniendo en cuenta los resultados anteriores, podemos decir que el porcentaje de baja de productos sanguíneos es bajo y que cada año se consigue que la cantidad de errores cometidos vaya disminuyendo progresivamente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 052

DIAGNÓSTICO DE HEMOGLOBINURIA PAROXISTICA NOCTURNA (HPN) A TRAVÉS DEL CITÓMETRO DE FLUJO

Autor/a/s: AURELIA BRITO JORGE/JULIA RODRIGUEZ RODRIGUEZ/MAGALY ROBLEDANO PÉREZ/VALERIA LUCIANA PERI/CRISTINA LEMES QUINTANA/MANUEL LEON RODRIGUEZ/MARI CARMEN MARRERO PEREZ/ MARI PINO GOMEZ WALKER/JOSE MIGUEL BOSCH BENITEZ

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO INSULAR GC

Localidad: LAS PALMAS DE GC

Correo electrónico del primer firmante: aurelia.britoj@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La HPN es una enfermedad rara cronal adquirida causada por una mutación de las células precursoras hematopoyéticas del gen PIG-A. Dicho gen codifica una proteína útil en la síntesis del glicosilfosfatidilinositol (GPI) que es un glucopéptido que ancla proteínas a la membrana celular. Al haber una alteración en GPI de anclaje se produce un aumento de sensibilidad al complemento produciendo anemia hemolítica intravascular y citopenias debido al fallo de la médula ósea.

OBJETIVOS:

- Utilizar un método sencillo, fiable y rápido para identificar clones HPN.
- Validar la técnica de citometría de flujo para la detección de proteínas asociadas a GPI en neutrófilos (CD16, CD24, CD157) en monocitos (CD14, CD57) y en hematíes (CD59).
- Valorar en que fluorocromo deben ir dichos marcadores para evitar interferencias y emplear un derivado fluorescente de la toxina bacteriana aerolisina (FLAER) capaz de unirse a GPI en las distintas subpoblaciones de leucocitos (no hematíes) para la detección de clones HPN.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se marca en sangre periférica con EDTA de no más de 24 horas. Se estudian los eritrocitos, neutrófilos y monocitos, gateando la población a estudiar con glicosforina, CD10 y CD45, respectivamente. Ponemos un panel con FLAER-FITC, CD157-PE, CD45-SD, CD10-PC5 usando el CD45 y CD10 para limpiar la población a estudiar, incubar, lisar, lavar y adquirir en citómetro.

Otro panel con CD59-FITC, GLICOA-PE (este último para limpiar los hematíes) incubar, lavar y adquirir en citómetro. Se adquiere un mínimo de 250.000 eventos de cada muestra en el citómetro.

CONCLUSIONES:

Con ésta técnica de aproximadamente 30 minutos de una muestra de sangre periférica se pueden identificar distintos tipos celulares de acuerdo con la expresión de proteínas ancladas a GPI:

- TIPO I: Sin deficiencias
- TIPO II: Con deficiencia parcial
- TIPO III: Con deficiencia total

Pudiendo hacer el diagnóstico y monitorización de la HPN con una sensibilidad de al menos 0,01% de cada subpoblación estudiada.

Comparándola con el test de HAM (baja sensibilidad y mayor tiempo) y la hemaglutinación en latex (baja sensibilidad) es el test de HPN por citometría de flujo lo que se debe utilizar hoy en día.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 057

DIMEROS D VALORACION EN LA ENFERMEDAD TROMBOEMBOLICA VENOSA

Autor/a/s: RIOS RAMOS MARÍA JOSEFA, MONJE RÍOS MARÍA DOLORES, LEPE BALSALOBRE ESPERANZA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: mj.rios.rios@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Dímero-D es un producto de degeneración de la fibrina, que se encuentra elevado en los pacientes con Enfermedad Tromboembólica Venosa (ETEV) la combinación de la valoración objetiva del riesgo mediante la escala de Wells, junto con la determinación del DD ha mostrado un alto valor predictivo negativo (VPN) para descartar esta patología. La medida del DD en la ETEV se utiliza para el cribado del diagnóstico y por el pronóstico de recidivas. Sin embargo, existen múltiples procesos que pueden elevar los valores del DD en ausencia de ETEV: Sepsis, coagulopatías, intervención quirúrgica reciente, mayores de 80 años, embarazo&

OBJETIVOS:

Análisis de las determinaciones de DD realizadas, evaluando la idoneidad de la solicitud.

Valoración del DD como prueba diagnóstica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio de determinación del DD realizadas mediante inmunoturbidimetría en un BII de Siemens con un rango de (0-500 ng/ml). Se valoró la solicitud de DD calculando el riesgo de ETVE siguiendo la escala de Wells y el diagnóstico.

RESULTADOS:

Se estudió 150 pacientes 54(36%) tuvieron un resultado negativo y 96(64%) positivo. De los positivos 41(43%) tenían riesgo de padecer ETVE: 14 casos fueron confirmados el diagnóstico de TVP o TEP y 26 fueron excluidos al realizarles las pruebas complementarias.

De los 55 pacientes con DD positivo: 2 eran revisiones de pacientes asintomáticos y 53(54%) tenían un riesgo bajo de padecer un TVP o TEP: 9 embarazadas, 5 estudio preoperatorio, 3 problemas cardiacos, 13 pacientes mayores de 80 años y 20 con otras patologías.

Respecto a los negativos, 15(29%) estaba indicado la solicitud de DD, mientras que en 31 (58%) no.

CONCLUSIONES:

Según lo estudiado, el 58% de los DD realizados no cumplen el criterio de solicitud, obteniendo en un 62% un resultado positivo sin diagnóstico de ETVE. Dentro de este grupo cabe destacar los valores aumentados en pacientes, mayores de 80 años, embarazadas.

El DD tiene un alto VPN y un bajo valor predictivo positivo(VPP). Por ello, por encima de los niveles normales no es específico de la existencia de un proceso trombótico, sino que deben valorarse las circunstancias clínicas de cada paciente antes de interpretar un resultado anormal de DD

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 064

ANTI-D + ANTI-C VS ANTI-G EN GESTANTES

Autor/a/s: JUANA MOHEDANO ZAMORA, MARIA JOSE JIMENEZ LOBATO, ALICIA BREA GONZALEZ

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE GETAFE

Localidad: GETAFE

Correo electrónico del primer firmante: juanimohedano@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En las gestantes Rh negativas con estudio de anticuerpos irregulares

res positivos con especificidad Anti-C+Anti-D es de vital importancia determinar si se trata de un Anti-G o de un Anti-C+Anti-D, para la correcta administración de inmunoprófilaxis Anti-D humana.

El antígeno G esta presente en la mayoría de los hematíes D+ y en todos los C+ y está ausente en personas cuyos hematíes carecen de antígeno C y antígeno D.

OBJETIVOS:

Describir el caso de una gestante con aloanticuerpos con especificidad Anti-D + Anti-C y demostrar si se trata de un Anti-G.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el Hospital Universitario de Getafe el seguimiento inmunohematológico de las gestantes se realiza de manera automatizada con el equipo IH-500 de Biorad y soporte de apoyo con los demás componentes suministrados por dicho laboratorio que incluye tarjetas Liss-Coombs, tarjetas neutras, tarjetas de grupo, tarjetas de fenotipo, hemantígenos, diluyente Liss, centrifugas e incubadoras de tarjetas.

RESULTADOS:

Mujer sin antecedentes transfusionales con historia obstétrica Gestaciones 3, Partos 1, Abortos 1, Vivos 1, conocida por nosotros en Abril de 2013, cuando en semana 28 de gestación se le administra profilaxis con inmunoglobulina Anti-D humana. En este momento el estudio de anticuerpos irregulares es negativo.

Es de nuevo valorada por nosotros en una segunda gestación en 2016, siendo el estudio de anticuerpos irregulares negativo y recibiendo la inmunoprofilaxis en la semana 28 de gestación.

En el momento del parto se detecta estudio de anticuerpos irregulares positivos, se enfrenta el suero con un panel de 11 y 15 células en tarjetas de Liss-Coombs y medio enzimático, obteniéndose positividad compatible con Anti-D a título 512 y Anti-C.

Dada la identificación a título elevado de Anti-D + Anti-C se proceden a realizar adsorciones diferenciales con células D+C-(R2R2) resultando en panel identificativo una especificidad Anti-D.

Se realiza otra adsorción diferencial con célula D-C+(r r) con eso se consigue pegar el Anti-C quedando en el sobrenadante el posible Anti-D, posteriormente se realiza la elución del Anti-C y se proceden a la realización de panel identificativo con el eluido, obteniéndose una especificidad Anti-C+ Anti-D, concluyéndose la existencia de un aloanticuerpo Anti-G, porque de haber persistido una especificidad de Anti-C con el eluido se hubiese tratado de un Anti-C + Anti-D.

En esta gestante Rh negativa es de vital importancia conocer que es un Anti-G y por lo tanto debe recibir inmunoprofilaxis anti-D humana después del parto y así evitar la enfermedad hemolítica del feto y del recién nacido y posteriores aloimmunizaciones de la gestante para futuros embarazos.

CONCLUSIONES:

En el caso de esta gestante se procedió a su inclusión en el programa de profilaxis anti-D por haberse demostrado la aloimmunización por Anti-G tras el parto.

Si se produce una nueva gestación será recomendable el estudio de Rh fetal en sangre materna y sería un embarazo de alto riesgo ya que dicho anticuerpo puede producir enfermedad hemolítica del feto y del recién nacido.

La gestante mantiene la misma indicación de inmunoglobulina Anti-D para futuros embarazos.

Ante la necesidad de transfusión se le administrará sangre C- y sangre D-.

Localidad: GETAFE

Correo electrónico del primer firmante: majoselob@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El protocolo inmunológico de las gestantes lleva asociado el estudio de grupo y Rh sanguíneo y escrutinio de anticuerpos irregulares para evitar la enfermedad hemolítica del feto y del recién nacido.

En el caso de gestantes Rh negativas con escrutinio de anticuerpos irregulares positivos se procederá a la identificación de los posibles aloanticuerpos y su seguimiento mensual para evitar daños al feto, así como su inclusión en el programa de profilaxis Anti-D en los casos que proceda.

OBJETIVOS:

Describir el caso de una gestante Rh negativo que presenta escrutinio de anticuerpos irregulares positivos y coombs directo positivo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el Hospital Universitario de Getafe el seguimiento inmunohematológico de las gestantes se realiza de manera automatizada con el equipo IH-500 de Biorad y soporte de apoyo con los demás componentes suministrados por dicho laboratorio que incluye tarjetas Liss-Coombs, tarjetas neutras, tarjetas de grupo, tarjetas de fenotipo, tarjeta DC-Screening I, hemantígenos, diluyente Liss, centrifugas e incubadoras de tarjetas.

RESULTADOS:

Mujer en primer trimestre de gestación con estudio de anticuerpos irregulares positivos, conocida por nosotros en 2014 en otra gestación y en aquel momento presentaba Coombs directo positivo por autoanticuerpo caliente sin especificidad ni datos de hemólisis y se descarto la presencia de aloanticuerpos. Se administro inmunoglobulina profiláctica en semana 28. No hay datos del parto, que supone mos se realizo en otro centro.

En 2016 en una nueva gestación se repiten los estudios inmunohematológicos encontrándonos con un escrutinio de anticuerpos irregulares positivos y Coombs directo positivo.

Se procede a realizar con el suero de la gestante paneles de 11 y 15 células en tarjetas de Liss-Coombs que muestran positividad que parecen coincidir con un anti-S y a un anti-Fya. Se realiza panel de 15 células en enzimas mostrando aglutinaciones de 4+ y autocontrol positivo. Se realiza autoadsorción en presencia de PEG, sin lograr negativizar el estudio de anticuerpos irregulares y mostrando en el sobrenadante especificidad anti-Fya, lo cual hace sospechar si el anti-S puede ser un autoanticuerpo.

Se realiza Coombs directo poliespecífico con una positividad 2+ y monoespecíficos IgG 1+, C3d 1+ y resto negativo. Se procede a realizar técnica de elución, con el sobrenadante se realiza panel identificativo dando como resultado todas las células positivas hasta una negativización de todas las células en la dilución 16.

Ante estos resultados se decide enviar muestra al Banc de Sang i Teixits de Cataluña para completar estudio, en este laboratorio nos confirman panaglutinación que deja entrever la presencia de anti-Fya y anti-S, se realizan adsorciones diferenciales con PEG(x1) y en el suero adsorbido se identifica anti-Fya + anti-S.

CONCLUSIONES:

En esta gestante se demuestra la existencia de aloanticuerpos anti-Fya más anti-S y autoanticuerpo caliente inespecífico.

Los dos aloanticuerpos presentes pueden producir enfermedad hemolítica del feto y del recién nacido, por lo que se considera un embarazo de riesgo.

La gestante se deberá realizar controles mensuales del título de los dos anticuerpos, que debido a la dificultad del estudio se pueda nuevamente derivar al Banc de Sang i Teixits de Cataluña.

La gestante deberá acudir en la semana 28 de gestación para la administración de Inmunoglobulina anti-D humana.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 065

CASO CLINICO DE GESTANTE RH NEGATIVO CON COOMBS DIRECTO E INDIRECTO POSITIVO

Autor/a/s: MARIA JOSE JIMENEZ LOBATO, ALICIA BREA GONZALEZ, JUANA MOHEDANO ZAMORA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE GETAFE

ESTUDIO DEL PARAMETRO NX Y LA HIPOGRANULARIDA EN LOS SINDROMES MIELODISPLASICOS

Autor/a/s: Carmen Guillen Esteban, Mercedes Paredes Recio, Ana Jimenez Galan, Susana Perez, Roberto Baron

Centro de trabajo: Hospital Universitario Mostoles

Localidad: Mostoles

Correo electrónico del primer firmante: brevas3@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Bajo la denominación de Síndromes Mielodisplásicos (SMD) se incluyen enfermedades que tienen como característica común que las células madre de la médula ósea, encargadas de fabricar todas las células de la sangre, tienen un defecto que les hace producir células anómalas incapaces de realizar sus funciones habituales, y en menor cantidad de lo normal. Generalmente son enfermedades que comienzan con un curso clínico indolente y progresivo. Con un VCM normal o aumentado, y una anemia (normocítica o macrocítica) progresiva que se caracteriza por ser refractaria a la mayoría de los tratamientos. Respecto a la serie blanca, nos encontramos con leucopenia, alteraciones en la morfología de los leucocitos (leucocitos hipogranulares o anomalía de pseudopelger),

OBJETIVO:

El diagnóstico de SMD está basado en los cambios morfológicos de la sangre y médula ósea.

El objetivo de este trabajo es examinar la correlación del parámetro de investigación NEUT-X que nos proporciona el autoanalizador Sysmex XE-2100, con el grado de granularidad de los neutrófilos.

Una vez examinada esta correlación, evaluar si realmente nos puede servir como ayuda a la hora de diagnosticar SMD.

Concretamente, NEUT X es valor medio de la dispersión lateral (SSC) de la población de Neutrófilos en el scattergrama DIFF del analizador y según estos estudios cuando está disminuido puede ser indicativo de displasia.

MATERIAL Y MÉTODOS:

A lo largo de seis meses se han ido procesando muestras de sangre venosa recogidas en tubos de vacío con EDTA como anticoagulante, procedentes 100 donantes como población normal (normogranularidad), y 90 muestras de pacientes hospitalizados y ambulatorios de nuestro Hospital con diagnósticos de sepsis, infección, que presentaban (hipergranularidad en los neutrófilos) y pacientes con sospecha de SMD, que algunos de ellos presentaban (hipogranularidad), también se utilizaron controles comerciales (roche) alto, medio y bajo suministrados por el fabricante.

La Mayoría de las determinaciones fueron realizadas antes de transcurridas cuatro horas desde la extracción, excepto algunas ambulatorias, siendo conservadas a temperatura ambiente (18-20 °C) hasta el momento de su estudio.

Paralelamente se realizaron extensiones de sangre periférica a cada una de las muestras procesadas por un Sysmex Xe2100 teniendo en cuenta sobre todo el parámetro a estudiar. (Nx), estos frotis fueron teñidos con colorante comercial Hematek y observadas al microscopio. Una vez verificado en frotis sanguíneo la granularidad de los neutrófilos se establecieron los límites de hipogranularidad, normogranularidad e hipergranularidad en nuestro laboratorio, (ver tabla)

CONCLUSIÓN:

Una vez establecidos los límites de granularidad, observamos que los Valores inferiores correlacionan bien con hipogranularidad de los neutrófilos al igual que la hipergranularidad observada al microscopio en nuestro laboratorio. Por lo tanto, el empleo del parámetro NEUT-X, junto con otro parámetro como la hemoglobina (anemia), puede ser de ayuda como indicativo de revisión de frotis por sospecha de SMD. El Neutro-x ha evaluado en SMD en pacientes con hipogranularidad visible en el 98% de las muestras procesadas demostrando que este parámetro sería muy útil en el laboratorio, para ayudarnos a detectar estos síndromes.

REACCION TRANSFUSIONAL EN EL CENTRO REGIONAL DE TRANSFUSION DE TOLEDO

Autor/a/s: HONRUBIA HERRERA ROSALIA, PEREZ JURADO MARIA CARMEN, GUTIERREZ MELENDEZ MARIA DEL CARMEN, GALAN LOPEZ MARTA, GOMEZ LOPEZ AMPARO.

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA SALUD

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: rhh.1976@gmail.com

RESUMEN:

La transfusión de componentes sanguíneos generalmente es una práctica segura y efectiva que corrige el déficit hematológico, pero en ocasiones tiene consecuencias nocivas que pueden llevar a complicaciones serias con riesgo de la integridad física del paciente. Los efectos adversos de la transfusión sanguínea pueden ser inmediatos o tardíos.

El objetivo de este trabajo es el reconocimiento de los principales riesgos, de que naturaleza y si se hubiesen podido evitar, medidas a adoptar y la evolución en el periodo del tiempo del estudio en nuestra área.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se trata de un estudio realizado desde enero de 2012 hasta diciembre de 2016, en el que se analizan las reacciones transfusionales en pacientes que han necesitado una transfusión en el hospital Virgen de la Salud de Toledo. Perteneciente al centro regional de transfusión.

Fueron realizadas 14015 pruebas cruzadas de pacientes procedentes del servicio de urgencias y de hospitalización, de todas las edades con necesidades de transfusiones sanguíneas diversas (intervenciones quirúrgicas, traumatismos, enfermos oncológicos& ..) de las cuales se procedió a realizar la transfusión en un total de 11995 pacientes.

RESULTADOS:

Durante el periodo de estudio se realizaron 14015 pruebas cruzadas procediendo a la transfusión de los hemoderivados en un total de 11995 pacientes. De todas las transfusiones realizadas, en el año 2012 se observan 4 reacciones transfusionales, una se considera incidencia u tres cursan con reacción febril e hipotensión.

En 2013 se producen 2, una se considera incidencia y otra cursa con reacción febril.

En 2014 se producen 10 de las cuales cuatro son incidencia, dos cursan con shock anafiláctico, uno con TRALI (edema agudo de pulmón no cardiogénico), y tres con reacción febril.

En 2015 se producen 3 y todas ellas con reacción febril.

En 2016 hay tres, dos por transfusión incorrecta de componentes y una por enfermedad infecciosa no vírica.

CONCLUSIÓN:

El éxito en una transfusión sanguínea radica en la correcta praxis a la hora de realizar el proceso, desde la recogida de la muestra hasta la correcta identificación del paciente y la realización de la técnica.

Con objeto de asegurar la trazabilidad es fundamental la prevención de todos los factores del proceso transfusional, mediante la actuación correcta como la aplicación de métodos y protocolos previamente establecidos y unificación de criterios del personal vinculado.

Todas estas actuaciones se llevan a cabo a través de las normas establecidas por el comité hospitalario de transfusión.

CALCULO DEL PUNTO DE CORTE EN EL VALOR DE LA RESISTENCIA A LA PROTEINA C ACTIVADA COMO SCREENING PARA LA REALIZACION DEL FACTOR V LEIDEN

Autor/a/s: CONSUELO LAPUEBLA VIEL. MARIA DOLORES OSUNA MAESTRE. MARIA DEL PILAR MEDINA CANO

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DEL VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: cheloviel@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCION- La resistencia a la proteína C activada se asocia a una mutación puntual del Factor V de la coagulación, en la que un cambio de arginina por glutamina (R56Q) produce un retraso en la inactivación del factor V por la proteína

C activada, ocasionando un estado de hipercoagulabilidad. El factor V Leiden es la causa más frecuente de trombofilia hereditaria (presente en el 25-50 % del total de los casos)

OBJETIVOS:

Nuestro objetivo fue establecer el valor cut-off de la RCPA, cociente de la determinación del tiempo de veneno de víbora de Russell diluido (DRVVT) del plasma sin y con proteína C activada, para realizar o no la determinación del Factor V Leiden.

MATERIAL:

Seleccionamos 159 muestras de sangre periférica de 134 pacientes, 57 hombres y 77 mujeres de un periodo comprendido entre Septiembre de 2015 y Septiembre 2016, procedentes de planta de hospitalización y consultas externas de Hematología (80), Cirugía Vasculosa (14), Ginecología (18), Medicina Interna (10), Reumatología (9) y otros (22). Las muestras fueron estudiadas por enfermedad tromboembólica (39), estudio familiar (62), confirmación de determinación previa positiva para Factor V Leiden (22), abortos (18), otras causas (15), no constando la justificación en diez de los estudios.

METODO:

Las muestras de sangre fueron obtenidas por venopunción y llevadas al laboratorio en tubo de citrato sódico 1:9 Se determinó la RCPA mediante método coagulativo basado en la determinación DRVVT del plasma incubado, con y sin proteína C activada añadida, y expresada en cociente. Esta determinación se realizó con la prueba ProC® Ac R de DADE BEHRING. Las muestras fueron congeladas a -24°C y posteriormente se realizó extracción de ácido desoxirribonucleico (ADN) genómico a partir de células nucleadas de sangre periférica, de forma automatizada en el analizador MagNa Pure Compact de ROCHE. Mediante PCR en fase líquida y tiempo real se determinó la presencia de Factor V Leiden, utilizando para ello el termociclador LihtCycler 2.0 de ROCHE. Los métodos estadísticos se realizaron a través del programa SPSS 18.0

RESULTADOS:

Los valores obtenidos del cociente RCPA entre 0,690 Y 5,567, con una mediana de 1,200 Se obtuvieron 53 resultados negativos, 102 resultados positivos heterocigotos 4 resultados positivos homocigotos para la mutación del Factor V Leiden. En 31 muestras se obtuvieron valores no calculables de la RCPA (tiempo máximo). Mediante curva ROC calculamos que el punto de corte que mejor determina las muestras a las que se debe someter a extracción de ADN y PCR para determinar la mutación del Factor V Leiden es de 1,3829 con una sensibilidad del 100% y una especificidad del 93 %; el poder discriminatorio de la prueba es de 98,6 % con un intervalo de confianza al 95% de 0,971 a 1,000

CONCLUSIONES:

Del estudio realizado deducimos que aquellas muestras con un valor de RCPA superior a 1,39 no precisan someterse a extracción de ADN para el estudio de Factor V Leiden, puesto que el resultado en nuestro laboratorio será negativo.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 099

LA DETECCIÓN DE FENOTIPOS DISPLÁSICOS EN PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE DE NUEVO DIAGNÓSTICO SE CORRELACIONA CON LA PRESENCIA DE MUTACIONES SOMÁTICAS ASOCIADAS A LOS SINDROMES MIELODISPLÁSICOS Y UNA MENOR SUPERVIVENCIA.

Autor/a/s: Sonia Gárate, Idoia Rodríguez, Noemi Puig, María-Teresa Cedena, Iria Vazquez, María-Carmen Chillón, Yanira Ruiz, Joaquín Martínez-López, Ramón García-Sanz, Marcos González, Xabier Agirre,

María-José Calasanz, Leire Burgos, Diego Alignani, Aintzane Zabaleta, Felipe Prosper, Sergio Matarraz, Alberto Orfao, Albert Oriol, Ana-Isabel Teruel, María-Asunción Echeveste, Raquel de Paz, Felipe de Arriba, Miguel T. Hernández, Gemma Azaceta, Rafael Martínez, María-Victoria Mateos, Joan Blade, Juan-José Lahuerta, Jesús F. San Miguel, Bruno Paiva.

Centro de trabajo: CENTRO DE INVESTIGACIÓN MÉDICA APLICADA

Localidad: PAMPLONA

Correo electrónico del primer firmante: sgarate@unav.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los pacientes con mieloma múltiple (MM) viven más tiempo debido a terapias cada vez más eficaces, pero nuevas complicaciones a largo plazo como el desarrollo de neoplasias secundarias se han convertido en un nuevo reto en el manejo de estos pacientes. Se ha demostrado que los síndromes mielodisplásicos (SMD) y la leucemia mieloide aguda (LMA) se encuentran entre las neoplasias secundarias más frecuentes. Sin embargo, es importante destacar que el riesgo incrementado de SMD/LMA también se ha observado en pacientes con gammapatía monoclonal de significado incierto (GMSI), lo que sugiere que ese riesgo aumentado de SMD/LMA puede estar relacionado no sólo con el tratamiento sino con una predisposición genética en GMSI/MM.

HIPÓTESIS Y OBJETIVOS:

La incidencia de SMD/LMA secundarios al MM hace necesaria la búsqueda de biomarcadores que permitan identificar pacientes a riesgo. Por ello, nos hemos planteado como objetivos :1) detectar la presencia de alteraciones fenotípicas asociadas a los SMD utilizando citometría de flujo multidimensional; 2) investigar la relación entre fenotipos displásicos y mutaciones somáticas subyacentes en esas células displásicas mediante secuenciación masiva dirigida a genes frecuentemente mutados en SMD/LMA, y 3) determinar el significado pronóstico de dichas alteraciones.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemos analizado en 312 pacientes con MM al diagnóstico, la presencia de las alteraciones fenotípicas en neutrófilos, monocitos y eritroblastos, utilizando dos combinaciones de 8 anticuerpos monoclonales (CD138, CD27, CD38, CD56, CD45, CD19, CD117, CD81; y HLADR, CD45, CD36, CD13, CD34, CD117, CD11b, CD71). Posteriormente, se llevó a cabo la secuenciación masiva de 54 genes (profundidad, $\geq 500x$) frecuentemente mutados en SMD/LMA en 45 de los 312 pacientes (14 con y 31 sin alteraciones fenotípicas). Esta secuenciación se realizó al diagnóstico y tras trasplante, en células madre hematopoyéticas CD34+ y en las líneas hematopoyéticas con fenotipos displásicos, así como, en células madre hematopoyéticas de pacientes sin alteraciones (grupo control). Al mismo tiempo, se secuenciaron células plasmáticas CD138+ de MO de ambas cohortes usando el mismo panel de genes.

RESULTADOS:

Los datos obtenidos por citometría de flujo revelaron que 33 de los 312 (11%) pacientes mostraban al diagnóstico alteraciones fenotípicas asociadas a SMD/LMA. Estas alteraciones se observaban con mayor frecuencia en neutrófilos (6%) seguido de las series monocítica (4%) y eritroide (4%). En cuatro casos se apreciaban alteraciones fenotípicas en múltiples líneas hematopoyéticas.

Ocho de los 14 casos con alteraciones fenotípicas tenían mutaciones somáticas. A modo de ejemplo, las células CD34+ de uno de los pacientes tenían 2 mutaciones en TET2, una en CALR y otra en ASXL1. Ninguna de estas mutaciones estaba presente en las líneas monocítica/eritroide displásicas. Un segundo paciente tenía NMP1 mutado en las células CD34+ que estaba ausente en los neutrófilos displásicos. Un tercer caso tenía TET2 mutado en las células CD34+, así como en monocitos y en neutrófilos displásicos. En otro paciente, se observó una mutación en BCORL1 en células eritroides displásicas. Un quinto paciente tenía TET2 mutado tanto en las células CD34+ como en los monocitos displásicos. En ninguno de los pacientes se han detectado en las células plasmáticas tumorales, las mutaciones encontradas en las células CD34+ y/o las líneas hematopoyéticas

displásicas. Además, tampoco detectábamos mutaciones somáticas en las células CD34+ de la cohorte control de 31 pacientes sin alteraciones fenotípicas asociadas a SMD/LMA.

Dado que el seguimiento de la presente serie de 312 casos era relativamente corto para investigar el significado pronóstico de las alteraciones encontradas, nos centramos en una serie de 965 pacientes con seguimiento más largo (media de 6.5 años) incluidos en los ensayos clínicos GEM y, para los cuales, la presencia de monocitos aberrantes CD56+ podría ser fácilmente investigada. Cabe destacar que esta alteración fenotípica se observó nuevamente con una frecuencia similar a la vista anteriormente (n = 63; 6,5%). Además, y en comparación con la población total de pacientes con MM, aquellos casos con esta alteración tenían significativamente mayor edad, valores de hemoglobina más bajos y una mayor infiltración de células plasmáticas tumorales al diagnóstico. Además, experimentaron con mayor frecuencia toxicidad hematológica, como anemia y neutropenia, durante el tratamiento. Más aún, los pacientes con esta alteración fenotípica tenían en comparación con la población general de MM una supervivencia libre de progresión (media de 24 frente a 37 meses; P=0.006) y una supervivencia global (media de 47 vs 73 meses; P=0.01) inferiores.

CONCLUSIÓN:

Nuestro estudio, basado en citometría de flujo y secuenciación masiva de nueva generación, demuestra por primera vez que la detección de fenotipos displásicos en un subgrupo de pacientes con MM se correlaciona con la presencia de mutaciones somáticas frecuentes en SMD/LMA. Más aún, estos pacientes sufren con mayor frecuencia toxicidad hematológica y tienen menor supervivencia. Por tanto, podríamos estar ante un nuevo biomarcador para ayudar a individualizar el tratamiento de estos pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 101

ALOINMUNIZACIÓN ERITROCITARIA EN PACIENTES POLITRANSFUNDIDOS EN EL HOSPITAL SANTA BARBARA (PUERTOLLANO)

Autor/a/s: GIL FERNANDEZ CONSUELO, GIJÓN MARCOS ANA BELÉN, CUBERO TRUJILLO ENCARNACIÓN, SANCHEZ GOMEZ ANTONIA, ROMO FERNANDEZ ELISA ISABEL, PONCE ADAN AGUSTINA, GARCIA FERNANDEZ GRACIA, GOMEZ LAJARA MARIA GEMA

Centro de trabajo: HOSPITAL SANTA BARBARA

Localidad: PUERTOLLANO

Correo electrónico del primer firmante: ccheloggil@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La formación de anticuerpos contra antígenos eritrocitarios constituye una complicación frecuente en pacientes politransfundidos o embarazadas. Siendo su identificación de gran importancia clínica ya que al realizar una transfusión sanguínea a pacientes con presencia de aloanticuerpos esta deberá carecer del antígeno encontrado.

OBJETIVO:

Establecer la prevalencia y especificidad de la aloinmunización eritrocitaria, en los receptores de necesidades transfusionales en pacientes del hospital Santa Bárbara durante el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizan retrospectivamente los resultados de todas las pruebas pretransfusionales realizadas durante el año 2016, incluyendo la determinación del grupo ABO Y Rh así como el escrutinio de anticuerpos irregulares, procediendo a una posterior identificación de posibles aloanticuerpos, mediante un panel de 11 células en caso de anticuerpos irregulares positivos, realizado mediante prueba de antiglobulina indirecta. Teniendo en cuenta la edad, el sexo, las unidades transfundidas anteriormente y el aloanticuerpo implicado.

El análisis de las muestras como su posterior identificación se llevó a cabo en tarjetas de DiaMed y la utilización del panel de 11 células.

La técnica utilizada es DiaCidel para elución ácida de anticuerpos anti-eritrocitarios. Utilizando DiaCidel solución de lavado con tampón de glicina Na-Cl, Diacidel solución de elución con tampón de glicina de PH bajo, DiaCidel solución tampón Tris de albúmina bovina (1.2%) y muestras de hematies EDTA.

RESULTADOS:

Se realizaron 1062 pruebas pretransfusionales a 1725 pacientes. De los cuales 34 presentaron un resultado positivo por primera vez; de los cuales 14 (8 mujeres y 6 hombres) fueron transfundidos con anterioridad, identificándose los siguientes aloanticuerpos: sistema Rh (71%): 10 Anti-E, sistema Kell (28%): 4 Anti-K, sistema Kidd (7%): 1 Anti-Jka, sistema MNS (14%): 2 Anti-S, sistema Lutheran (7%): 1 anti-Lua, sistema Rh (14%): 2 Anti-c, sistema Kidd (7%): 1 Anti-Jkb.

Encontramos asociación de anticuerpos en un paciente Anti-E+Anti-c, un paciente Anti-E+Anti-s y un paciente Anti-E+Anti-Jkb+Anti-s.

CONCLUSIONES:

1. Los anticuerpos más prevalentes se corresponden al sistema Rh, siendo por orden de frecuencia Anti-E
2. La presencia de aloanticuerpos en nuestro centro es de 1.31%.
3. En nuestro caso la presencia de aloanticuerpos fue mayor en las mujeres al compararlas con los hombres.
4. Es necesario realizar fenotipo extendido en aquellos pacientes que necesiten múltiples transfusiones.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 102

QUE PAPEL JUEGAN LOS MACROFAGOS EN MIELOMA MÚLTIPLE: ¿TUMORICIDA O QUIMIOPROTECTOR?

Autor/a/s: Idoia Rodriguez, Sonia Garate, Aintzane Zabaleta, Paula Arana, Marta Lasa, Patricia Maiso, Diego Alignani, Tomas Jelinek, Victor Segura, Wouter van den Bossche, Cristina Teodosio, Daniela Damasceno, Paula Rodriguez-Otero, Felipe Prosper, Maria-Victoria Mateos, Juan-Jose Lahuerta, Joan Blade, Jacques JM Van Dongen, Jesus F. San Miguel, Alberto Orfao, Bruno Paiva

Centro de trabajo: CENTRO DE INVESTIGACION MEDICA APLICADA

Localidad: PAMPLONA

Correo electrónico del primer firmante: irodriguezse@unav.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La incorporación de la inmunoterapia en el algoritmo terapéutico del mieloma múltiple (MM) requiere un conocimiento profundo de las células inmunitarias con el fin de individualizar el tratamiento de los pacientes en función de su perfil inmunológico. Estudios recientes sugieren un aumento porcentual significativo de macrófagos en el micro ambiente tumoral del MM (macrófagos asociados al tumor; MAT) donde podrían contribuir al crecimiento celular y quimiorresistencia de células tumorales. Sin embargo, creemos que el mecanismo de acción así como el coste muy elevado de las nuevas inmunoterapias justifica un análisis más detallado de los MAT puesto que en estudios previos no se ha determinado

OBJETIVOS:

- 1-Determinar la capacidad de los MAT para inducir quimiorresistencia en combinación con el efecto del estroma medular.
- 2-Characterizar su función quimio protectora frente anticuerpos monoclonales (mAc) que inducen fagocitosis
- 3-Determinar el porcentaje de la distintas subpoblaciones de MAT mediante citometría de flujo usando nuevos marcadores con el objetivo de obtener una mejor estratificación de los pacientes.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el presente trabajo, hemos empezado por diferenciar monocitos humanos a macrófagos tipo M2 (fenotípicamente similares a los MAT en MM) con M-CSF durante 7 días. Posteriormente se investigó su papel en la quimiorresistencia del MM ante distintos fármacos como los anticuerpos anti-CD38 Daratumumab e Isatuximab y en presencia y ausencia de estroma medular de pacientes con MM.

Posteriormente, mediante el empleo de citometría de flujo (CMF) multidimensional y con paneles optimizados de 8 marcadores, fuimos capaces de identificar y definir hasta 7 estadios de maduración distintos dentro del compartimento monocito/macrófago en médula ósea (MO): tres estadios de monoblastos (CD117+ HLA-DR+ CD64+ CD14- CD36-, CD117lo/- HLA-DR+ CD64+ CD14- CD36- y CD117- HLA-DR+ CD64+ CD14- CD36+), promonocitos (HLA-DR+ CD300e- CD14+ CD36+), monocitos clásicos (HLA-DR+ CD300e+ CD14+, CD16-) e intermedios (HLA-DR+ CD300e+ CD14lo CD16lo CD36++), y tres nuevas subpoblaciones de macrófagos identificados, entre otros, en base a la expresión de SLAN (HLA-DR+ CD300e+ CD14l-/lo CD16+ CD36+ SLAN-, HLA-DR+ CD300e+ CD14- CD16+ CD36- SLAN-, y HLA-DR+ CD300e+ CD14- CD16+ CD36- SLAN+). A continuación, se compararon los compartimentos monocito/macrófago de donantes sanos (n = 15) y pacientes con MM de nuevo diagnóstico (n = 30) con el fin de averiguar si realmente existe un aumento de MAT tal como está descrito en la literatura

RESULTADOS:

Los estudios de quimioresistencia mostraron que en cocultivo de M2 con el estroma medular, los macrófagos M2 solos no fueron capaces de proteger a las células mielomatosas (RPMI-8226 y MM1S) frente al tratamiento con bortezomib o dexametasona. Además, pese a que los macrófagos M2 mostraron una tendencia a aumentar el crecimiento de las células mielomatosas con respecto al control basal (fold-change de 2.4, P = 0,06), esta diferencia se hizo irrelevante tras añadir estroma medular en el cultivo (fold-change de 1.1, P = 52). Sorprendentemente, los macrófagos tampoco jugaban un papel quimio protector o tumoricida cuando las células mielomatosas eran tratadas con anticuerpos monoclonales anti-CD38 (Daratumumab e Isatuximab).

El análisis por citometría de flujo mostró un incremento de la población monocítica en los pacientes con MM con respecto a lo observado en donantes sanos, aunque la distribución de las diferentes subpoblaciones fue idéntica en ambos grupos. Los pacientes con MM también experimentaron un incremento en el número de monocitos intermedios pero no de macrófagos, cuyo porcentaje resultó ser idéntico en ambos grupos. Sin embargo, mediante el análisis de alta resolución posible con CMF multidimensional, hemos observado que los pacientes con MM tenían una distribución alterada de las diferentes subpoblaciones de macrófagos, y se caracterizaban por una mayor acumulación de MAT SLAN-. Estudios de expresión génica en subpoblaciones de macrófagos SLAN- vs SLAN+ purificadas mediante CMF ponían de manifiesto que los MAT SLAN- tenían una firma molecular compatible con un papel inmunosupresor. También se determinó el efecto del tratamiento sobre la distribución de las diferentes subpoblaciones de MATs en muestras longitudinales de 10 pacientes recogidas al diagnóstico, tras inducción con bortezomib, lenalidomida y dexametasona, y tras autotrasplante. Sorprendentemente, la distribución de los MAT permaneció inalterada tras inducción, mientras que el autotrasplante produjo un cambio significativo caracterizado por una mayor acumulación de MAT SLAN- inmunosupresores (P = .08), a expensas de un descenso en el número de MAT SLAN+ e inmunostimuladores (P = 0,01). Además, los pacientes quimioresistentes con enfermedad mínima residual (EMR) tras autotrasplante (n = 7/10) mostraron un incremento de 2 veces en el número de MAT SLAN- inmunosupresores con respecto a lo observado en pacientes sin EMR.

CONCLUSIONES:

Este trabajo aporta nuevas luces sobre el papel de los MAT en MM. Nuestros resultados sugieren que los MAT, en un sistema fiel al micro ambiente tumoral del MM con presencia de estroma medular, no inducen un crecimiento tumoral significativo y no protegen las células mielomatosas de la acción de fármacos clásicos. Tampoco se ha observado inducción de fagocitosis tras tratamiento con anticuerpos monoclonales anti-CD38. Hemos demostrado que, al contrario de lo que se había descrito, no existe un aumento significativo de MAT en el micro ambiente tumoral del MM. Sin embargo, mediante CMF multidimensional identificamos nuevas subpoblaciones de MAT con papeles inmunosupresor (SLAN-) e inmunostimulador (SLAN+). Los pacientes recién diagnosticados poseen una mayor frecuencia de

MAT inmunosupresores que aumentan aún más tras autotrasplante. Por lo tanto, una mejor monitorización de los MAT podría ayudar en la identificación de pacientes menos susceptibles de beneficiarse de nuevas inmunoterapias debido a un microambiente tumoral inmunosupresor.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 103

CORRELACIÓN ENTRE LOS RESULTADOS DE LA TÉCNICA APCR (DIAGNÓSTICO STAGO) Y FACTOR V LEIDEN

Autor/a/s: Quesada García, María Josefa; Miranda Alfaro, Gloria; Hernández Asensio, Pilar

Centro de trabajo: Hospital Santa Bárbara

Localidad: Soria

Correo electrónico del primer firmante: mjosequesada58@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La PC activada contribuye en la regulación de la coagulación, inactivando el factor Va, y actuando así como anticoagulante natural. Si una persona presenta resistencia a la proteína C activada (RPCa) es posible que exista mayor riesgo de trombosis. En alrededor de un 95% de los individuos con RPCa, la causa radica en una mutación del factor V tipo Factor V Leiden. Si realmente existe resistencia a la RPCa, entonces se procede al estudio de la mutación del gen del Factor V Leiden, tanto para confirmar el diagnóstico como para determinar si el paciente es homocigótico o heterocigótico para dicha mutación, identificable por medio de técnicas de biología molecular. La prueba de la RPCa permite realizar un cribado más rápido y económico de la mutación del Factor V.

OBJETIVOS:

El objetivo principal de este trabajo es analizar la incidencia del Factor V Leiden en estudios de trombofilia y evaluar la correlación entre la determinación de la Resistencia de la Proteína C Activada por métodos coagulométricos y la presencia de la mutación del Factor V Leiden por métodos moleculares.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La determinación de la RPCa se lleva a cabo por PCR a partir de una muestra de sangre que emplea EDTA como anticoagulante mientras que la de la RPCa se realiza por técnica coagulométrica a partir de una muestra que emplea citrato como anticoagulante

RESULTADOS.

Se han estudiado 318 casos: De ellos 281 casos son negativos y 37 casos positivos para la RPCa. Se considera como punto de corte de la prueba de la RPCa un valor de 1,95 (siendo positivo por debajo de este valor). Se ha estudiado la correlación entre la positividad o negatividad de la RPCa con el criterio mencionado y la prueba por PCR para factor V Leiden

La tabla con los resultados obtenidos es la siguiente:

TABLA GENERAL DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS (Hasta el año 2016)						
Resultado	RPCa	Anticoagulado	Detalle de los resultados:	Factor V Leiden	Anticoagulado	Detalle de los resultados:
Negativo	281	TAO No	188	281	TAO No	188
		TAO SI	93		TAO SI	93
Positivo	37	TAO No	22	37	TAO No	22
		TAO SI	15		TAO SI	15
TOTAL	318	TAO No	210	318	TAO No	210
		TAO SI	108		TAO SI	108

CONCLUSIONES:

La correlación entre los dos Laboratorios, el del Hospital Santa Bárbara de Soria y el Laboratorio de Referencia, es total, del 100 % de los casos.

En pacientes anticoagulados el valor de la técnica de RPCa es similar al valor de los no anticoagulados, por lo que esta técnica puede emplearse con igual valor diagnóstico en estos últimos pacientes

INCIDENCIAS PREANALÍTICAS DETECTADAS EN LOS ESTUDIOS BÁSICOS DE HEMOSTASIA DEL LABORATORIO DE URGENCIAS DE NUESTRO HOSPITAL

Autor/a/s: Araceli Espinosa Espinosa, Milagros Rivero Martín-Bejarano, Eva María Portillo Jurado, Carmen de los Reyes Cuevas, Marta Rico Rodríguez.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: areses1@gmail.com

RESUMEN:

Clásicamente, la fase analítica ha sido siempre la más controlada ya que en ésta se producen una gran parte de los errores del proceso. Sin embargo, en la actualidad con la mejora tecnológica, la fase preanalítica ha demostrado ser la mayor fuente de errores en el laboratorio, por lo que los procesos de mejora se centran fundamentalmente en la utilización de acciones preventivas y correctivas.

Las muestras de sangre para los estudios de hemostasia deben ser obtenidas de tal manera que se preserve la integridad de todos los factores plasmáticos de la coagulación. El delicado sistema de coagulación se compone de enzimas que son fácilmente activadas o desnaturalizadas.

OBJETIVOS:

Determinar la frecuencia de errores preanalíticos detectados por la recepción de muestras inadecuadas de hemostasia en la sección de urgencia del laboratorio de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para este estudio se registraron entre los meses de diciembre de 2016 y enero de 2017 todas las peticiones en las que se les solicitaba coagulación y que fueron rechazadas para el procesamiento por parte del personal de la sección de urgencias del laboratorio del hospital por llegar en condiciones inadecuadas.

Se definió como error preanalítico cualquier defecto en el proceso de análisis, desde la petición clínica hasta la recepción y clasificación en el departamento de urgencia del laboratorio para ser analizada.

En el laboratorio se considera que una muestra se encuentra en condiciones inadecuadas cuando se presenta algunas de las siguientes situaciones: muestra coagulada, hemolizada, con volumen inadecuado, recipiente inadecuado, mala o nula identificación y ausencia de muestra.

Se realizó un análisis descriptivo de la frecuencia global de errores preanalíticos registrados en dichas muestras de coagulación (CITRATO) y su distribución por servicios solicitantes.

RESULTADOS:

Dentro del periodo de observación llegaron al laboratorio de urgencias de nuestro hospital un total de 10.212 muestras de coagulación para su procesamiento, de las cuales 319 (3%) fueron consideradas como errores preanalíticos.

La causa más común de rechazos fueron: muestras insuficientes, muestra coagulada, no muestra y muestra inadecuada.

En el análisis por servicios, según el porcentaje de muestras rechazadas sobre el total de muestras remitidas destacan los servicios de: Neonatología (43%), Dermatología (40%), Alergia (10%), Rehabilitación (8%), Endocrino (5%), Ginecología (5%) y Pediatría (5%).

Los tipos de errores preanalíticos en los servicios con más frecuencia de errores se distribuyen de la siguiente forma:

Tipo de error preanalítico	Frecuencia	Porcentaje
Muestra insuficiente	10	37%
Muestra coagulada	3	11%
No muestra	13	48%
Muestra inadecuada	1	4%
Total	27	100%

CONCLUSIONES:

Se encontró que la frecuencia en la fase preanalítica de estos especímenes en nuestro laboratorio fue de un 3%, siendo un poco superior a lo reportado en la literatura (1%).

Es de vital importancia hacer una flebotomía adecuada, con un llenado correcto de los tubos (enrasado) ya que sino la dilución de la muestra con el anticoagulante (citrato) es superior a la recomendada y por tanto, se pueden originar resultados falsamente positivos (alteración de la coagulación), así como el homogeneizado de la muestra y el tiempo hasta su análisis (consumo de factores de coagulación).

Para garantizar las condiciones de calidad en la fase preanalítica es necesario capacitar continuamente al personal médico, de enfermería y auxiliar, especialmente en las áreas críticas (UCI, neonatología, pediatría, etc), debido a que ellos juegan un papel muy importante en la calidad de los resultados analíticos.

INCIDENCIAS PREANALÍTICAS DETECTADAS EN LA HEMATIMETRÍA DEL LABORATORIO DE URGENCIAS DE NUESTRO HOSPITAL

Autor/a/s: Eva María Portillo Jurado, Araceli Espinosa Espinosa, Milagros Rivero Martín-Bejarano, Carmen de los Reyes Cuevas, Marta Rico Rodríguez, Mercedes Calero Ruíz.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: porti_eva@hotmail.com

RESUMEN:

La gestión de calidad en el laboratorio clínico implica el control del proceso en su totalidad, incluyendo las fases preanalíticas, analíticas y postanalíticas. La fase preanalítica se corresponde con todos los pasos consecutivos que se deben seguir desde la solicitud del examen, por parte del clínico, preparación del paciente, toma de muestra, transporte y termina cuando se inicia el proceso analítico.

La fase analítica se refiere el análisis de la muestra y la fase postanalítica a la revisión y valoración del resultado.

Clásicamente, la fase analítica ha sido la que más se ha controlado, no obstante varios estudios apuntan que la fase preanalítica es en la que más errores se presentan.

OBJETIVOS:

Determinar la frecuencia de errores preanalíticos ocasionados por la recepción de muestras inadecuadas de hematimetría en la sección de urgencia del laboratorio de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para este estudio se registraron durante diciembre de 2016 y enero de 2017 todas las peticiones a las que se les solicitaba hemograma y que fueron rechazadas para procesamiento por el personal de la sección de urgencia del laboratorio del hospital por llegar en condiciones inadecuadas.

Se definió como error preanalítico cualquier defecto en el proceso de análisis, desde la petición clínica hasta la recepción y clasificación en el departamento de urgencia del laboratorio para ser analizada.

En el laboratorio se considera que una muestra se encuentra en condiciones inadecuadas cuando se presenta algunas de las siguientes situaciones: muestra coagulada, hemolizada, con volumen inadecuado, recipiente inadecuado, mala o nula identificación y ausencia de muestra.

Se realizó un análisis descriptivo de la frecuencia global de errores preanalíticos registrados en dichas muestras de hemograma (EDTAs) y su distribución por servicios solicitantes.

RESULTADOS:

Dentro del periodo de observación llegaron al laboratorio de urgencias de nuestro hospital un total de 16166 muestras de hemograma para su procesamiento, de las cuales 180 (1,11%) fueron consideradas como errores preanalíticos.

La causa más común de rechazos fueron: muestra insuficiente, muestra coagulada, no muestra y muestra inadecuada.

En el análisis por servicios, según el porcentaje de muestras rechazadas sobre el total de muestras remitidas, destacan Neonatología (15%), UCI pediátrica (5,2%), Ginecología (4,5%), Rehabilitación (4%) y Pediatría (3,5%). En el resto de los servicios se observaron entre 0-3% de muestras erróneas.

CONCLUSIONES:

La mayor frecuencia de errores preanalíticos se observa en servicios donde la extracción de muestras es más dificultosa, como ocurre en las áreas de pediatría con extracciones accidentadas, muestras insuficientes y coaguladas, etc.

En el hospital cada enfermero se puede considerar un punto de extracción móvil, con formación, experiencia y hábitos diferentes, por esta razón nos planteamos la necesidad de realización de un curso para homogeneizar criterios y evitar en la manera de lo posible estos errores preanalíticos, que ocasionan malestar entre los usuarios de la sanidad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 136

¿CÓMO MANEJAMOS A LOS PACIENTES CON DARATUMUMAB A NIVEL TRANSFUSIONAL?

Autor/a/s: Pacheco Pena, Patricia; Varela Canoura, Patricia; Vilariño López, M^a Dolores; Campos Pena, Alfredo; Villamayor Álvarez, Mercedes

Centro de trabajo: Hospital Clínico Univesitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: pachecafoz@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Durante los últimos años se han aprobado múltiples tratamientos nuevos para el mieloma múltiple (MM)), entre ellos el Daratumumab que es un anticuerpo monoclonal de origen humano IgG1 kappa que se une específicamente con el CD38, expresado de forma fuerte en las células plasmáticas, y de forma más débil en otras células del organismo.

Sin embargo, interfiere con las pruebas pretransfusionales, observándose que el plasma/suero de los pacientes a tratamiento con Daratumumab induce una panaglutinación en el screening de anticuerpos irregulares (EAI) y en las pruebas cruzadas, que es debida a que éste se une al CD38 expresado en los hematíes. En estos casos, de cara a la actitud transfusional, es importante diferenciar si la panaglutinación es por la interacción del Daratumumab con los hematíes del EAI y unidades a transfundir o estamos ante un aloanticuerpo.

OBJETIVO:

Descripción de los estudios inmunohematológicos pretransfusionales de los pacientes tratados con Daratumumab.

Desde el 01/07/16 hasta el 15/02/17 en nuestro hospital se han tratado con Daratumumab 3 pacientes con MM refractario o recaída tras varias líneas de tratamiento y con progresión de la enfermedad en el último tratamiento.

Todos ellos requirieron soporte transfusional a las pocas semanas de comenzar con Daratumumab.

En las pruebas pretransfusionales se observa panaglutinación en el EAI y pruebas cruzadas pero con test de Coombs (TAD) negativo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para poder poner en evidencia un aloanticuerpo enmascarado por la panaglutinación debida al Daratumumab se tratan los hematíes de los EAI y de las unidades a transfundir con ditiotreitól (DTT) que es un agente capaz de alterar la estructura terciaria de las proteínas, impidiendo que los antígenos proteicos fijen anticuerpos específicos.

Se repiten el EAI y la prueba cruzada con los hematíes tratados con DTT observándose negativización de los mismos.

RESULTADOS:

Se descarta la presencia de aloanticuerpo enmascarado por panaglutinación inducida por la unión del Daratumumab al CD38 de los hematíes del EAI y de las unidades a transfundir.

CONCLUSIONES:

Ante un paciente a tratamiento con Daratumumab que requiere soporte transfusional debemos: 1. Antes de empezar con Daratumumab, se debe realizar grupo ABO/Rh(D), fenotipo extendido y EAI para descartar aloanticuerpos previos al tratamiento. 2. De acuerdo con lo descrito en la literatura, usaremos DTT para eliminar la interferencia del Daratumumab en las pruebas pretransfusionales. 3. Transfundir unidades Kell negativas dado que DTT degrada los antígenos del sistema Kell y otros más infrecuentes (Yta, Do(a), &). 4. Es recomendable que todo paciente con Daratumumab lleve tarjeta identificativa para facilitar su cuidado y la enseñen siempre que precisen atención médica s/t transfusión.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 139

ESTUDIO DE MACROCITOSIS: IMPORTANCIA DEL LABORATORIO DE URGENCIAS EN LA VALORACIÓN DE UN PARÁMETRO INFRAVALORADO

Autor/a/s: Ana María González Montes, Cristina Bosch Garvia, Noelia Valentín Sánchez, Joaquín Blanco García, Inmaculada Rodríguez Rodríguez, Miriam Escolante Cruz, Raquel Tello Sánchez

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Salud

Localidad: Toledo

Correo electrónico del primer firmante: sofiana1427gm@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La macrocitosis se define como el aumento del volumen corpuscular medio (VCM) de los hematíes superior a 100 femtolitros (fL), asociado o no a anemia, definida como la presencia de concentraciones de hemoglobina < de 12 mg/dL en mujeres y < 13 mg/dL en varones.

Se considera que esta alteración se detecta en aproximadamente el 2-6% de la población, fundamentalmente en ancianos. Hasta un 60% de los casos no llega a asociarse a anemia.

La etiología de macrocitosis puede dividirse en dos grupos: las megaloblásticas, secundarias a un defecto en la síntesis de ADN, por un déficit de vitamina B12 y/o ácido fólico o, por exposición a determinados fármacos, y las no megaloblásticas, relacionadas, fundamentalmente, con causas variadas como hepatopatía, síndrome mielodisplásico, consumo de alcohol, hipotiroidismo, VIH, reticulocitosis, entre otras.

OBJETIVO:

Determinar las causas de macrocitosis leve/moderada (VCM > 100-129 fL) sin anemia versus macrocitosis extrema (VCM ≥ 130 fL) en pacientes atendidos en el Servicio de Urgencias de nuestro Hospital, intentado demostrar la importancia de realizar un análisis exhaustivo de todos los parámetros del hemograma para una correcta orientación diagnóstica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio prospectivo de los estudios hematimétricos realizados en pacientes del Servicio de Urgencias durante un periodo comprendido de enero a junio de 2016 (6 meses). Además del hemograma, fueron revisados los resultados de otras pruebas de laboratorio, con el fin de llegar al diagnóstico clínico del paciente (perfil hepático, perfil tiroideo, glucosa y hemoglobina glicosilada, perfil férrico, ácido fólico y vitamina B12, fundamentalmente). Se clasificaron los pacientes en grupo 1: pacientes con macrocitosis no extrema sin anemia y grupo 2: pacientes con macrocitosis extrema independientemente de la presencia o ausencia de anemia.

Analizador y reactivos: Los parámetros hematimétricos necesarios para la clasificación de los pacientes se realizaron en el contador hematológico Coulter® serie LH 700 de Beckman-Coulter, emplean-

do los reactivos correspondientes. Microscopio Nikon® E-200 para estudio de frotis de sangre periférica.

Muestra: Sangre total y suero. Las muestras de sangre fueron recogidas en tubos de 5 ml con EDTA-K3 y las muestras séricas en tubos de plástico de 10 ml siliconado.

RESULTADOS:

Del total de muestras recibidas en el periodo a estudio (81.540 hemogramas), el 2,6% de las muestras (2160 hemogramas) presentaban un VCM superior a 100 fl, con una macrocitosis extrema (≥ 130 fl) presente en el 0,66% de las muestras (14 hemogramas).

En el grupo 1 de pacientes (2146), destaca de mayor a menor frecuencia la afectación hepática, la diabetes mellitus (DM) y el déficit de ácido fólico y/o vitamina B12. En el grupo de extrema macrocitosis o grupo 2 (14) destacan los pacientes oncológicos/hematológicos y la concomitancia de diferentes causas como el déficit de ácido fólico y vitamina B12, desnutrición, alcoholismo, afectación hepática (infección y cirrosis), intoxicación farmacológica e hipotiroidismo, provocando grave afectación del VCM pluripatológica.

CONCLUSIONES:

Nuestro estudio demuestra que, en los pacientes atendidos en el Servicio de Urgencias, la hepatopatía es la etiopatogenia más frecuente de macrocitosis moderada sin anemia, observando como esta afectación se asocia en una alta tasa de pacientes con DM, patología tiroidea (fundamentalmente hipotiroidismo autoinmune) y déficit ácido fólico y/o vitamina B12 (gastritis crónica atrófica y anemia perniciosa con presencia de anticuerpos anti-células parietales y/o anti-factor intrínseco). Los pacientes con macrocitosis extrema, se observan, fundamentalmente, en pacientes hematológicos en tratamiento, así como en pacientes pluripatológicos (asociación de patologías con macrocitosis tanto moderadas como extremas) que con gran frecuencia presentan déficit de vitamina B12 y/o ácido fólico. Por otra parte, debemos hacer hincapié, en la importancia de una adecuada protocolización del estudio hematimétrico, siendo muy importante un análisis cuidadoso de todos los parámetros del hemograma, que permitan un correcto diagnóstico de patologías graves, frecuentes y tratables, así como del papel relevante que debe asumir el Técnico Especialista de Laboratorio en el diagnóstico y detección de estos pacientes, que, en muchas ocasiones pueden pasar desapercibidos por una incorrecta valoración de parámetros del hemograma por la alta demanda y presión asistencial.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 142

ESTUDIO DE ENFERMEDAD MÍNIMA RESIDUAL DE ALTA SENSIBILIDAD POR CITOMETRÍA DE FLUJO

Autor/a/s: Amalia Martínez Iopez, Jose Angel Diaz Arias, Carmen Font Gonzalo

Centro de trabajo: (CHUS)

Localidad: Santiago de compostela

Correo electrónico primer firmante: amaliarmartinezlopez2009@gmail.com

RESUMEN:

ESTUDIO DE ENFERMEDAD MÍNIMA RESIDUAL DE ALTA SENSIBILIDAD POR CITOMETRÍA DE FLUJO

INTRODUCCIÓN:

La citometría de flujo es un método analítico basado en la utilización de luz láser para recuento y valoración morfológica y de expresión proteica.

El estudio inmunofenotípico mediante citometría de flujo se emplea en la actualidad para diagnóstico y seguimiento de las enfermedades hematológicas, sobre todo neoplásicas. El estudio de enfermedad mínima residual es utilizado para valoración pronóstica en cuando a respuesta al tratamiento, al ser capaz de detectar pequeñas cantidades de células patológicas que podrían predecir una recaída.

Recientemente se han publicado nuevas metodologías para aumentar la sensibilidad de la técnica de EMR, mediante adquisición de millones de eventos.

OBJETIVOS:

Describir nuestra experiencia con la técnica de alta sensibilidad, con el ánimo de optimizar el proceso y conseguir la menor pérdida celular posible.

MATERIAL Y MÉTODOS:

De muestras de médula ósea remitidas en EDTA (8 en total), se ha procedido al conteo celular previo al proceso y posteriormente para valorar la pérdida celular durante el proceso.

Un máximo de 2 ml de muestra, con un conteo total de células de 10 millones, se depositan en un tubo falcon de 50 ml, junto con solución lisante de cloruro de amonio. Tras agitación en roller durante 15 minutos para facilitar el lisado, se procede a centrifugado a 800g durante 10 min. El sobrenadante es retirado (pipeta Pasteur/vacío) resuspendiendo el botón células en PBS.

Se procede a una nueva centrifugación (800 g durante 5 minutos) y de nuevo eliminamos sobrenadante, y resuspendemos en 2 ml de PBS, transfiriendo a un tubo falcon de 5ml.

Nueva centrifugación, en este caso del tubo falcon de 5 ml, a 540g por 5 minutos, eliminando sobrenadante hasta dejar resto de 300 ul.

En este momento realizamos conteo, ya que el procedimiento requeriría ajustar concentración celular a 100.000 células por microlitro

Durante nuestra experiencia inicial con esta técnica (Bulk lisis), hemos apreciado una gran pérdida celular durante el proceso de múltiples centrifugaciones/lavados, obteniendo un recuento celular inferior al teóricamente esperado de un 50-60%.

CONCLUSIONES:

Dada el objetivo de la técnica de obtener gran cantidad celular, y nuestra experiencia con la misma, podemos decir que en nuestro caso, no hemos conseguido el objetivo celular esperado, fundamentalmente por dos probables factores, la gran pérdida celular y la escasez de la muestra inicial.

Dado la pérdida celular apreciada en los lavados, recomendamos que la retirada del sobrenadante se realice con extrema cautela, para minimizar este hecho, así como en la medida de lo posible que la muestra extraída sea de mayor calidad (tanto en cuantía como en celularidad)

Se requiere cierto grado de experiencia hasta optimizar el procedimiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 180

ERROR EN LA TOMA DE MUESTRA COMO INCIDENCIA ANALÍTICA MÁS FRECUENTE EN LA DETERMINACIÓN DE LA VELOCIDAD DE SEDIMENTACIÓN GLOBULAR

Autor/a/s: López Montero, María Estibaliz; Moriana Alcaide, María del Rocío; Consuegra del Pozo, Rafael Carlos.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: alchares@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La velocidad de sedimentación globular es una determinación analítica inespecífica solicitada en casos clínicos de muy diversa índole, siendo las infecciones, los cánceres y las enfermedades autoinmunes, los más habituales. Esta técnica consiste en cuantificar la velocidad con la que sedimentan los hematíes de la sangre. Valores elevados pueden deberse, entre otros factores, a anemias intensas, procesos inflamatorios o neoplasias. Resulta especialmente útil en el diagnóstico de artritis, vasculitis y polimialgia reumática. El objetivo de este estudio fue determinar las incidencias analíticas en la determinación de la velocidad de sedimentación globular en el laboratorio de bioquímica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron un total de 18.231 muestras de sangre a lo largo de un trimestre, registrando las incidencias analíticas de cada una de ellas. La recolección de muestras de sangre se realizó en tubos BD seditainer, con citrato como anticoagulante. Las muestras se procesaron en un instrumento BD SD-15. La técnica de detección se basa en el método de Westergren. En este método, se extraen entre 1 y 2 mL de sangre venosa, con la que se carga una pipeta de Westergren y se cronometra una hora, cuantificando la sedimentación eritrocitaria mediante fotometría. El resultado se expresa en mm/hora. El sistema determina la distancia recorrida entre el nivel 0 y la interfaz plasma-células.

RESULTADOS:

Del total de muestras analizadas, encontramos que 1573 (8,6%) presentaron algún tipo de incidencia analítica. Dentro de las incidencias, la más frecuente fue la de muestra insuficiente (73,6%), seguida de muestra coagulada (17,8%) y mal etiquetada (7%). Encontramos 26 (1,7%) tubos vacíos.

CONCLUSIONES:

A pesar de que la determinación de la velocidad de sedimentación globular presenta un bajo porcentaje de incidencias pre-analíticas, sería necesario disminuir al máximo dichas incidencias, especialmente poniendo atención en lo que se refiere a la extracción de sangre, respetando el nivel de llenado del tubo, sin que nunca sobrepase los 1,8 mL establecidos por el sistema utilizado en el laboratorio. Igualmente es necesario realizar una buena homogeneización de la muestra recolectada con el anticoagulante, para evitar la coagulación de la misma. Además, un sistema informatizado de etiquetado permitiría evitar los errores debidos a la identificación de muestras.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 192

INCIDENCIA DE POSITIVIDAD DE DIMERO D

Autor/a/s: Ortega Perea Capilla, Montenegro Corredera Antonia, Martínez Balbín Elena, García Guzman Francisca, Díaz Muñoz María Dolores, Figueroba García María del Rosario, Gallardo Godoy Antonia, Martínez Palacios Gregorio, Gonzalez Gallardo Ana.

Centro de trabajo: Hospita Universitario San Agustin

Localidad: Linares

Correo electrónico del primer firmante: copera@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Fue descrito en la década de los 70 y su aplicación diagnóstica en la década de los 90, es el producto de la degradación de la fibrina presente en el trombo, que se genera cuando ésta es proteolizada por la plasmina de modo que la concentración plasmática del Dímero D se encuentra elevada cuando hay un coágulo activo (Tromboembolismo pulmonar ó TEP, Trombosis Venosa Profunda ó TVP, Enfermedad Intravascular Diseminada, Infarto de Miocardio, Neoplasia Diseminada).

OBJETIVOS:

Realizar un estudio del Dímero D en el periodo de tres meses (Octubre, Noviembre y Diciembre de 2016), revisar las propiedades diagnósticas de en el Tromboembolismo Pulmonar (TEP) y Trombosis Venosa Profunda (TVP) tanto como su incidencia y positividad en este periodo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

1-Plasma Citrato (tubo de tapón azul)

2-Analizador ACL TOP 500 CTS de acceso aleatorio par 80 muestras y con capacidad de perforación de tubos.

3-Reactivo HemosIL D-Dimer HS500: Inmunoensayo de partículas de latex automatizado en el sistema ACL-TOP

4-Tampón de reacción.

- Principio turbidimétrico para la detección del coágulo.

- Absorción de la luz por parte de las hebras de fibrina durante el proceso de conversión del fibrinógeno a fibrina.

- Longitud de onda 671 nm.

- Detección a 180°.

La absorción de la luz aumenta a medida que progresa la formación del coágulo de fibrina, en consecuencia la transmitancia luminosa a través de la muestra disminuye de forma continua y queda registrada por el fotodetector.

RESULTADOS:

En Octubre: 143 muestras con Dímero D realizadas, 71 (49,6%) son > de 500 microgramos/litro

En Noviembre: 126 muestras con Dímero D 67 (53,1%) > de 500mcgr/l

En Diciembre: 119 muestras con Dímero D 85 (71,4%) > de 500mcgr/l

CONCLUSIONES:

La consideración de la positividad del resultado > de 500 microgramos/litro nos indica un posible diagnóstico de tromboembolismo Pulmonar y trombosis venosa profunda.

Nuestro estudio basado en el resultado por encima de los valores normales (< de 500), en 223 (57,47%) fueron positivas (> de 500). La incidencia es considerable y deberán ir acompañadas de otras pruebas para su diagnóstico definitivo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 219

ESTUDIO DEL TIEMPO DE PROTROMBINA Y DEL TIEMPO PARCIAL DE TROMBOPLASTINA ACTIVADO EN DOS TUBOS CON DIFERENTE CONCENTRACION DE CITRATO

Autor/a/s: María Chantal Rivas, Sandra Sanchez Ramos, Elena Hernandez Alvarez, María Teresa Sanz Casla, María Angeles Cuadrado Cenzual.

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO SAN CARLOS

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: maria_hortaleza90@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En la sección de Hematología del Servicio de Análisis Clínicos del hospital Clínico San Carlos se realizan a diario las pruebas de coagulación de rutina (tiempo de tromboplastina parcial activado y tiempo de protrombina) utilizando un tubo con una concentración de citrato de 0,129 mM (3,8%), que es la más usada en España.

Entre un 4-8% de pacientes presentan alargamientos inespecíficos en la determinación de tiempo de tromboplastina parcial activado, no justificados por su contexto clínico. Al revisar la bibliografía constatamos que dichos alargamientos podrían evitarse modificando la concentración de citrato en el tubo de extracción (0.109 mM). Este tubo es el que se está utilizando en el resto de Europa.

OBJETIVOS:

Con el fin de comprobar esta hipótesis hemos comparado el resultado de las pruebas de coagulación de rutina (tiempo de tromboplastina parcial activado y tiempo de protrombina) en dos tubos con las concentraciones de citrato anteriormente citadas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron 354 pacientes procedentes de consultas externas, centros de atención primaria y especializada de nuestra área de salud, en cuyo volante de petición el médico solicitó pruebas de coagulación de rutina. En la misma extracción se obtuvieron los dos tubos con las distintas concentraciones de citrato, previa petición del consentimiento informado al paciente.

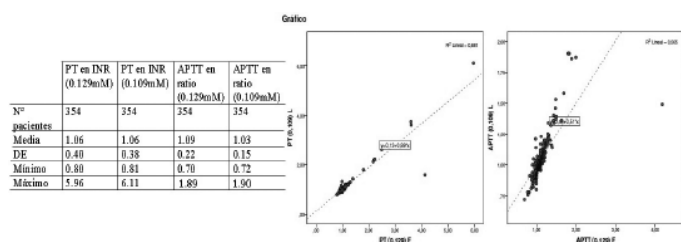
Las determinaciones de tiempo de tromboplastina parcial activado y tiempo de protrombina se analizaron en ambos tubos dentro del trabajo de rutina del laboratorio en un ACLTOP versión 2.1 mediante prueba de turbidimetría.

Se mide el tiempo que se requiere para la formación del coagulo, por un sistema de punto final basado en el cambio de densidad óptica del medio. La detección de coagulo se basa en el paso de la luz a través de las redes de fibrina formadas a partir de fibrinógeno. La luz es transmitida a un fotodetector colocado a 180° de la fuente de luz. La absorción de luz aumenta a medida que se forma el coagulo por lo que la luz transmitida al fotodetector va disminuyendo progresivamente. Estos valores son procesados por el software del sistema mediante una serie de algoritmos para determinar el tiempo de coagulación.

El método estadístico que se utilizará para comparar los resultados de las pruebas de coagulación será la prueba de rangos con signo de Wilcoxon.

RESULTADOS:

La descripción de los resultados de las determinaciones del tiempo de tromboplastina parcial activado y tiempo de protrombina se presentan en el siguiente cuadro y graficas:



Existen diferencias estadísticamente significativas en las determinaciones de tiempo de protrombina y tiempo de tromboplastina parcial activado entre ambas concentraciones de citrato ($p < 0.01$).

La diferencia en el tiempo de protrombina es 0.007 puntos menor en el INR en los tubos de citrato con una concentración de 0.109mM. Respecto al tiempo de tromboplastina parcial activado la diferencia fue de 0.05 en la ratio de los tubos con la concentración de 0.109mM.

CONCLUSIONES:

Aunque estadísticamente la diferencia en las determinaciones del tiempo de tromboplastina parcial activado y tiempo de protrombina es significativa en los tubos con diferentes concentraciones de citrato, clínicamente sólo tiene valor la diferencia en el tiempo de tromboplastina parcial activado

Aun así debemos incrementar el tamaño muestral para confirmar estas diferencias.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 222

TRANSFUSIÓN DE PLASMA FRESCO CONGELADO EN EL HOSPITAL SAN AGUSTÍN DE LINARES

Autor/a/s: López Ruiz Francisco, Luque Jiménez Alfonso Javier, García Guzmán Francisca, Martínez Nájera Josefa, Molina Sánchez Pedro Francisco

Centro de trabajo: Hospital San Agustín

Localidad: Linares

Correo electrónico del primer firmante: tropicado_72@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La transfusión de plasma fresco congelado está indicada en pacientes con sintomatología hemorrágica y alteraciones de la coagulación. Dada la presencia de isoaglutininas del grupo ABO, el plasma a transfundir debe ser compatible con el grupo del receptor.

Una unidad de plasma fresco congelado es el componente que se obtiene tras centrifugación de una unidad de 450 ml de sangre total en las 6 horas que siguen a su obtención. Tiene un volumen que oscila entre 200-250 ml. Puede almacenarse congelado a 30 grados centígrados hasta 2 años. El plasma de donante único puede obtenerse en mayores cantidades mediante plasmaféresis.

Antes de la transfusión es obligatorio una cuarentena igual o superior a 16 semanas, que consistirá en el almacenamiento del preparado y verificación después de este tiempo de los marcadores virales en el donante (VIH, Hepatitis, Sífilis) de cuya sangre se obtuvo dicho componente.

OBJETIVO:

Reflejar el número total de unidades de plasma fresco congelado que se han transfundido durante el año 2016 en el Hospital San Agustín de Linares. Dicho estudio además nos va a indicar cuales son los servicios que han optado por esta indicación terapéutica, así como también, cuales han sido los grupos sanguíneos que más se han transfundido.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante el año 2016 se han transfundido en el Hospital San Agustín de Linares un total de 50 unidades de Plasma Fresco Congelado.

El número de pacientes que han recibido este tipo de transfusión es de 26.

Estos datos han sido recopilados a través del programa informático instaurado en el servicio de Hematología-Hemoterapia, programa E-Delphyn y Open Lab.

RESULTADOS:

Del total de unidades de Plasma Fresco Congelado (50) que se han transfundido en nuestro hospital, 11 unidades fueron enviadas al servicio de quirófano, lo que supone un 22% del total.

A Reanimación se enviaron 5 unidades, un 10%. Al servicio de Cuidados Intensivos se enviaron 14 unidades, lo que equivale al 28%. En el servicio de Urgencias, fueron 7 las unidades de plasma fresco congelado las que se enviaron, o sea el 14%. En Traumatología tan solo se mandó 1 unidad, un 2%. En Cirugía se transfundió un total de 4 unidades de plasma, o sea un 8%. Y por último, en Medicina Interna el número de unidades de plasma fresco ascendió a 8 unidades, lo que equivale a un 16% del total.

Si hacemos la comparativa por grupo sanguíneo, con el fin de saber cuales han sido los grupos más demandados a la hora de la práctica transfusional, vemos que del grupo A+ se han transfundido durante el año 2016 un total de 25 unidades de plasma fresco congelado (50%). Del grupo O+ se han transfundido 13 unidades (26%). Del grupo AB+ el número de unidades de plasma fue de 2 (4%). Del grupo B-, el total de unidades transfundidas fue de 4 (8%). Del grupo B+ se transfundieron 5 unidades (10%) y del grupo A-, tan solo se transfundió 1 unidad (2%).

CONCLUSIONES:

Llegamos a la conclusión de que los servicios que más han transfundido este componente terapéutico en nuestro hospital han sido por orden decreciente: UCI, Quirófano, Medicina Interna, Urgencias, Reanimación, Cirugía General y Traumatología.

Si nos centramos en cuáles han sido los grupos sanguíneos más demandados, podemos comprobar que en primer lugar está el grupo A+, en segundo lugar el grupo O+, en tercer puesto el grupo B+, en cuarto puesto el grupo B-, en quinto puesto el grupo AB+ y en sexto y último puesto el grupo A-.

REFERENCIAS:

Programa informático E-Delphyn. Programa informático Open Lab.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 224

CASO CLÍNICO DE ANEMIA HEMOLITICA AUTOINMUNE (AHAI)

Autor/a/s: BAJO ALMENDRA, MARÍA ASUNCIÓN; SÁNCHEZ MATEOS, CARMEN BEATRIZ; PÉREZ GONZÁLEZ, MARÍA ISABEL; CLEMENTE AGUILAR, MAR; LÓPEZ VILLAR, OLGA.

Centro de trabajo: HOSPITAL ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: asunbajo66@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los pacientes con AHAI presentan autoanticuerpos que pueden reaccionar a la temperatura corporal (anticuerpos calientes) y que por lo general son IgG, o reactivos al frío (por debajo de 37°C) que usualmente son IgM, que reaccionan contra antígenos de los eritrocitos y producen reacciones hemolíticas, que pueden ir desde leves hasta graves. Generalmente, en el contexto de una enfermedad autoinmune o hematológica, por exposición a medicamentos o en forma primaria. El diagnóstico se basa en la demostración de una anemia hemolítica (disminución de la hemoglobina, elevación del recuento de reticulocitos, del nivel de LDH e hiperbilirrubinemia indirecta) con test de Coombs directo (o test de antiglobulina directa) positivo.

OBJETIVOS:

Descripción del estudio inmunohematológico de una paciente que ingresa con anemia y signos biológicos de hemólisis, para su correcto diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se solicita test de Coombs directo en paciente de 34 años con anemia y signos biológicos de hemólisis. Antecedentes de la paciente: No transfusiones; un aborto seis años antes.

Se realiza mediante prueba de aglutinación en columna: tipaje hemático, test de antiglobulina directa (TCD) poliespecífica y monoespecíficos (anti-IgG y anti-C3dC3b), escrutinio de anticuerpos irregulares en fase de antiglobulina (EAI) (Otro Biovue System).

Tratamiento de los hematíes con cloroquina, para liberar el hematíe y dejar espacios antigénicos.

Prueba de elución ácida (DiaCidel), para separar el anticuerpo pegado a la membrana del hematíe, confirmar su presencia y poder identificar la especificidad (autoanticuerpo o aloanticuerpo).

Prueba de autoadsorción: Después de eluir los hematíes autólogos con reactivo enzimático se utilizan estas células para adsorber los autoanticuerpos del suero del paciente. En este suero postadsorción se puede entonces evaluar la presencia de aloanticuerpos.

RESULTADOS:

Estudio inmunohematológico manual:

Grupo hemático realizado tras tratamiento de los hematíes con cloroquina:

Anti-A positivo (+4) Anti-B negativo Anti-AB positivo (+4)

Anti-D positivo (+4) Anti-D positivo (+4) Control 1+

Fenotipo hemático realizado tras tratamiento de los hematíes con cloroquina:

- Fenotipo Rh: C positivo (+4); E positivo (+4); c positivo (+4); e positivo (+4).

Fenotipo Kell: 1+ Fenotipo Kidd no valorable. Control: 1+

Grupo sérico: A Anti-A negativo Anti-B positivo (+4)

Escrutinio de anticuerpos irregulares (Ortho BVS9022): Panaglutinina en antiglobulina (positivo +3 en las tres células) que se potencia en ficcina (positivo +4 en las tres células).

Identificación de anticuerpos irregulares (Ortho 8RC514): Panaglutinina en antiglobulina (positivo +3 en las once células).

Autocontrol positivo (+4).

Test de Coombs directo poliespecífico positivo (+4); monoespecíficos anti-IgG positivo (+4); monoespecífico anti-C3bC3d positivo (+4).

Se realiza test de elución ácida (DiaCidel).

Estudio del eluido (Ortho 8RC514): Panaglutinina en antiglobulina (positivo +4 en las tres células).

Tras tres autoadsorciones seriadas persiste panaglutinina (+3) en todas las células.

CONCLUSIÓN:

Anemia hemolítica autoinmune por autoanticuerpo IgG fijador de complemento.

Se requieren estudios especiales para la detención de aloanticuerpos enmascarados por la presencia de autoanticuerpos (técnicas de adsorción).

La indicación de transfusión en las AHAI no es diferente a las de otros pacientes. Sin embargo, las pruebas pretransfusionales son más complejas y, a pesar de las adsorciones, es frecuente no encontrar concentrados de hematíes con prueba cruzada negativa.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 225

INCIDENCIA ANTICUERPOS IRREGULARES EN MUESTRAS TRANSFUSIONALES.

Autor/a/s: BAJO ALMENDRA, MARÍA ASUNCIÓN; SÁNCHEZ MATEOS, CARMEN BEATRIZ; PÉREZ GONZÁLEZ, MARÍA ISABEL; CLEMENTE AGUILAR, MAR; LÓPEZ VILLAR, OLGA.

Centro de trabajo: HOSPITAL ASISTENCIAL UNIVERSITARIO DE SALAMANCA

Localidad: SALAMANCA

Correo electrónico del primer firmante: asunjajo66@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En un Servicio de Transfusión es fundamental conocer la incidencia de anticuerpos irregulares y cuáles son los más frecuentemente detectados, para tener una mejor capacidad de respuesta ante cualquier posible necesidad transfusional. La compatibilidad transfusional, exige que los concentrados de hematíes a trasfudir carezcan de los antígenos complementarios a los posibles anticuerpos presentes en los receptores. Para asegurar dicha compatibilidad se realiza en las muestras pretransfusionales, Grupo ABO-Rh y escrutinio de anticuerpos irregulares. Por tanto, este escrutinio realizado sistemáticamente en dichas pruebas constituye un requisito indispensable para una práctica transfusional segura.

OBJETIVOS:

Valorar la incidencia de anticuerpos irregulares positivos, detectados por primera vez, en aquellos pacientes a los que se les solicitaron pruebas pretransfusionales y determinar su especificidad, durante el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El escrutinio de anticuerpos irregulares se realizó mediante técnica automática de aglutinación en columna en fase de antiglobulina (sistema Ortho Autovue Innova) este escrutinio utiliza hematíes comerciales (3 células) recubiertos con los antígenos clínicamente más significativos representados, principalmente, de forma homocigota.

Cuando el resultado es positivo, de forma manual, se amplía el estudio utilizando según se precise, bien panel de identificación de once células (Ortho Biovue System) o bien panel de identificación de 16 células (makropanel A. Menarini Diagnostic).

Analizamos los resultados de los registros de todas las peticiones de pruebas pretransfusionales, así como las historias clínicas de los pacientes con anticuerpos irregulares positivos que figuran en la base de datos de nuestro sistema informático (e-Delphyn).

	ANTI-D (*)	ANTI-E	ANTI-C	ANTI-K	ANTI-	ANTI-
Nº	94	53	28	29	5	17
%	36,8	20,7	10,9	11,3	1,9	6,6
	ANTI-Cw	ANTI-Jka	ANTI-Jkb	ANTI-Fya	CRIO-GLUTININA	PANAGLUTININA (**)
Nº	7	8	5	12	23	14
%	2,7	3,1	1,9	4,7	9	5,4
	ANTI-Lea	ANTI-Leb	ANTI-M	ANTI-S	ANTI-Lua	ANTI-Kpa
Nº	7	6	4	2	2	3
%	2,7	2,3	1,5	0,7	0,7	1,1

	ANTI-D (*)	ANTI-E	ANTI-C	ANTI-K	ANTI-	ANTI-
	ANTI-H	ANTI-A1	Auto-anti-cuerpo	SIN ESPECIFICIDAD (***)	(*) De estos, 30 habían recibido inmunoprofilaxis-Anti-D	
Nº	1	2	7	15	(**) Suma de anticuerpos	
%	0,3	0,7	2,7	5,8	(***) En este caso se transfunde respetando fenotipo, Rh y Kell según política transfusional de nuestro centro	

CONCLUSIONES:

En nuestro estudio los anticuerpos irregulares más frecuentemente identificados han sido los pertenecientes al sistema Rh. Es fundamental conocer los antecedentes de los pacientes y registrar en su ficha transfusional el anticuerpo identificado, así como seguir su evolución y por tanto respetar la especificidad del anticuerpo a la hora de transfundir.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 227

CORRELACION DE DíMERO D EN TROMBOSIS CIERTAS

Autor/a/s: Algar Romero Ana Isabel, Duro Olivas Yolanda, Ruiz Pérez María José, Colmenero Vega Vargas María Concepción y Colmenero Martos Ana María

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Jaén

Localidad: Jaén

Correo electrónico del primer firmante: algarana@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los análisis del dímero D en el laboratorio son habitualmente solicitados ante la sospecha de trombosis venosa profunda (TVP) o embolismo pulmonar (EP), pero no siempre, el resultado de dímero D alto está asociado a estas enfermedades. Otros factores que elevan su valor son: insuficiencia renal, hepática, tumores malignos, embarazos, ect.

OBJETIVO:

Se realiza un estudio en el Laboratorio de Urgencias durante el cuarto trimestre de 2016, de los análisis realizados del dímero D, con resultado alto, para contrastar su eficacia con respecto a los diagnósticos de trombosis en pacientes analizados (TVP o EP).

MATERIAL Y MÉTODOS:

El dímero-D (DD) es el principal producto de la degradación de la fibrina por la plasmina y es generado en el paso final de la formación de trombos. Se forma por dos monómeros adyacentes unidos por un enlace de cadena cruzada y por medio de la acción secuencial de tres enzimas: trombina, Factor XIIIa y plasmina. Se analizan una media diaria de unos 160 tubos de citrato, con un coagulómetro ACL TOP 500 CTS, utilizando un test inmunoturbidimétrico (Dímero-D Plus), para determinar cuantitativamente en plasma humano los productos de degradación de la malla de fibrina. En la práctica, una tasa de Dímeros D inferior a 500 ng/mL (cut-off) permite descartar el diagnóstico de enfermedad venosa tromboembólica en aproximadamente el 95% de los pacientes en caso de probabilidad clínica baja o intermedia. No obstante, su valor predictivo positivo es malo; un resultado alto (> 500 ng/mL) no presenta especificidad alguna para este diagnóstico, y con este estudio lo demostramos.

RESULTADOS:

De un total de 14478 análisis de dímero D realizados, se han obtenido 534 diagnósticos altos (> 500 ng/mL), de los cuales, 51 han tenido un episodio trombotico, es decir, menos del 10% de los pacientes con un análisis de dímero D alto, han sufrido una trombosis, en el resto de pacientes su elevado índice de dímero D, se debe a otras causas.

CONCLUSIONES:

Queda demostrado con los resultados obtenidos, que un elevado índice de dímero D (> 500 ng/mL), no suele ser provocado por una trombosis venosa profunda (TVP) o embolismo pulmonar (EP), como normalmente se sospecha inicialmente.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 243

UTILIDAD DE LA PRUEBA DE MEZCLAS EN EL LABORATORIO DE COAGULACIÓN. REVISIÓN EN EL AREA VIII DEL SESPA.

Autor/a/s: Junco Laría, Inmaculada; Rodríguez Braga, Amparo; Fernandez Martinez, Teresa; Perez Fernandez, Julia; Fernandez Fueyo, Yolanda; Fernandez Ibañez, Ana

Centro de trabajo: Hospital Valle del Nalón

Localidad: Riaño - Langreo

Correo electrónico del primer firmante: inmajunco@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las alteraciones en la coagulación, pueden ser de tipo hereditario o adquirido, siendo mucho más frecuentes estas últimas.

En nuestro laboratorio de hemostasia (Hospital Valle del Nalón) se procesan a diario muestras procedentes del servicio de urgencias y de las plantas de hospitalización, así como las que llegan de los servicios de atención primaria, en un área que abarca en torno a los 67.000 habitantes.

Las pruebas de coagulación básicas o de cribado más solicitadas al laboratorio son el tiempo de protrombina (TP) y el tiempo de trombo-plastina parcial activada (TTPa).

OBJETIVOS:

En este estudio analizaremos la interpretación práctica y la incidencia de la prolongación de la TP y de la TTPa. Los valores de referencia y los criterios aplicados en nuestro laboratorio son: pacientes cuyo ratio sea superior a 1,35 y que no estén anticoagulados o tengan una patología responsable de dicha alteración.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Muestra: Plasma del paciente obtenido tras la centrifugación de sangre total anticoagulada con citrato sódico
- Reactivos: Pool de plasmas de varios pacientes con coagulaciones normales o plasma calibrador normal (comercial)
- Equipo: Autoanalizador ACL TOP 300 (Werfen)

Después de solicitar nueva muestra para confirmar el ratio, según protocolo de nuestro laboratorio, el plasma paciente se mezcla en el analizador junto con el pool de plasma normal (introducido como reactivo), en una dilución 1/1.

Los resultados, tanto para el TP como para TTPa, superiores a 1,35 se consideran que no corrigen.

RESULTADOS:

De todas las muestras recibidas en el laboratorio de hemostasia (57.023), durante los años 2014 y 2015, se amplió el estudio de coagulación con la prueba de mezclas a 410 pacientes, un 1 %.

De éstas, 299 corrigieron y fueron estudiadas posteriormente sus déficits factoriales en el laboratorio de referencia (HUCA).

Las 111 restantes no corrigieron, se ampliaron otras pruebas ej.TT, A.Lúpico, determinación de heparinas, anticuerpos antifosfolípidicos o algún inhibidor de los factores de coagulación.

CONCLUSIONES:

La utilización de la prueba de mezclas persigue orientar la causa de la prolongación de los tiempos de coagulación y discernir si ésta es debida a la presencia de una deficiencia factorial o de algún inhibidor de la coagulación.

¿LA ALOINMUNIZACIONES DE LOS PACIENTES TRANSFUNDIDOS EN EL HOSPITAL CLINICO DE SANTIAGO DE COMPOSTELA, ES UNA COMPLICACIÓN FRECUENTE DURANTE LOS ULTIMOS AÑOS?

Autor/a/s: Varela Canoura, Patricia; Pacheco Pena, Patricia; Vilariño López, M^a Dolores; Campos Pena, Alfredo; Villamayor Álvarez, Mercedes
 Centro de trabajo: Hospital Clínico Univesitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: patriciacanoura@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La transfusión de componentes sanguíneos es un tratamiento no exento de riesgos, y que puede desencadenar reacciones transfusionales que pueden ser agudas o tardías y de carácter inmunológico o no inmunológico. Entre las reacciones no inmunológicas tardías se encuentra la aloinmunización frente a antígeno eritrocitarios. Así, no es infrecuente encontrarnos en la práctica diaria habitual, con pacientes politransfundidos que presentan en las pruebas pretransfusionales un escrutinio de anticuerpos irregulares (EAI) positivo sin clínica acompañante.

En estos casos, de cara a la actitud transfusional, es importante determinar la especificidad del anticuerpo. Sin embargo, no deberíamos de olvidarnos de revisar el historial transfusional del paciente para detectar la unidad transfundida responsable de la aloinmunización, si disponemos del fenotipo de la misma.

OBJETIVO:

Análisis de la incidencia de las aloinmunizaciones frente a antígenos eritrocitarios debido a la transfusión en el Hospital Clínico Universitario de Santiago de Compostela. Así como, análisis de las características de los pacientes inmunizados.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En nuestro hospital de acuerdo con las recomendaciones de las guías, sólo respetamos el fenotipo eritrocitario del sistema Rh y Kell (y si es posible también el sistema Duffy y Ss) a la hora de transfundir en las mujeres en edad fértil y en los pacientes oncohematológicos que precisan transfusiones frecuentes (p.ej. hemoglobinopatías congénitas,..) De ahí, que los otros pacientes transfundidos sean entre los que observemos mayores tasas de aloinmunizaciones por transfusión.

Para realizar este estudio se han revisado de forma retrospectiva los estudios pre-transfusionales realizados en el área sanitaria de Santiago de Compostela durante los años 2015 y 2016. Una vez identificadas a los estudios con EAI positivos se han analizado características como: edad, tiempo hasta su detección, nº de unidades responsables de la inmunización,&

RESULTADOS:

En nuestro hospital se han transfundido 33.856 concentrados de hematies a 7.271 pacientes, de ellos 127 (1,74%) presentaban un aloanticuerpo debido a transfusiones previas, con una mediana de tiempo transcurrido entre la transfusión y la detección del anticuerpo de 146 días (7-6736).

De los pacientes aloinmunizados 57 eran hombres y 70 mujeres, con una edad media de 74,03 años (33-96), 2,66 unidades responsables de la aloinmunización (1-30). De los anticuerpos identificados los más frecuentes son frente al sistema Rh y kell (16,53 % de los casos eran anti-D, 15,74 % anti-D más otro anticuerpo, 16,53% anti-E, 7,87% anti-E más otro, 17,32% anti-Kell,&) otros anticuerpos detectados son: anti-Fya (3,14%), Anti-Jka (4,72%), anti-Lua (3,97%),...

CONCLUSIONES:

En nuestra serie se pone de manifiesto, tal como se recoge en lo descrito hasta el momento, que el sistema Rh y kell son los más que inducen con mayor frecuencia una respuesta inmune. 2. Para evitar la aloinmunización por transfusión deberíamos respetar, al menos, el fenotipo del sistema Rh y Kell en los pacientes que pueden precisar un alto soporte transfusional. 3. Aunque la aloinmunización transfusional no suele dar sintomatología en el paciente no debemos de olvidarnos de que es una complicación de la transfusión.

PREPARACION DE MUESTRAS LIPEMICAS PARA SU ANALISIS HEMATIMETRICO Y HEMOSTASICO

Autor/a/s: MARIA MONTSERRAT ALONSO VAZQUEZ, MARINA MILAGROS PRADA VALLE, MARIA DEL CARMEN MATA HERRERA, MARIA PETRONILA SANCHEZ MAZARIEGOS, MARIA MAGDALENA MACIAS LOPEZ, AMOR MARTINEZ GARCIA, ISABEL RODRIGUEZ RODERA.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Correo electrónico del primer firmante: montserrat_alonso@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Muestras lipemicas son las que presentan turbidez blanquecina o lechosa causada por una elevada concentracion de lipidos.

Estos lipidos son en su mayoría trigliceridos, presentes en forma de lipoproteina, principalmente quilomicrones y lipoproteinas de muy baja densidad.

OBJETIVOS:

-Analizar como estos lipidos interfieren en el hemograma alterando la hgb y el chcm.

-Analizar como interfieren los lipidos en el resultado de la hemostasia (pt y ptta).

-Mostrar las tecnicas a seguir para correguir estas alteraciones.

MATERIAL Y MÉTODOS:

-Muestras lipemicas de hemostasia y hematimetria.

-Pipetas pasteur.

-Suero fisiologico.

-Centrifugas.

-Analizador, coulter unice dxh600.

-Analizador, bcs xp.

-Tubos eppendorf.

Para subsanar las anomalias del hemograma lipemico, centrifugamos la muestra a 3500 rpm durante 10´

Y sustituimos el plasma lipemico por suero fisiologico y reanalizar

En el caso de la hemostasia sometemos el plasma a una ultracentrifugacion de 16000 rpm durante 15´

Para separar los lipidos presentes en el plasma para poder ser eliminados y reanalizar.

RESULTADOS:

TRIGLICERIDOS		HEMATIMETRIA			HEMOSTASIA		
		HCT	HGH	CHCM	PT%	Aptt.PSL se	FIB mg/dl
1095mg/dl	LIPEMICA	39,60	15,80	40,00	6,5?	41,30?	126,00?
	CORREGIDA	40,00	13,40	33,40	112,00	29,10	587,60
1698mg/dl	LIPEMICA	40,80	16,70	40,90	7,40?	110,00?	159,00?
	CORREGIDA	41,00	13,60	33,50	99,00	31,00	327,00
550mg/dl	LIPEMICA	25,40	10,00	38,00	45,40?	55,20?	200,20?
	CORREGIDA	25,30	8,60	31,30	49,40	61,20	225,50
1101mg/dl	LIPEMICA	32,00	12,00	35,00	25,00?	38,00?	690,00?
	CORREGIDA	32,00	10,80	33,80	116,80	27,90	924,60

Los resultados que aparecen con interrogacion son aquellos que el analizador da como dudosos debido a que no puede realizar una curva uniforme por la alta presencia de lipidos, una vez eliminados estos lipidos el analizador es capaz de realizar una medicion valida.

En los parametros del hemograma vemos como se corrige la hemoglobina y concuerda con el hematocrito.

Comprobamos como los parametros afectados por la lipemia son corregidos mediante estos metodos.

CONCLUSIONES:

Son tecnicas sencillas en su realizacion y el resultado obtenido en las muestras sometidas a estos metodos es favorable, pues nos permite realizar un estudio de coagulacion y hemograma en un espacio de tiempo relativamente corto.

RIESGO TROMBOTICO: ANTICOAGULANTE LÚPICO ESTUDIO ANUAL

Autor/a/s: JUANA MORAL MORAL, M^a FRANCISCA MUÑOZ MARIN, MANUELA MORAL JURADO, JOAQUINA VISO RODRIGUEZ, PEDRO FRANCISCO MOLINA SANCHEZ.

Centro de trabajo: Unidad de Gestión Clínica de Análisis Clínicos. Hospital Universitario S. Agustín de Linares (Jaén)

Localidad: LINARES (JAEN)

Correo electrónico del primer firmante: juani_moral_@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La identificación del anticoagulante lúpico (AL) en el plasma constituye un paso decisivo en el diagnóstico del síndrome antifosfolípido (SAF). El AL es un autoanticuerpo que se dirige de forma directa contra proteínas de unión fosfolípídica, como la beta 2 glicoproteína (B2GPI), la protrombina y la anexina que forman complejos con fosfolípidos aniónicos. El AL se basa en la realización de dos test de escrutinio con baja concentración de fosfolípidos y posterior test confirmatorio con exceso de fosfolípidos en caso que el screening sea positivo.

OBJETIVO:

determinar los pacientes que necesitan el estudio de AL, para su diagnóstico clínico mediante técnicas coagulométricas.

MATERIAL:

Se presenta el estudio de todas las peticiones con estudios de coagulación (AL) en tubos de Citrato de Sodio (tapón azul), realizadas entre 2015- 2016. La técnica es Test LAC Screen y LAC Confirm que son reactivos desarrollados para simplificar y estandarizar la detección del AL.

MÉTODO.

Analizador ACL-TOP 500

Reactivos para la técnica:

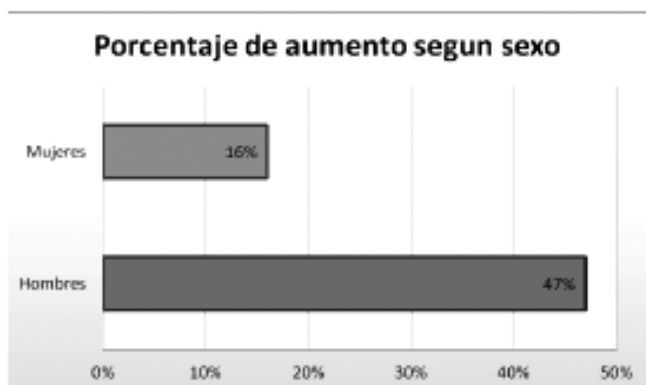
- LAC Screen: reactivo (TVVRD) pobre en fosfolípidos para el screening de la presencia de Anticoagulante Lúpico
- LAC Confirm: reactivo TVVRD) rico en fosfolípidos para la confirmación de la presencia de Anticoagulante Lúpico.

Valores: <1.2-1.5 negativo; entre 1.5 a 2 positivo débil; > 2 positivo.

RESULTADOS:

Hemos realizado un escrutinio de determinaciones desde enero del 2015, hasta diciembre del 2016. De un total de 669 estudios de AL (anticoagulante lúpico) realizados, pruebas de escrutinio como las confirmatorias, exponemos:

- 139 pacientes tiene resultado positivos
- 366 pacientes tiene resultado negativo
- 164 pacientes no procede la prueba



Entre las variables estudiadas hemos destacado el sexo, habiendo realizado 218 determinaciones de AL en hombres y 451 determinación en mujeres, durante dicho periodo de tiempo, observamos un incremento de Anticoagulante Lúpico en Hombres con un 47%, mientras las mujeres se aumenta en solo 16%.

El sexo prevalente fue el masculino

CONCLUSIONES:

1 La mayoría de los pacientes en los que se detecta el AL positivo por una de las técnicas están asintomáticos desde el punto de vista clínico.

2 El dRVVT (LAC Screen) tiene una mayor sensibilidad y especificidad que el SCT para el diagnóstico de SAF aunque se precisaría una segunda muestra para confirmar los resultados obtenidos.

3 Los resultados obtenidos permiten afirmar que su realización ha economizado tiempo y costes (al no derivar la prueba a Laboratorios Externos), así como calidad asistencial en el diagnóstico clínico de los pacientes.

COMPATIBILIDAD ABO/ RH (D) EN LA TRANSFUSION PLAQUETARIA

Autor/a/s: JUANA MORAL MORAL, MANUELA MORAL JURADO, M^a FRANCISCA MUÑOZ MARÍN JOAQUINA VISO RODRÍGUEZ. PEDRO FRANCISCO MOLINA SANCHEZ.

Centro de trabajo: Unidad de Gestión Clínica de Análisis Clínicos. Hospital Universitario S. Agustín de Linares (Jaén)

Localidad: LINARES (JAEN)

Correo electrónico del primer firmante: juani_moral_@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La transfusión de plaquetas con compatibilidad ABO y Rh (D), no siempre es posible. El periodo limitado de conservación de las plaquetas dificulta su disponibilidad en centros y servicios de transfusión. Por este motivo frecuentemente transfundimos plaquetas con plasma incompatible. Por otra parte, la transfusión de plaquetas Rh (D) incompatibles puede provocar la formación de anti-D.

Objetivos: Describir el porcentaje de transfusión de plaquetas con compatibilidad ABO/Rh (D) en nuestro centro. Transfusión de plaquetas y compatibilidad ABO y compatibilidad Rh (D).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio observacional retrospectivo que analiza el grupo ABO y Rh (D) de los componentes plaquetarios (CP) transfundidos y del receptor correspondiente. Periodo analizado año 2015- 2016. La práctica frecuente consiste en transfundir plaquetas ABO idénticas siempre que sea posible (en niños siempre). Cuando no se puede y con el objetivo de disminuir el riesgo de hemólisis pasiva por el plasma ABO incompatible, los receptores de grupo O pueden recibir plaquetas de cualquier grupo ABO y las plaquetas de grupo AB se pueden administrar a receptores de cualquier grupo. Intentamos siempre transfundir CP Rh (D) compatibles a mujeres en edad fértil y a niños.

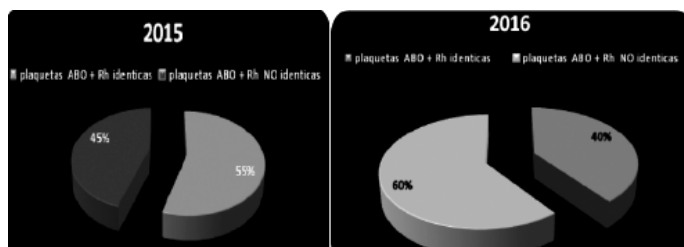
MUESTRAS:

estadísticas del sistema informático de la unidad hemoterapia-banco de sangre.

RESULTADOS:

De enero del 2015 hasta diciembre del 2016 hemos transfundido 141 CP:

Grupo A	95 CP
Grupo B	5 CP
Grupo O	34 CP
Grupo AB	7 CP



Año 2015	60 CP recibidos	30 Pacientes transfundidos	Plaquetas ABO +Rh idénticas 33 CP	Plaquetas ABO+Rh iso-grupo 27 CP
Año 2016	81 CP recibidos	40 Pacientes transfundidos	Plaquetas ABO +Rh idénticas 32 CP	Plaquetas ABO+Rh iso-grupo 49 CP

Las plaquetas eran ABO y Rh (D) idénticas en 65 ocasiones (46 %), contenían plasma ABO compatible y hematies incompatibles (incompatibilidad ABO Rh (D)) en 76 casos.

CONCLUSIONES:

Nuestros resultados coinciden con los publicados. La frecuencia de la distribución de los antígenos del sistema ABO en la población, hace que aunque en la transfusión de plaquetas no siempre se puede respetar la compatibilidad ABO, en más de un 46% de los casos la transfusión ha sido ABO idéntica.

Cuando no es posible se administra profilácticamente gammaglobulina anti-D.

No hemos detectado ninguna reacción Transfusional hemolítica ni inmunización Rh (D).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 275

UTILIDAD DEL CONTROL BIOLÓGICO DE LOS ANTICOAGULANTES ORALES DE ACCIÓN DIRECTA EN LA PRÁCTICA CLÍNICA

Autor/a/s: RODRÍGUEZ LORENZO LORENA; ORVIZ IGLESIAS EVA FLO-RINDA; VELASCO ROZADA M^a BELEN; DE LA CERA MARTÍNEZ TAMARA; BERNARDO GUTIERREZ ANGEL.

Centro de trabajo: A.G.C LABORATORIO DE MEDICINA - SERVICIO DE HEMATOLOGÍA HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: loreastur@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los anticoagulantes orales de acción directa (ACOD) han experimentado un aumento de prescripción y uso en nuestra población dado el aumento de incidencia de Fibrilación Auricular, que es casi una epidemia en nuestra sociedad. El uso de los mismos en población anciana y con múltiples comorbilidades fuera del ambiente controlado de los ensayos clínicos es aún escaso, por lo que la realización de estudios en vida real que nos permitan identificar factores de riesgo hemorrágico, resulta de gran interés e importancia para el mejor manejo de estos antitrombóticos.

OBJETIVOS:

Detección del riesgo hemorrágico, trombotico y toxicidades a través de los controles específicos de monitorización en paciente con anti-coagulantes orales directos, en nuestro centro.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Realizamos un estudio retrospectivo con 227 pacientes que recibieron anticoagulantes orales directos (ACOD) entre Enero del 2015 y Diciembre del 2016. Analizamos las variables tales como la edad, peso, tiempo de protrombina (PT) y tiempo de tromboplastina parcial activada (aTTP), intervalo terapéutico del medicamento y medida de creatinina sérica, así como los niveles plasmáticos de concentración de cada uno de los ACOD.

Las determinaciones de PT y aTTP se realizan en un analizador ACL TOP 700 LAS mediante método coagulométrico. Para la actividad de los anticoagulantes orales de acción directa, el analizador ACL TOP 500, El método utilizado para determinar el efecto anticoagulante de los fármacos anti IIa(Dabigatrán) es un método coagulométrico estandarizado a partir de una dosis fija de trombina bovina. Sin embargo en el caso de los fármacos Rivaroxaban y Apixaban se basa en un ensayo cromogénico que determina el factor Xa residual.

Se utilizan reactivos, controles y calibradores de la casa comercial Werfen..

RESULTADOS:

Encontramos 10% de toxicidades con Dabigatran, un 7% con Rivaroxaban y un 3% con Apixaban.35 de los pacientes (15%) desarrollaron sangrados, de los cuales el 11% tuvieron un sangrado menor y un 4% tuvieron un sangrado mayor. También encontramos que el 6% de pacientes con Dabigatran, un 2,5% con Rivaroxaban y un 1'5% con Apixaban desarrollaron episodios tromboticos

El 20% de los pacientes estuvieron dentro del intervalo terapéutico definido y reconocieron una toma errónea por falta de adherencia o de correcta educación sanitaria previa.

Cuando analizamos los pacientes que tuvieron hemorragia, encontramos que todos los pacientes con Dabigatran, prolongaron aPTT en un 80% y el PT en un 4%; con Apixaban aPTT en un 8,4% y el PT en un 16,9%; con Rivaroxaban aPTT en un 2,5% y el PT en un 21%; Un análisis retrospectivo, llevado a cabo comparando 35 pacientes que desarrollaron sangrado con un número igual de pacientes que no lo hicieron, fueron cotejados de acuerdo a edad, peso y medidas de creatinina sérica, encontrándose diferencias significativas en cuanto al peso (< 60 kg) y deterioro de la función renal, en aquellos con más complicaciones hemorrágicas.

CONCLUSIONES:

En nuestra serie, en los pacientes con Dabigatran y que sufrieron sangrado, encontramos una significativa prolongación de aTTP, demostrando la importancia de los test de laboratorio previos a la administración de estos agentes sobre todo en situaciones de emergencia, por estas razones debería ser incluido PT y aPTT, nivel terapéutico del fármaco y medición de la creatinina, entre los test de control de laboratorio tanto rutinarios como de urgencia en pacientes que reciben ACODs.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 276

VALOR DE LAS PLAQUETAS RETICULADAS EN EL ESTUDIO ETIOLÓGICO DE LAS TROMBOCITOPENIAS.

Autor/a/s: RODRÍGUEZ LORENZO LORENA; ÁLVAREZ CANDANEDO ANA ROSA; CARO GÓMEZ ALBERTO; VELASCO ROZADA M^a BELEN; DE LA CERA MARTÍNEZ TAMARA; BERNARDO GUTIERREZ ANGEL

Centro de trabajo: A.G.C LABORATORIO DE MEDICINA - SERVICIO DE HEMATOLOGÍA HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: loreastur@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las plaquetas reticuladas son las formas más jóvenes de las plaquetas circulantes, son de mayor tamaño que las plaquetas senescentes,

contienen restos de ARN que les confieren un aspecto reticulado y son hemostáticamente más activas al expresar más receptores de glucoproteína Ib y IIb/IIIa. En la actualidad, es posible cuantificar de manera rápida y automatizada las plaquetas reticuladas mediante la fracción de plaquetas inmaduras (FPI), calculada como el cociente entre las plaquetas inmaduras y el total de plaquetas y expresada en %.

Este es un marcador que se correlacionaría con los reticulocitos, informándonos acerca de si estamos ante una trombopenia de predominio central o periférico, evitando así en algunos casos exploraciones más invasivas y costosas en nuestros pacientes.

OBJETIVOS:

- Determinar si el dintel óptimo de la fracción de plaquetas Plaquetas Inmaduras (FPI) o reticuladas es del 5-7 % como se determina en la bibliografía revisada, y si es aplicable a nuestra población.

- Correlacionar en trombopenias de mecanismo conocido los valores del FPI para evaluar si es capaz de discriminar entre trombopenias de mecanismo central versus trombopenias de mecanismo periférico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó una búsqueda entre los pacientes hematológicos y no hematológicos que acuden a nuestro Centro según diagnóstico y en todos ellos se determinó el FPI a través de los autoanalizadores XN-20 de Sysmes de nuestra cadena de Hematimetría XN-9000.

RESULTADOS:

	PTI	Hepato- patía	Infección activa	Hemo- patías Malignas	SMPc
Media de FPI	15.1 %	5.5 %	9.9 %	7.75 %	21.06 %

La media de la FPI de los 12 pacientes con PTI (Purpura trombocitopénica Inmune) fue del 15.1%, mientras que la media de los 27 pacientes hepatopatías fue del 5.5%.

En pacientes con diagnósticos de infección activa la media de la FPI de 9.9%. La media de los pacientes con hemopatías malignas (Linfomas, SMD, Leucemias &) fue del 7.75%, pero hay que destacar que un grupo de los mismos que son los Síndromes Mieloproliferativos a pesar de presentar trombopenia periférica tuvieron una media del FPI de 21.06%

CONCLUSIONES:

Analizando un total de 121 pacientes, se demuestra que la determinación de la FPI es capaz de discriminar el tipo de trombocitopenia en muchos de los casos, se encuentran por encima del 7-10% en situaciones que conllevan un incremento del consumo periférico de plaquetas, como ocurre en la púrpura trombocitopénica idiopática (PTI), el lupus eritematoso sistémico, la coagulopatía de consumo, la púrpura trombótica trombocitopénica o el síndrome hemolítico urémico (SHU). Por el contrario, el porcentaje de plaquetas inmaduras se encuentra por debajo del 10% en muchos de nuestros pacientes con fallo medular, como ocurre en la aplasia medular, leucemia aguda o en la plaquetopenia secundaria a quimioterapia. Debe destacarse que los pacientes con SMPc presentan a pesar de tener trombopenia una FPI del 21.06% posiblemente por estimulación medular con trombopoyesis ineficaz. Los pacientes hepatopatías tienen una media de 5.5% de la FPI dado que el mecanismo de su trombopenia en estos casos es por fallo de producción central.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 277

HEMOGLOBINOPATÍAS: UNA PATOLOGÍA EN EVOLUCIÓN: ESTUDIO RETROSPECTIVO DE 10 AÑOS EN EL PRINCIPADO DE ASTURIAS.

Autor/a/s: RODRÍGUEZ LORENZO LORENA; ARBOLEA FERNÁNDEZ M^a JESÚS; VELASCO ROZADA M^a BELEN; JUNCO RODRIGUEZ MONSERRAT; DE LA CERA MARTÍNEZ TAMARA; BERNARDO GUTIERREZ ANGEL.

Centro de trabajo: A.G.C LABORATORIO DE MEDICINA - SERVICIO DE HEMATOLOGÍA HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: loreastur@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El diagnóstico de las hemoglobinopatías (Hbpts) ha cambiado en los últimos años debido a la inmigración, con un aumento de Hbpts estructurales. En Asturias la población censada es de 1.061.756 habitantes de los cuales 48.097 son inmigrantes

Objetivos: Evaluar la incidencia de Hbpts estructurales y talasemias en Asturias en los últimos 10 años.

Métodos: Análisis retrospectivo de 1202 estudios de hemoglobina (Hb) realizados en el Hospital Universitario Central de Asturias entre enero de 2006 y marzo de 2016. Los estudios procedían de solicitudes médicas, del hallazgo de patrones hemoglobínicos anormales en la prueba de HbA1c o de resultados de hematimetría sugestivos de talasemia

Los estudios se realizaron con el aparato Variant Hemoglobin Testing de Bio Rad para HPLC y la electroforesis de Hb con placas de Paragon hasta mayo de 2013. Desde entonces, se realiza por electroforesis capilar (EC) con el aparato MINICAP del laboratorio Sebia.

RESULTADOS:

Se analizaron 1202 pacientes, 49% eran varones y la mediana de edad de 33 años (rango 0-85). Se encontró patología en 562 estudios (46.7%):

Talase- mia-β o δβ	Talase- mia-α	Talase- miaβ o δβ Mayor	Talase- miaβ o δβ Menor	Mediana de Hb Talasemia Mayor	Mediana de Hb Talasemia Menor	Mediana Hb Tala- semias Interme- dias
337 (86%)	53 (13.6%)	9 (2.3%)	381 (97.6%)	6.2 g/ dL(6-6.5)	11 g/ dL(6.9- 11.9)	11.4 g/dL(6.0-10)

Tabla 1. Hemoglobinopatías Talasémicas en nuestro medio.

Hb SA	Drepanocitosis (SS /SC)	Hb Mediana SC	Hb Mediana SS	Hb Mediana SA
156 (89.9%) 70.88% Afri- canos 29.12% Sudamerica- nos	14 (8.23%) 71.4% Africa- nos 35.71% Sudamerica- nos	10.5 g/dL(9.4- 11.2)	7.94 g/dL (5.2- 7.9 g/dL)	10.15g/dl (6.7- 11.9)

Tabla 2. Hemoglobinopatías estructurales en nuestro medio

CONCLUSIONES:

En nuestro medio hay un predominio de β-talasemia heterocigota. En los inmigrantes, las Hbpts estructurales son el principal diagnóstico. La incidencia es aún pequeña, aunque en aumento en los últimos 3 años, por lo que se está implantando un programa de cribado neonatal. Tanto la HPLC como la EC son métodos sencillos, rápidos y eficaces en el diagnóstico de las Hbpts. La sospecha previa con microcitosis y eritrocitosis, sin ferropenia asociada fue capaz de encontrar muchos de los casos de β-Talasemia menor que habían pasado desapercibidos hasta la edad adulta.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 279

IMPORTANCIA DEL LABORATORIO DE HEMATOLOGÍA EN EL DIAGNOSTICO DEL MIELOMA MULTIPLE

Autor/a/s: M^a de los Angeles Torres, Teresa Rubín, Arancha Galisteo, Dra Rosalía Riaza, Dra Gabriela Amores

Centro de trabajo: HOSPITAL SEVERO OCHOA)

Localidad: Leganés (MADRID)

Correo electrónico del primer firmante: maritorreseseso@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El MM es un tipo de neoplasia que afecta a la médula ósea, produciendo un aumento de células plasmáticas patológicas. Estas células proliferan, infiltran la médula ósea y producen el aumento de la proteína monoclonal. Estudiamos los pacientes con una aproximación diagnóstica de MGUS, remitidos al Servicio de Hematología del HSO durante los años 2015/2016.

OBJETIVOS:

Se pretende establecer la eficacia de las pruebas diagnósticas realizadas en nuestro laboratorio en la identificación del Mieloma Múltiple, a partir de un primer diagnóstico en la consulta de Hematología.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudiamos un total de 86 pacientes un rango de edad comprendido entre los 38 a los 94 años, que acuden a la consulta de Hematología con los siguientes diagnósticos:

- MGUS/ GAMMAPATIA MONOCLONAL

- E.WALDESTROM

- OTROS (anemia, Sind prostático&)

Una vez que el paciente es remitido al Laboratorio, se realizan las siguientes exploraciones:

- Hemograma (autoanalizadores ADVIA, SIEMENS®)

- Frotis en sangre periférica

- Aspirado /Biopsia de médula ósea

- Inmunofenotipo (citometría de flujo) de médula ósea

- Biología molecular de médula ósea

- Cariotipo de médula ósea

A los pacientes se les realiza el Aspirado de médula ósea, obteniéndose muestras Citomorfología, Citometría de Flujo y Biología Molecular. Las extensiones de médula ósea se tiñen con la tinción de May Grunwald Giemsa, y en aquellos casos en los que aparece anemia, se realiza tinción de PERLS (hierro en depósitos y precursores) como estudio citoquímico. Sólo con el estudio de la citomorfología de Médula Osea, ya es posible emitir un diagnóstico de Mieloma Múltiple. En el caso que el recuento de células plasmáticas sea superior a un 10%, se confirma el diagnóstico mediante Inmunofenotipo

RESULTADOS:

	Diagnóstico de MM	No diagnóstico de MM	Total de pacientes
MGUS/ GAMMAPATIA MONOCLONAL	65	11	76
E.WALDESTROM	5	1	6
OTROS (anemia, Sind prostático&)	3	1	4

CONCLUSIONES:

El diagnóstico del Mieloma Múltiple, se realiza por citomorfología, siendo necesaria la presencia de un 10% de células plasmáticas, confirmándose su clonalidad por Citometría de Flujo.

Las pruebas realizadas en nuestro Laboratorio, para el diagnóstico de Mieloma Múltiple, resultan altamente eficaces, ya que un alto porcentaje de estos pacientes con gammapatía monoclonal, se han diagnosticado de Mieloma Múltiple

Observamos un diagnóstico de Mieloma Múltiple en pacientes algo más jóvenes de la edad media de aparición de esta neoplasia (60 años), probablemente en parte debido a la eficacia de un diagnóstico precoz.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 281

IMPORTANCIA DEL LABORATORIO CLÍNICO EN EL DIAGNÓSTICO DE FORMAS ATÍPICAS AGRESIVAS DE LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÓNICA CON DELECCIÓN DEL GEN ATM

Autor/a/s: MARIA DEL CARMEN GUIERREZ MELENDEZ, CRISTINA BOSCH GARVIA, ELVIRA VILLARRUBIA MARTIN-VILLAMUELAS, VALENTIN SAN-

CHEZ NOELIA, MARIA DEL CARMEN GOMEZ TORIJA, GOMEZ GARCIA RAQUEL, ESCOLANTE CRUZ MIRIAM, ANA MARIA GONZALEZ MONTES JOAQUIN BLANCO GARCIA, RODRIGUEZ RODRIGUEZ INMACULADA.

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: m.carmengm@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La leucemia linfocítica crónica (LLC) es una enfermedad caracterizada por la proliferación y acumulación de linfocitos inmunocompetentes de pequeño tamaño, aspecto maduro y fenotipo B.

Es la forma de leucemia más frecuente en los adultos de países occidentales, con una incidencia de 4 casos /100.000 habitantes/año. La edad media de presentación es de 70 años (sólo un 20% tiene < de 65 años), predominando en varones. No es frecuente en niños ni en la adolescencia y, por lo general, empeora lentamente. Las manifestaciones clínicas de esta enfermedad son secundarias a la infiltración progresiva por parte de los linfocitos de la médula ósea, ganglios linfáticos y otros tejidos, así como a las alteraciones inmunológicas que acompañan a la enfermedad. Se considera que hasta el 80% de los casos se presentan de forma asintomática, siendo los síntomas más frecuentes la astenia (20%), seguido de la presencia de síntomas B (10%) caracterizados por fiebre ($\geq 38^{\circ}\text{C}$), pérdida de peso, sudoración nocturna (su presencia nos debe hacer sospechar en la transformación en linfoma de células grandes [síndrome de Richter]), y hasta en un 10% de las ocasiones de la presencia del síndrome anémico (de origen infiltrativo, por anemia hemolítica autoinmune o por eritroblastopenia [$<1\%$]) como de la plaquetopenia por origen infiltrativo, hipersplenismo o autoinmune ($<5\%$). Las infecciones suelen aparecer en fases avanzadas siendo bacterianas y de foco pulmonar, aunque también son frecuentes infecciones por herpes virus y agentes oportunistas. Se considera que hasta un 5-10% de los casos puede existir transformación tipo prolinfocitoide, linfoma de células grandes y hasta un riesgo 3 veces superior de segundas neoplasias (piel, tracto digestivo, pulmón).

OBJETIVOS:

Descripción de un caso infrecuente de LLC asociada a delección del gen ATM en una mujer de 45 años edad. Esta presentación excepcional, asociada a la clínica asintomática hace que las pruebas diagnósticas del Laboratorio Clínico sean fundamentales a la hora de diagnosticar y evaluar correctamente esta patología hematológica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Mujer de 45 años de edad en estudio por astenia de origen desconocido, es derivada desde Atención Primaria a Urgencias por objetivar importantes alteraciones en estudio hematimétrico. Se procede a realizar una completa anamnesis (incluyendo historia familiar y exploración física), además de los exámenes de laboratorio necesarios: hemograma, reticulocitosis, LDH y 2-microglobulina sérica, proteinograma, pruebas de coagulación, junto con dosificación de inmunoglobulinas e inmunofijación directa, test de Coombs, biopsia de médula ósea (estudio de citopenias), inmunofenotipo de sangre periférica, pruebas de Citogenética Molecular (FISH). Otras pruebas potencialmente útiles serían: Biopsia ganglionar y TAC toraco-abdominal.

Analizador y reactivos: Los parámetros analíticos se determinaron en el analizador Vitros® 5600, el contador hematológico Coulter® serie LH 700 de Beckman-Coulter, Coagulómetro ACL TOP® 500 TCS de Instrumentation Laboratory (Werfen Company), además de Inmunofenotipaje y estudios de Citogenética Molecular (FISH: Hibridación fluorescente in situ) sobre núcleos interfásicos celulares, así como técnicas de Citogenética Molecular e Inmunofenotipaje. Todo ello, empleando los reactivos correspondientes.

Centrífuga y tratamiento de la muestra: Kubota® 8420 (programación a 3500 rpm, 10 min a 25°C). Análisis realizado en un tiempo inferior a 8 h (conservación hasta 8 h a 25°C).

Muestra: Suero, plasma y sangre total. La muestra de sangre fue recogida en tubo de plástico de 10 ml siliconado, tubos de 5 ml con EDTA-K3 y en tubo de 5 ml con citrato sódico.

RESULTADOS:

Exploración física dentro de la normalidad, con presencia de pequeñas adenopatías bilaterales y simétricas mediastínicas y periaórticas superiores, esplenomegalia (20 x 8 cm) de estructura homogénea. En los estudios analíticos destaca el hallazgo en el hemograma de la presencia de anemia: hemoglobina de 9,9 g/dl (12-15), hematíes $3.76 \times 10^{12}/L$ ($4.5-5 \times 10^{12}/L$), hematocrito 31,5% (37-47); trombocitopenia: $97 \times 10^9/L$ (120-400). En la serie blanca destaca una leucocitosis de $78.8 \times 10^9/L$ ($4.5-11 \times 10^9/L$) con una diferenciación de: 12% (50-70) de neutrófilos, 81,5% (1-5) de linfocitos ($64.2 \times 10^9/L$ [1-5]), un 5.9% (2,5-13) de monocitos, un 0.1% (0,5-0,6) de eosinófilos y 0.5% (0-1) de basófilos. En la extensión de sangre periférica se observan linfocitos con morfologías anormal (prolinfocitos y células hendidas), procediendo a la realización de un estudio de Inmunofenotipaje en sangre periférica, donde se aprecia un aumento de linfocitos B CD19+/CD5+/CD23-. El análisis de hibridación de sondas sobre los núcleos interfásicos (CEP 12, CEP 17/P53, RB1) fueron normales, a excepción de la sonda CEP 11/ATM (11q22) nuc ish (D11Z1x2ATMx1) [25/100] donde se detectó la delección del gen ATM (25%). El análisis bioquímico fue rigurosamente normal, a excepción de la 2-Microglobulina de 3,44 mcg/ml (0,80-2,20).

CONCLUSIONES:

La LLC es el tipo de leucemia más frecuente en los países occidentales, con importante linfocitosis tipo B, clonalidad confirmada por citometría de flujo y presencia de células atípicas con fenotipo compatible, con afectación mayoritaria en varones de más de 60 años. Nuestro caso destaca no sólo por una edad temprana de presentación y por el sexo femenino, sino que, también, por la delección del gen ATM. Estas delecciones en los cromosomas 11q23-3-23.1 que involucran al locus mutado de la ataxia telangiectasia (ATM) (11q-/ATM+/-) son detectadas al diagnóstico entre el 10-20% de los casos de LLC-B y están asociadas con una enfermedad agresiva, confirmando mal pronóstico. Se considera que la delección 11q submicroscópica que involucra al locus ATM puede, en algunos casos, representar un cambio secundario en la LLC-B, tanto típica como atípica, pudiendo ser importante para determinar la transformación citológica y progresión de la enfermedad. Más recientemente se ha mostrado que las delecciones en las bandas de los cromosomas 11q22-q23 son una de las aberraciones cromosómicas más frecuentes de la LLC-B, pudiendo presentar una extensa linfadenopatía, una rápida progresión de la enfermedad y un corto periodo de supervivencia. Todo debido a que la ATM es una proteína con una importante función en la división celular (reparación del ADN y, junto con la interacción, la progresión del cáncer). La labor del Laboratorio Clínico es fundamental para diagnosticar una patología incidental (fundamentalmente asintomática) en análisis rutinarios a la mayor brevedad posible. Queremos hacer hincapié, de la importancia de una buena protocolización en el estudio de los hemogramas y frotis de sangre periférica y del papel relevante de los Técnicos Especialistas de Laboratorio en el diagnóstico de estos casos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 283

ESTUDIO COMPARATIVO DEL FIBRINÓGENO DE CLAUSS VS FIBRINÓGENO DERIVADO DE LA ACTIVIDAD DE PROTROMBINA Y SU POSIBLE APLICACIÓN.

Autor/a/s: Laura Aguilar Amado, Mónica Cogolludo Sánchez, Carmen Pino Martín, Gema Pozo García, Ramiro Torrado Carrión y Verónica Cámara Hernández

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Getafe

Localidad: Getafe

Correo electrónico del primer firmante: laura.aguididi@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El fibrinógeno es una glucoproteína con un peso molecular de 340.000 Daltons presente en el plasma, sintetizada por las células

del parénquima hepático que participa en la hemostasia gracias a la acción de la trombina, que lo transforma en fibrina (principal constituyente proteico del coágulo). La importancia de la medición de los niveles de esta proteína radica en el hecho de que ésta se altera en una gran cantidad de patologías, y su determinación permite la detección y monitoreo de afecciones que pueden comprometer la vida del paciente. Niveles bajos de fibrinógeno (hipofibrinogenemia) o ausencia (afibrinogenemia) en plasma se asocian a un mayor riesgo de sangrado.

OBJETIVOS:

Comparar los valores de fibrinógeno obtenidos por el método derivado de la actividad de protrombina (fibrinógeno calculado), con los valores de fibrinógeno obtenidos a través del método del fibrinógeno de Clauss (método de referencia), y buscar su utilidad clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El periodo de recogida de muestras fue de un mes; siendo un total de 125 muestras de pacientes ($n = 125$) con distintos niveles de fibrinógeno. Todas las muestras se procesaron en un equipo Sysmex CS-2100i (Siemens). Se les realizó la actividad de protrombina, el fibrinógeno de Clauss, y se calculó el fibrinógeno por el método derivado de la actividad de protrombina. El fibrinógeno calculado se obtiene por diferencia entre el punto de inicio de la reacción de la actividad de la protrombina y el punto final de ésta. Con la diferencia de las actividades, obtenemos una densidad óptica (dOD) que se extrapola a la recta de calibración del fibrinógeno, obteniéndose por cálculo la concentración del fibrinógeno (Gráfico 1). Una vez obtenidos los resultados procedimos al análisis estadístico, que consistió en realizar una recta de regresión y comparar los datos obtenidos por ambos métodos (Gráfico 2).

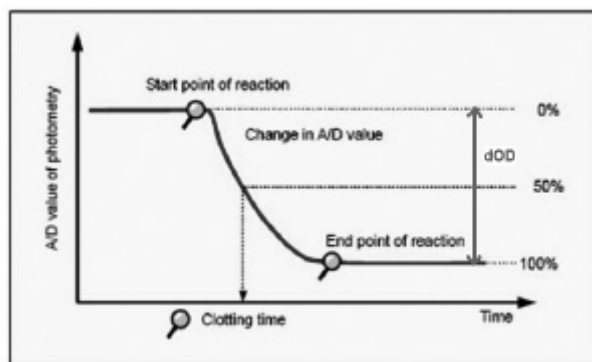


Gráfico 1

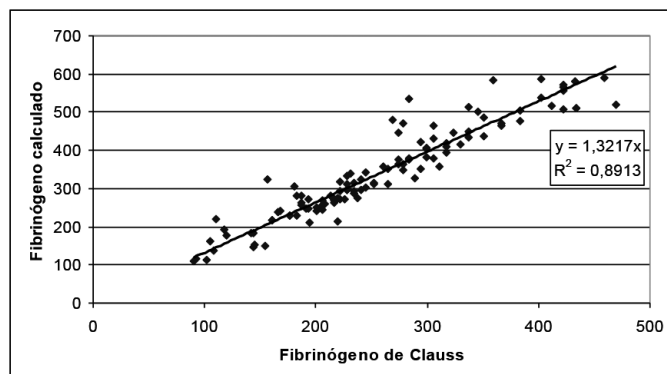


Gráfico 2

RESULTADOS:

Obtuvimos una buena correlación hasta concentraciones de 500 mg/dL, y observamos que los resultados de fibrinógeno calculado suelen ser valores sobreestimados. En 14 de las 125 muestras las concentraciones de fibrinógeno eran bajas. En el caso de los fibrinógenos calculados, el analizador nos daba una alarma que nos indicaba que el cálculo era imposible. Posteriormente lo comprobamos con el fibrinógeno de Clauss y nos confirmó esos niveles bajos de fibrinógeno en las 14 muestras.

CONCLUSIONES:

El método de elección para el cálculo de las concentraciones de fibrinógeno en plasma es el fibrinógeno de Clauss. Sin embargo, hemos observado que pese a que el método del fibrinógeno calculado sobrestima los resultados del fibrinógeno, posee buena correlación hasta concentraciones de 500mg/dL. Este método nos aseguraría la detección de todos los valores de fibrinógenos bajos, al realizar la determinación de la actividad de protrombina. El método derivado de la actividad de protrombina es de gran utilidad para detectar los casos en que las concentraciones son bajas, y por tanto aportar desde el laboratorio un dato de relevancia clínica al facultativo, sin incrementar el gasto, siendo fácil y rápido. Estos datos se deben de confirmar por el método de referencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 304

ANÁLISIS DE LAS LINFOCITOSIS EN HEMATIMERIA; APLICACIÓN DE LA CITOMETRÍA DE FLUJO PARA EL RECuento DIFERENCIAL

Autor/a/s: Angeles Sánchez Porras, Adelaida Martín Guerrero, Miriam González Crespo, Montserrat Prieto Grueso, Miriam Díaz Roldán.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Vall d'Hebron.

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: masanchezp73@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los avances tecnológicos de los últimos años han hecho de la hematimetría una herramienta muy útil a la hora de evaluar los parámetros directamente relacionados con los elementos celulares de la sangre periférica. Los autos analizadores Sysmex poseen diferentes canales para el análisis de las diferentes líneas celulares.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados de los diferentes scattegramas y la microscopía óptica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Tubo EDTA K3.

Auto analizador Sysmex-XN 900 Series (Roche).

Tinción MGG (May- Grünwald Giensa).

Frotis de sangre periférica.

Microscopio óptico.

El autoanalizador hematológico Sysmex XN 900 realiza el análisis de las muestras por impedancia para Eritrocitos y Plaquetas obteniendo histogramas, y mediante citometría de flujo analiza las células nucleadas y el diferencial leucocitario, scattegramas. Posee un canal de WPC para cribar entre la población blástica y la de anormal Linfos.

Se valora la dispersión celular así como las diferentes alarmas y se compara con los resultados obtenidos al microscopio óptico.

RESULTADOS:

Se analizan las alarmas y diferentes scattegramas de 85 pacientes y se observa la siguiente tabla:

Linfocitos reactivos	23%	
Linfocitos granulares		
Linfocitos atípico		
Linfocitos Tipo LLC	6%	
Linfocito vellosos		

CONCLUSIONES:

La alarma ATIPICAL-LINFOS nos orienta a un proceso reactivo (linfocitos estimulados) que se confirman la mayoría de veces al microscopio óptico.

La alarma de ANORMAL-LINFOS es de obligada revisión, puesto que la heterogeneidad de la población debe cribarse.

Destacar que cuando se observaron linfocitos de tipo LLC (leucemia linfocítica crónica) se realizó el estudio pertinente y se confirmó dicha LLC.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 311

PROTOCOLO ANTE SOSPECHA DE HEMOGLOBINOPATÍA

Autor/a/s: Aranzazu López Bardeci*, María Jose Bañuelos Benes*, Edurne LLorente Alegre*. Julia Moreno Morillo*, María Lidina Martín González

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Álava

Localidad: Vitoria-Gasteiz

Correo electrónico del primer firmante: aran.bardeci@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La hemoglobina es una hemoproteína localizada en los eritrocitos cuya principal función es transportar el oxígeno de la sangre, y también el dióxido de carbono y el ion hidrógeno. Además, funciona como tampón ácido-básico.

Cada molécula está constituida por dos pares de cadenas polipeptídicas, denominadas globinas, unidas no covalentemente, cada una de ellas, con un grupo prostético denominado hemo, que contiene un átomo de hierro (II) que forma un complejo de coordinación con los nitrógenos pirrólicos. Los dos pares de cadenas polipeptídicas dan lugar a las distintas moléculas de hemoglobina: Hb A ($\pm 2 + 2$); Hb A2 ($\pm 2 + 2$); Hb F ($\pm 2 + 32$); Hb E ($\pm 2 + \mu 2$); Hb Barts (34); Hb H (4).

La medición de la concentración de hemoglobina en la sangre y de su concentración y contenido en los eritrocitos sirve para el diagnóstico y seguimiento de la anemia y la eritrocitosis, así como para el estudio de los envenenamientos por plomo (saturismo) y arsénico, la esferocitosis hereditaria, las hemoglobinopatías y las talasemias, que es lo que en este estudio nos acontece.

La talasemia es un trastorno sanguíneo hereditario causado por mutaciones en los genes reguladores y transmitido como un trastorno recesivo autosómico, lo que da lugar a una reducción en la tasa de la síntesis de una de las cadenas de globina que constituyen la hemoglobina.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En nuestro servicio de Hematología del Centro hospitalario Universitario de Álava, procedemos al estudio de las diferentes hemoglobinas patológicas ante la sospecha de Talasemia o rasgo talasémico. El procesamiento analítico de hemoglobinas patológicas es realizado en sangre total con EDTA mediante HPLC (cromatografía de intercambio iónico de fase reversa) en el aparato AUTO A1c HA-8140.

Este estudio de las Hemoglobinas A2, Fetal, S y C y sus correspondientes diagnósticos son llevados a cabo por nuestro equipo tras descartar ferropenia, de manera que, en el momento de la validación añadimos el estudio de hemoglobinas patológicas a las muestras cuyos hemogramas nos dan indicios de tales patologías: Microcitosis (VCM bajo), Ancho de Distribución Eritrocitaria normal (ADE), Perfil férrico normal.

RESULTADOS:

Mediante un estudio retrospectivo con los datos del año 2015, procedemos a calcular qué porcentaje del total de los estudios de hemoglobinopatías que resultan positivas (con diagnóstico definitivo de Talasemia o Rasgo talasémico) han sido añadidos por nuestro equipo.

A lo largo del año 2015 se ha procedido a realizar un total 511 testes en búsqueda de Hemoglobinopatías.

De estas 511 peticiones, 282 muestras resultaron positivas (Talasemia o Rasgo talasémico), suponiendo un 55.2%.

Del total de pacientes diagnosticadas con Talasemia o Rasgo talasémico (282), 151 fueron añadidas por nosotras en base a sus valores del hemograma.

CONCLUSIONES:

El 40,7% de las muestras que han resultado positivas en nuestro laboratorio han sido añadidas por el servicio de Hematología.

DETERMINACIONES EN EL LABORATORIO DEL ESTUDIO DE TROMBOFILIAS: EXPERIENCIA DEL HOSPITAL LUCUS AUGUSTI

Autor/a/s: López Vila, María Fe; Vázquez López, Guadalupe; González Martínez, Lucía; Prieto Rego, María Belén; Arias López, María del Pilar; Dr. Calviño Suarez, Michael; Dra. Fontanes Trabazo, Emilia; Arrojo López, María Luisa; Dr. Arias Sampedro, Jesús.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Lucus Augusti

Localidad: Lugo

Correo electrónico del primer firmante: mflopvil@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La trombofilia es la propensión a desarrollar trombosis debido a alteraciones en el sistema de la coagulación. En función del origen puede ser hereditaria o adquirida. Es fundamental su detección ya que tiene valor pronóstico marcado, e implica cambios en el tratamiento y seguimiento de los pacientes.

OBJETIVOS:

Se realiza un estudio retrospectivo de carácter observacional para ver la rentabilidad de los estudios básicos de trombofilia en el Laboratorio de Hematología del Hospital LucusAugusti.

MATERIAL Y MÉTODOS:

se recogen los datos de los estudios realizados entre 16-Diciembre-2010 hasta el 8-Septiembre-2016, un total de 573 muestras de 557 pacientes, excluyéndose las muestras repetidas o no valorables, donde se evaluaron los siguientes parámetros: número de plaquetas, leucocitos, ratio del Tiempo de Protrombina, ratio del Tiempo de Tromboplastina Parcial Activada, ratio del Tiempo de Trombina, Fibrinógeno por el método Claus, Antitrombina III, Proteína C, Proteína S; factor VIII, Homocisteína, anticuerpos anticardiolipina ACA-(IgM e IgG), anticuerpos Anti-beta2 glicoproteína -B2- (IgM e IgG) y el análisis de si eran portadores o no de la mutación 1601 del Gen del Factor V Leiden y la mutación GA20210 del Gen de la Protrombina (en este estudio no se comunica el Anticoagulante Lúpico por problemas técnicos). Los métodos están sujetos a los controles de calidad ofrecidos por la SEHH.

MÉTODOS:

se recogen los datos de las muestras realizadas en el Laboratorio, almacenadas en la base de datos del programa Modulab Gold, realizando los análisis con el programa STATA 14.

RESULTADOS:

el 59,17% eran mujeres, con una media de edad de 42,69 años (SD 15); con una cifra de plaquetas normales (150-300.000/mm³) el 90% de los casos, con un 6,5% elevadas (>300.000/mm³). En el 45,32% el estudio era normal, una alteración en el 30,58% y dos o más alteraciones en el 24,22%. Aquellos que al menos tenían eran más frecuente en mujeres (59,06%) sin asociación estadística del Ji-Cuadrado ($p=0.525$) en esta muestra. Las alteraciones más frecuentes fueron para la Homocisteína (13,17%), la Proteína S (11,72%) y la Proteína C (10,09%), seguidas de la mutaciones de la Protrombina (9,74%) y el Factor V Leiden (8,97%). Menos frecuentes fueron el déficit de Antitrombina III (4,23%), ACAs IgM (2,40% positivos, 7,95 indeterminado), ACAs IgG (0,74% positivo, 2,40 indeterminado), B2 IgM (1,97% positivos, 0,79% indeterminados), B2 IgG (1,97%, positivos 0,79% indeterminados). Se objetiva una relación entre el sexo masculino y elevación de Homocisteinemia en sangre ($p<0,05$) y sexo masculino y descenso de la Proteína S, siendo el resto de los estudios de asociación negativos entre las distintas variables así como la edad y el sexo. Sólo el 0,92% tenía elevación mayor de 300% de los niveles de FVIII plasmáticos (normal 50-150 %) con un 38% de las muestras con elevación leve (150-300%).

CONCLUSIONES:

La rentabilidad del estudio de trombofilia en nuestro hospital se sitúa en el 54,32%, presentando como alteraciones más frecuentes el déficit de Proteína S y la Homocisteína, en pacientes orientados en fun-

ción de la presencia o relación familiar de un evento tromboembólico; reflejándose en esta muestra una asociación con el sexo masculino, probablemente sesgada por la selección de los casos.

IMPLANTACIÓN DE PROTOCOLO "TIPAJE Y ESCRUTINIO EN CIRUGIAS PROGRAMADAS DEL HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTO REAL (CÁDIZ)"

Autor/a/s: Carmen Bellido Guerrero/ Dolores Pavón Iglesias/ Dra Marta Sánchez Ramirez

Centro de trabajo: Servicio de Inmunohematología Hospital Universitario Puerto Real S.A.S

Localidad: PUERTO REAL

Correo electrónico del primer firmante: melabellidoguerrero@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La programación quirúrgica desde el Servicio de Banco de Sangre conllevaba la Investigación de Anticuerpos, tipaje de grupo sanguíneo más prueba cruzada con reserva de sangre para el paciente. Actualmente, dicha práctica se ha modificado en lo que a la reserva de hemoderivados se refiere, y en aquellos casos en que el paciente requiera transfundirse, se suministra al servicio quirúrgico los hemoderivados isogrupo que precisen.

Consensuado y programado por los Servicios de Anestesia y Banco de Sangre de este Hospital, se implanta desde el año 2016 que en las peticiones de cirugías programadas tan solo se incluya el tipaje y escrutinio de anticuerpos sin reserva de sangre, con la excepción de la existencia de algún anticuerpo en el receptor, en cuyo caso no se podría omitir la prueba cruzada compatible y la consiguiente reserva de hemoderivados.

La implantación de dicho protocolo, se llevó a cabo tras un estudio analítico de la práctica transfusional durante el acto quirúrgico, según necesidades dependientes del tipo de cirugías que se ofrecen en este centro y seguir cubriendo de igual forma las necesidades de las mismas.

OBJETIVOS:

Analizar el cumplimiento del protocolo implantado.

Revisar posibles efectos adversos y subsanarlos.

Verificar que la desprogramación de la reserva de hemoderivados, no ha originado un déficit en la calidad asistencial en aquellas cirugías que precisaron transfundir al paciente.

Contribuir a la continuidad de una actividad transfusional segura.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo en el Servicio de Inmunohematología del Hospital Universitario Puerto Real, S.A.S. (Cádiz) durante el año 2016.

La base del estudio fue el Protocolo de solicitud de tipaje y escrutinio para las cirugías programadas remitidas al Banco de Sangre, así como el seguimiento de la trazabilidad de dichas solicitudes, junto a las demandas de transfusión quirúrgicas.

RESULTADOS:

De 825 solicitudes remitidas al Servicio de Banco de Sangre para quirófanos programados:

117 pacientes requirieron transfusión durante la intervención.

39 pacientes necesitaron transfundirse en la Unidad de Recuperación Postquirúrgica (URP).

CONCLUSIONES:

Mejora protocolizada, donde se hace una disponibilidad real del número total de concentrados de hematies para el uso por el centro hospitalario, evitando la inmovilización de hemoderivados durante 48 horas tras las intervenciones.

Se minimiza la rotura de la cadena de frío de todos los componentes sanguíneos, evitando su manipulación fuera de las neveras.

Se agiliza la técnica.

Se evitan caducidades innecesarias de las unidades de sangre.

Se optimiza la utilización de reactivos y materiales fungibles.

Se consigue idéntica rapidez y eficiencia, dando una respuesta inmediata por parte del Servicio de Hemoterapia a la demanda de componentes sanguíneos durante las intervenciones quirúrgicas, manteniendo la calidad asistencial, de soporte y de seguridad transfusional.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 319

INCIDENCIA DE ALOINMUNIZACIONES MATERNO-FETALES REVISIÓN AÑOS 2015/16

Autor/a/s: Carmen Bellido Guerrero, Dolores Pavón Iglesias, Dra Martha Sánchez Ramírez

Centro de trabajo: Servicio de Inmunohematología Hospital Universitario Puerto Real S.A.S.

Localidad: PUERTO REAL

Correo electrónico del primer firmante: melabellidoguerrero@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La incompatibilidad eritrocitaria materno-fetal puede inducir la producción de Inmunoglobulinas maternas, IgG capaces de traspasar la barrera placentaria (aloinmunización), dirigidas contra la presencia de antígenos eritrocitarios fetales y ausentes en la madre. Los hematíes son destruidos por el sistema retículo endotelial fetal tras la reacción Antígeno Anticuerpo provocando una anemia de origen inmunológico llamada Enfermedad Hemolítica Perinatal (EHP).

Esta Enfermedad Hemolítica neonatal puede ser clasificada de leve a severa, según el grado de anemia y niveles de bilirrubina; leve con valores de Hemoglobina >12mg/dl y bilirrubina no mayor de 16-20g/dl y no requiere tratamiento postnatal o solo fototerapia, severa con datos de hemólisis intraútero en fase tempranas de gestación.

OBJETIVOS:

Analizar la incidencia de mujeres gestantes aloinmunizadas, con monitorización del Anticuerpo durante embarazo, y, correlación de Recién Nacidos con Coombs Directo positivo y datos de hemólisis por incompatibilidad feto materna ABO o por anticuerpos Irregulares.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo, años 2015/16, en servicio de Inmunohematología del Hospital Universitario Puerto Real (Cádiz), sobre mujeres gestantes con identificación de anticuerpos, de especificidades que pueden provocar Enfermedad Hemolítica Perinatal, así como en Recién Nacidos con especificidad positiva IgG y Coombs Directo positivo.

Protocolo inmunohematológico materno-fetal Hospital Universitario Puerto Real:

- Tipificación ABO, Rh, fenotipo eritrocitario, test de Coombs indirecto en sangre materna (Investigación de Anticuerpos Irregulares) en tarjeta liss Coombs a 37°C e identificación del anticuerpo.
- Monitorización del anticuerpo positivo durante todo el embarazo y después del parto.
- Tipificación ABO RhDVI+DVI- y Coombs Directo del recién nacido.
- Datos de laboratorio de hemólisis en recién nacido ante Coombs Directo positivo.
- Identificación del anticuerpo en madre.
- Técnica de Eluido en hematíes del recién nacido e identificación del anticuerpo en eluato.

RESULTADOS:

De un total de 2970 partos, a 85 Recién nacidos (2'86 %) se les detectó Coombs Directo positivo de especificidad IgG inmune por incompatibilidad ABO (anti-A 76 casos y Anti-B 9 casos).

En un porcentaje menor destacamos aloinmunización feto-materna por anticuerpos irregulares: 4 casos en sistemas Rh(CEce), entre ellos un auto anti-c; 1 caso en sistema Kell; 1 caso en sistema Duffy; y 1 caso sistema Kidd. Solo en una madre se detectaron dos anticuerpos anti-E y anti-c, testados en Eluido de hematíes del recién nacido.

Se dan casos de gestantes con anticuerpo IgG con títulos bajos durante el embarazo, que desaparecieron en el último trimestre, y cuyos hijos tienen Coombs directo negativo.

Por último, casos de madres no aloinmunizadas en primer trimestre y sin seguimiento en el tercero, con hijos nacidos con test de Coombs positivo detectándose el anticuerpo a títulos no muy altos en la madre.

CONCLUSIONES:

La aloinmunización feto-materna más frecuente es debida a la incompatibilidad de los grupos sanguíneos ABO.

Los casos reportados por anticuerpos irregulares son de una incidencia menor, siendo no obstante los que pueden provocar la Enfermedad Hemolítica Severa al Recién Nacido.

Importancia del estudio inmunohematológico también en tercer trimestre del embarazo.

La prevalencia de los distintos anticuerpos en las diferentes madres, no provocó altos índices de hemólisis en los recién nacidos, oscilando bilirrubinemias no superiores a más de 5g/dl y Hemoglobinas no inferiores a 12 g/dl.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 321

RELACIÓN DEL ESTUDIO BÁSICO DE COAGULACIÓN CON EL DIAGNÓSTICO DE LA TROMBOSIS VENOSA PROFUNDA

Autor/a/s: MARÍA CONCEPCIÓN VEGA VARGAS, ROSA MARÍA VELA COLMENERO, MILAGROS OCAÑA LÓPEZ, ANA MARÍA COLMENERO MARTOS Y ELENA TORRES CARRASCO.

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO - QUIRÚRGICO

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: mcw0104@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Un frecuente motivo de consulta y duda diagnóstica en los servicios de urgencias de los hospitales es la trombosis venosa profunda (TVP). Requiere una valoración clínica y exploraciones complementarias, entre las que destaca el estudio de coagulación, por su valoración del estado trombotico del torrente sanguíneo.

Para confirmar el diagnóstico se precisa de realización de pruebas de imagen.

OBJETIVOS:

Estudiar la utilidad del estudio básico de coagulación en los pacientes que ingresan por sospecha de TVP.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron 260 ingresos por sospecha de TVP.

No se contaron:

Los que estaban en tratamiento con anticoagulantes orales.

Los que no tenían estudio de coagulación urgente.

Se utilizaron los autoanalizadores ACLTOP 300 (IZASA).

- La actividad de protrombina se expresa en %. Como variable normal (75 - 120%) y patológica (< 75 %, >120%)

- El tiempo de cefalina TPTA se expresa en s. Como variable normal (24 37 s) y patológica (<24 s, >37s)

- El tiempo de protrombina PT se expresa en s. Como variable normal (10 15 s) y patológica (<10 s, >15 s)

- El fibrinógeno se expresa en g/l. Rango de normalidad (2 6 g/l) y patológico (<2 g/l, > 6 g/l).

RESULTADOS:

1) Actividad Protrombina (TPA) 3) Tiempo de Protrombina (TP)

Pacientes con TPV: -131 normal Pacientes con TPV: -104 normal

-9 patológica -36 patológica

Pacientes sin TPV: -109 normal Pacientes sin TPV: -86 normal

- 11 patológica

-32 patológica

2) Tiempo de cefalina (TTPA)

4) Fibrinógeno

Pacientes con TPV: -126 normal Pacientes con TPV: -70 normal

-15 patológica -73 patológica

Pacientes sin TPV: -106 normal Pacientes sin TPV: -55 normal

-13 patológica -62 patológica

CONCLUSIONES:

El estudio básico de coagulación no aporta información suficiente para la valoración sobre la presencia de TVP en pacientes que ingresan por sospecha de esta patología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 347

VALORACIÓN DE LA INDICACIÓN DE LAS PRUEBAS DE COAGULACIÓN EN URGENCIAS HOSPITALARIAS Y SU REPERCUSIÓN ECONÓMICA

Autor/a/s: Carmen Palomar Zorío, Olga Terrazas Sánchez, Esther Domínguez Safón, Núria Ramirez Lozano, Vanesa Arona Martínez, Victoria Franch López, Miguel Verchili Madrid, Inmaculada Igualada Lozar, Trinidad Bellés Ecrig, Inés Adell Selma, Loli Pardo Hernandez, Manuela Badenes Climent, María Mas Esteve y Guillermo Cañigral Ferrando.

Centro de trabajo: H.G.U de Castellón

Localidad: Castellón de la Plana

Correo electrónico del primer firmante: mpalomarzorio@gmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La coagulación es una prueba analítica que se pide a los pacientes en urgencias para determinar su correcta hemostasia. Los pacientes que son subsidiarios de la realización de pruebas de coagulación son aquellos que están en tratamiento anticoagulante, los que presentan trastornos hemorrágicos a su llegada al hospital (sangrado cutáneo, sangrado mucoso y otras localizaciones) o trastornos trombóticos, los que presentan algún traumatismo, los potencialmente quirúrgicos, los que presenten alguna enfermedad hepática y los oncohematológicos.

OBJETIVOS:

Determinar la idoneidad de petición de analítica de coagulación en puertas de urgencia del Hospital Universitario de Castellón y valorar el coste económico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Analizamos a 200 pacientes procedentes de Urgencias del hospital, en edades comprendidas entre los 12 y los 102 años, de los cuales 105 (55%) son hombres y 95 (45%) mujeres. De estos 200 pacientes consideramos evaluables 182 y no evaluables 18 (por no tener acceso a información suficiente). A los evaluables se les revisaron los resultados de la analítica de coagulación, para valorar si estaba alterada. Se revisó si eran potencialmente quirúrgicos, si tenían trastornos hemorrágicos, si habían sufrido trombosis o embolia, padecido traumatismos, enfermedad hepática, si eran pacientes oncohematológicos o anticoagulados. Si estos pacientes presentaban por lo menos algún parámetro anterior o la analítica estaba alterada, considerábamos que la petición de coagulación estaba justificada.

RESULTADOS:

De estos 182 pacientes, la coagulación se vió alterada en 44 (24%) de ellos, siendo normal en 138 (76%). Potencialmente quirúrgicos 28 (15%), no quirúrgicos 154 (85%). Con trastornos hemorrágicos 11 (7%), sin trastornos hemorrágicos 169 (93%). Con Trombosis o embolia 11 (7%), sin trombosis 169 (93%). Con traumatismos 8 (4%), sin traumatismos 174 (96%). Con enfermedades hepáticas 9 (5%), sin enfermedades hepáticas 173 (95%). Con enfermedades oncohematológicas 9 (5%), sin enfermedades oncohematológicas 173 (95%).

Anticoagulados 19 (10%), sin tratamiento anticoagulante 163 (90%). De estas 182 peticiones, 70 (38%) de ellas estaban justificadas, frente a las 112 (62%) que no. Si esto lo trasladamos a cifras económicas, partiendo de que el coste de una coagulación en nuestro centro es de 10,41 euros. Al realizar 200 analíticas, el gasto fue de 2.082 euros. Si sólo se hubieran solicitado las justificadas el ahorro hubiera sido de 1.166 euros. En nuestro hospital en el periodo de un año se realizan 24.492 coagulaciones procedentes de urgencias, con un gasto estimado de 254.961 euros. Si estimamos que el 62% de las pruebas de coagulación no estarían indicadas (15.072 en un año) podríamos alcanzar un ahorro económico en nuestro hospital de 156.899 euros.

CONCLUSIONES:

- Número significativo de pruebas de coagulación con indicación inadecuada en el área de urgencias.

- La información y la formación en el uso racional de las pruebas analíticas, resulta fundamental para potenciar la eficiencia y rentabilidad del proceso analítico.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 349

ALTERNATIVA AL USO DEL REACTIVO DE TIEMPO DE REPTILASA PARA DETECCIÓN DE MUESTRAS HEPARINIZADAS

Autor/a/s: Castro Fàbregas, Anna M^a; Iranzo Nuez, Leticia; Berlanga Caro, Rosalia; Santamaria Ortiz, Amparo; Cortina Giner, Vicente

Centro de trabajo: Hospital Vall d'Hebron

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: anna_castro_63@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En el laboratorio de hemostasia, dentro del ámbito hospitalario, es importante precisar las muestras con tiempos de tromboplastina parcial activada (aPTT) prolongados debido a la presencia de heparina para evitar la realización de estudios adicionales innecesarios y costosos. Tradicionalmente, para el screening de muestras heparinizadas se han venido utilizando en paralelo el tiempo de trombina (TT), sensible a la presencia de heparina, y el tiempo de reptilasa (TR), un reactivo a base de cierto veneno de serpiente análogo de la trombina, que sin embargo no se ve afectado cuando la muestra está heparinizada. El proceder habitual en el laboratorio de hemostasia prevé que ante un aPTT alargado se generen el TT y el TR. Básicamente, se concluye que hay heparina si el TT está prolongado y el TR es normal. Ya que el reactivo de TR suele ser relativamente caro y no todos los laboratorios de coagulación cuentan con él, este trabajo supone un intento para evaluar alguna alternativa más económica y accesible para la detección de muestras heparinizadas.

OBJETIVOS:

Se pretende comprobar si el reactivo de TR puede ser substituido por el reactivo usado para cuantificar fibrinógeno por método de Clauss (FC), cuya formulación consiste en trombina a concentración elevada, para determinar si la alteración del APTT se debe a la presencia de heparina.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se tomaron muestras de plasma citratado de un grupo de pacientes heparinizados (N=54) y de un grupo control no heparinizado (N=66), y se compararon estadísticamente los resultados de sus medidas de fibrinógeno Clauss en concentración y en segundos, y de sus medidas de fibrinógeno derivado (FD).

Todas las determinaciones se realizaron en los analizadores ACL TOP (LAS 700), de Instrumentation Laboratory (Werfen).

En cuanto a los reactivos empleados, el aPTT se midió con HemosIL Synthasil, el fibrinógeno derivado se midió con HemosIL Recombi-plastin 2G, el fibrinógeno Clauss se midió con HemosIL Fibrinogen C (concentración resultante de trombina, 35 NIH/ml) y el TT se midió con HemosIL Thrombin Time (concentración resultante de 1.9 NIH/ml). Todos estos materiales fueron de Instrumentation Laboratory

(Werfen). El TR se midió con reactivo Pefakit Reptilase Time de la firma Pentapharm (concentración equivalente de trombina de 1.13 NIH/ml)

El análisis estadístico se realizó por test T de Student para muestras no apareadas, asumiendo un nivel de significación del 0.05, mediante software Excel.

Se utilizaron 54 muestras de plasma citratado provenientes de pacientes tratados con heparina y aPTT alargados; 48 de las muestras presentaron TT incoagulable, mientras que en las 7 restantes el TT estaba claramente alargado (TT ratio entre 2.84 y 4.35); en todos estos casos, el TR fue normal, indicando la presencia de heparina en la muestra, lo cual fue además comprobado mediante consulta en el plan de medicación de la historia clínica de los pacientes.

Paralelamente se han analizado 66 muestras control de pacientes NO tratados con heparina, con valores de aPTT y FC normales.

A todas las muestras, tanto del grupo control como del grupo heparinizado, se les realizó la determinación de FD y FC, y se registraron las concentraciones de fibrinógeno por uno y otro método en g/l, y fundamentalmente, los tiempos de coagulación obtenidos con el reactivo de fibrinógeno Clauss, en segundos.

RESULTADOS:

	Control	Heparinizadas	P valor
N	66	54	N.a.
aPTT (s, media)	30.3	77.9	N.a.
aPTT (ratio, media)	1.0	3.6	N.a.
TT (s, media) (1)	N.a.	61.7	N.a.
TT (ratio, media) (1)	N.a.	3.4	N.a.
TR (s, media)	N.a.	23.6	N.a.
TR (ratio, media)	N.a.	1.0	N.a.
FC (g/l, media)	3.8	3.8	0,95
FC (s)	11.8	11.7	0,28
FD (g/l)	4.0	4.1	0,07

Las 48 muestras incoagulables no se han incluido para el cómputo de estos datos. Na: No aplica

CONCLUSIÓN:

El estudio permite concluir que no existen diferencias estadísticamente significativas entre los valores de Fibrinógeno Clauss de las muestras heparinizadas y las no heparinizadas, ni sobre todo en los tiempos de coagulación en segundos. Este hecho permite plantear la medida del tiempo de coagulación en segundos obtenida con el reactivo de FC como alternativa reactivo del TR, lo cual supondría un importante ahorro en términos económicos y la posible universalización de esta técnica de screening para determinar la presencia o no de heparina en muestras donde ésta resulte sospechosa.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 350

GOLPE DE CALOR

Autor/a/s: Panadero Tapia, Nuria; Jimenez Maroto Paloma; Llorente Ujado, Álvaro; Barrio Delgado, Carmen; Coronado Colorado, Jonathan

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: nurpana@yahoo.es

RESUMEN:

Caso clínico:

Varón de 41 años llega a urgencias con bajo nivel de conciencia e hipertermia de 42°C.

Se realiza una analítica en la que se incluyen hemograma, coagulación y bioquímica, nos vamos a centrar en la parte hematológica. Los resultados que obtuvimos nos llamaron la atención y sospechamos que el paciente pudiera tener alguna patología hematológica, por consiguiente seguimos estudiando el caso, avisando al hematólogo.

En el hemograma se observó una trombopenia no conocida de $36 \times 10^9/L$, con cifra normal de leucocitos ($11.81 \times 10^9/L$) y hemoglobina (15g/dL).

En la coagulación los resultados obtenidos indicaban coagulopatía grave con actividad de protrombina del 24%, TTPA prolongado (178 seg) e hipofibrinogenemia (63.00mg/dL).

En el frotis de SP se observaba un 5% de blastos de gran tamaño, con citoplasma basófilo abundante e hipogranular y núcleos de cromatina laxa, con 2-3 nucleolos claramente visibles, numerosas células linfoides y monocitoides con núcleo botrioides, neutrófilos hipersegmentados, células apoptóticas. anisotropía y ausencia de agregados plaquetarios. Eritroblastos 4-5/100 leucocitos.

Ante la sospecha de una leucemia aguda de curso fulminante y pese a que el paciente había fallecido minutos antes, se le mantuvo con respiración asistida, se realizó, de acuerdo con los familiares, un aspirado de médula ósea esternal. Se recogieron muestras para realizar cariotipo, RT-PCR del gen híbrido PML-RARalfa específico en la leucemia aguda promielocítica, citometría y se hicieron extensiones para ver la morfología al microscopio.

Frotis de médula ósea: Éste mostró células de aspecto inmaduro, con cromatina laxa y numerosos nucleolos de aspecto degenerativo, muchas con signos de apoptosis. Se observaban también células con núcleos botrioides y neutrófilos hipersegmentados.

Cariotipo en MO: fue normal (46,XY)

RT-PCR: PML-RARalfa que fue negativo

Citometría: El Inmunofenotipo mostraba una población que expresaba CD64+, CD13+, CD33+, CD15+, CD11b+, CD1a+d, CD4+d y MPO+, siendo DR, CD56 y CD117 negativos

RESULTADOS:

Tras descartar la existencia de una leucemia aguda, los hallazgos morfológicos descritos parecían estar en relación con el cuadro de golpe de calor del paciente.

CONCLUSIÓN:

La hipertermia extrema o golpe de calor puede producir alteraciones morfológicas en SP y MO consistentes en células inmaduras con numerosos nucleolos, células apoptóticas, núcleos botrioides e hipersegmentación de neutrófilos. Es necesario poner en relación estos hallazgos morfológicos con la clínica del paciente para hacer el diagnóstico diferencial con otros procesos hematológicos. Hay pocas descripciones de estos hallazgos en sangre periférica y, según nuestra revisión, esta es la primera en médula ósea.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 370

MUTACIONES DEL FACTOR V LEIDEN Y DE LA PROTROMBINA EN EL HOSPITAL LUCUS AUGUSTI. EXPERIENCIA DE UN CENTRO

Autor/a/s: (Consuelo Busto Peteiro; Helena Ferreira Díaz; Itziar Castro Neira; Patricia Coira Marín; Marina F. Fernández López; María Luísa Arrojo López; Emilia Fontanes Trabazo; Michael Calviño Suárez; Jesús Arias Sampedro

Centro de trabajo: Hospital Lucus Augusti

Localidad: Lugo

Correo electrónico del primer firmante: consuelo.busto@usc.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las mutaciones del Factor V Leiden (FVL) y G20210A de la Protrombina son factores de riesgo primario de la Enfermedad Tromboembólica, con una Odds Ratio de 4.9 y 3.8 aproximadamente para cada una de las mutaciones y cuando aparecen juntas la OR es del 20%.

OBJETIVO:

Realizamos un estudio observacional de carácter retrospectivo, para valorar la incidencia de detección en las muestras recibidas en el laboratorio de Hematología del Hospital Lucus Augusti.

MATERIAL:

Se revisan 533 pacientes donde se solicitó las mutaciones en dichos genes solicitados entre Dic-2011 y Ago-2016. Estos estudios se realizan en la Fundación Pública Galega de Medicina Xenómica. También se recogen los datos de número de plaquetas, leucocitos, Ratio del Tiempo de Protrombina, ratio del Tiempo de Tromboplastina Parcial Activada, ratio del Tiempo de Trombina, Fibrinógeno por el método Claus, Antitrombina III, Proteína C, Proteína S; factor VIII, Homocisteína.

MÉTODOS:

La detección del polimorfismo G20210A y de la mutación NM_000130.4:C 1601 G>A(p.Arg534Gln) del exón 10 del gen del factor V de la coagulación se realiza mediante reacción de discriminación alélica con sondas TacMan. El análisis estadístico se realiza con el programa STATA14.

RESULTADOS:

Se obtienen 100 mutaciones de 98 pacientes, representando 18,38% de los pacientes estudiados, con un 8,97% presentando la mutación del FVL y un 9,74% la mutación de la Protrombina existiendo dos pacientes, un 0,38% del total con las dos mutaciones.

Los pacientes que tenían la mutación del FVL tenían una media de edad al diagnóstico de 44,08 años (DE 15,89), siendo el 50% del sexo femenino, no presentando alteraciones asociadas en el 74,47%, y de las que presentaron fueron 10,87% aumento de la homocisteína, 8,51% déficit de Proteína C, 6,38% déficit de Proteína S, 4,26% déficit de ATIII, y ninguno de ellos elevación del FVIII plasmático ni descenso de fibrinógeno.

En cuanto a los pacientes que presentaron la mutación G20210A de la Protrombina tenían una edad media de 42,85 años (DS 19,84), el 44,23% del sexo femenino, no presentando alteraciones asociadas en el 57,69% no presenta ninguna alteración estudiada añadida. El 19,23% presentaron aumento de la homocisteína, el 17,31% descenso de la Proteína C, 5,77% descenso de la Proteína S, 3,85% elevación leve del FVIII plasmático, 3,85% descenso de la Antitrombina III.

Ambos grupos presentaban un nivel de plaquetas y un estudio de coagulación normal. Los estudios de asociación con Ji-cuadrado no muestran significación estadísticas entre las distintas variables.

CONCLUSIONES:

Aunque la muestra es escasa, y tratándose de un estudio descriptivo, parece que hasta un 25% de los pacientes con la mutación del FVL y un 42% de los que tenían la mutación para el G20210A de la protrombina se acompañaban de la alteración de otros factores protrombóticos en el momento del estudio, aunque estadísticamente no presente asociación en dicha muestra.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 400

ANÁLISIS DESCRIPTIVO DEL RECUENTO DE PLAQUETAS POR DOS MÉTODOS EN EL SYSMEX XN2000.

Autor/a/s: Vázquez Rodríguez, María Isabel. Fernández Fernández, Purificación. Barandela Cid, Jose Luis. Iglesias Fernández, Miriam.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Ourense

Localidad: Ourense

Correo electrónico del primer firmante: juanisaiwan@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En nuestro laboratorio, disponemos de autoanalizadores hematológicos Sysmex de la serie XN2000, los cuales disponen de forma rutinaria de dos metodologías de recuento de plaquetas: el método tradicional de impedancia (PLT-I) y el método óptico de citometría de flujo por fluorescencia (PLT-O). Además de éstos, dispone de un nuevo método capaz de identificar y contar las plaquetas utilizando un colorante fluorescente de oxazina (PLT-F), que la literatura refiere como más preciso en contajes bajos de número de plaquetas.

OBJETIVO:

Analizar de una manera descriptiva los distintos métodos de recuento de plaquetas, el método rutinario automático (PLT-I) y el nuevo método generado por el operador (PLT-F) en trombopenias (n° plaquetas $< \delta / = 100 \cdot 10^3 / \mu L$).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Fueron seleccionadas un total de 90 muestras de sangre periférica extraídas de la rutina diaria, las cuales presentaban un recuento de plaquetas $< \delta / = 100 \cdot 10^3 / \mu L$ por el método rutinario (PLT-I) tras ser analizadas por el XN2000 en el perfil CBC. Siempre dentro de las 4 horas posteriores a su extracción en tubos Vacutainer con anticoagulante K3EDTA. Dichas muestras presentaban estas características: 51 Mujeres y 39 hombres con 56,62 años de edad media. Según procedencia: 9 de Atención Primaria, 45 de Consultas Externas (23 de consultas externas del Servicio de Hematología) y 36 de Hospitalización (4 de ingresos del Servicio de Hematología). Una vez localizadas dichas muestras, se analizó en las mismas el n° de plaquetas fluorescentes a través del canal PLT-F.

RESULTADOS:

Los resultados del recuento de plaquetas por impedancia (PLT-I) se distribuían de esta manera: 71 muestras entre $100 \cdot 10^3 / \mu L - 50 \cdot 10^3 / \mu L$ plaquetas, 13 muestras entre $49 \cdot 10^3 / \mu L - 30 \cdot 10^3 / \mu L$ plaquetas y 6 muestras entre $29 \cdot 10^3 / \mu L - 0 \cdot 10^3 / \mu L$ plaquetas.

Diferencia entre: (N° PLT-I) (N° PLT-F)	0-10 ³ /μL	0-10 ³ /μL a +10-10 ³ /μL plaquetas	0-10 ³ /μL a -10-10 ³ /μL plaquetas	Diferencia mayor de +10-10 ³ /μL plaquetas	Diferencia mayor de -10-10 ³ /μL plaquetas
N° Muestras entre 100-10 ³ /μL - 50-10 ³ /μL plaquetas	17	33	11	5	5
N° Muestras entre 49-10 ³ /μL - 30-10 ³ /μL plaquetas	3	6	4	0	0
N° Muestras entre 29-10 ³ /μL - 0-10 ³ /μL plaquetas	4	1	1	0	0

CONCLUSIÓN:

En las trombopenias, es esencial la precisión en el recuento de plaquetas para tomar decisiones adecuadas, ya que valores disminuidos del n° de plaquetas están relacionados con un riesgo aumentado de hemorragias. Hemos comprobado que en el 24% de las muestras no hay diferencia, y de haberla sería en positivo respecto al contaje de plaquetas por impedancia en la

la mayoría de las muestras (68%). Esto puede sugerir que en contajes superiores $> 50 \cdot 10^3 / \mu L$ por el método rutinario (PLT-I) no tenga utilidad generar la petición del recuento plaquetario por el método de fluorescencia (PLT-F), ya que probablemente no tiene repercusión clínica ni de manejo transfusional en estos valores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 404

ELABORACION DE CONCENTRADOS DE PLAQUETAS A PARTIR DE CAPA LEUCOPLAQUETAR Y TRATAMIENTO CON MIRASOL®, ASPECTOS PARTICULARES.

Autor/a/s: Carrillo Guerra, David. Prado Riveiro, Silvia. Garcia Nieto, María Soledad. Brea Lopez, Ana. Dopico Veiga, Eva María. Piñero Mariño, Rebeca. Isasi Fernandez, Fernanda. Goas Ferreiro, María del Carmen. Varela Fernandez, Jose Angel. Vazquez Castro, Marcos.

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El suministro de Concentrados de Plaquetas (CP) a los hospitales de nuestra Comunidad se sustenta en la producción de CP procedentes de Sangre Total (ST) en un 65% y también en los CP procedentes de aféresis en un 35%. Ambos CP se someten a tecnología de reducción de patógenos (TRP).

Para dar respuesta a la demanda de CP es preciso elaborar CP-Pool procedentes de capa leucoplaquetar o Buffy Coat (BC) de unidades de ST extraídas de mañana, fraccionadas por la tarde y los BCs se almacenan a 22°C durante toda la noche overnight (media de 14 a 16 horas), hasta la elaboración del CP-pool al día siguiente.

A finales del año 2016 se introdujo en rutina el dispositivo Tacsí® para elaboración de CP Pool y también se implantó en rutina la TRP Mirasol®.

OBJETIVO:

Valorar si los BCs que han estado almacenados overnight tienen diferencias cuantitativas en cuanto a la recuperación de plaquetas o si presentan más incidencias como presencia de agregados o contaminación hemática respecto a los BCs procedentes de ST extraída de tarde (la cual se almacena toda la noche a 22°C pre fraccionamiento) y que han estado almacenados menos de 8 horas fresh, hasta la elaboración del CP-pool.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para la preparación de los CP- Pool se procede a la unión de 5 BC isogrupo con la Solución Aditiva: SSP+ que incorpora potasio y magnesio en su composición, lo que aporta mejoras al metabolismo de las plaquetas, la proporción final de plasma/PAS es aproximadamente 38/62. La obtención final del CP Pool (centrifugación, separación, filtración) se hace en el dispositivo Tacsí® el cual nos permite el procesamiento de hasta 6 CP-Pool en un mismo proceso. Tras 2 horas de reposo se realiza inspección visual de cada CP para visualizar el remolino y detectar la posible presencia de agregados. Posteriormente se procede a TRP Mirasol® (Vitamina B2 + luz ultravioleta UV-B).

Se analiza la producción total de CP-pool en los dos últimos meses, y se recogen datos de A) 50 CP- Pool elaborados con BC almacenados toda la noche y B) 80 CP- Pool elaborados con BC almacenados menos de 8h y se valoran aspectos como el volumen y riqueza (pre y post TRP), la densidad del remolino, el volumen plaquetar medio (MPV) a día 2º, la presencia de agregados y de contaminación hemática.

RESULTADOS:

	Volumen pre TRP (mL)	PQx1011 pre TRP	Volumen post TRP (mL)	PQx1011 pos TRP	MPV (fL)
A) n=50	340±17.03	3.63±0.44	358±16.85	3.50±0.41	9.35±0.44
B) n=80	349±13	3.85±0.43	363.2±21.11	3.75±0.43	9.22±0.43

Los datos analizados reflejan una menor riqueza en los CP- Pool realizados con los BC overnight, aunque la recuperación plaquetar post TRP es similar en ambos casos.

A día 2º y 5º de almacenamiento los CP-pool exhiben un buen remolino puntuación 2 (se asigna de 0 a 2).

En la inspección visual de toda la producción de los últimos 2 meses-1.820 CP- Pool;

* No se detectaron agregados.

* Se han observado 26 incidencias correspondientes a distintos grados de contaminación hemática, de las cuales 15 corresponden a CP-Pool realizados con BC overnight y 11 a CP- Pool realizados con BC almacenados menos de 8 horas. En base al número de CP producidos siguiendo el esquema A) o B) podemos decir que la contaminación hemática detectada es 4 veces mayor en CP-pool producidos a partir de BCs almacenados toda la noche.

CONCLUSIONES:

Una primera valoración sobre los resultados de recuperación plaquetar en los CP -Pool elaborados con BCs almacenados overnight indica una tendencia de menor recuperación, pero con cifras que cumplen los requisitos que señalan los estándares y Guías. Para una valoración más completa se precisa completar el estudio cualitativo a lo largo de los 7 días de almacenamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 405

STUDIO DE ANTICUERPOS IRREGULARES, IDENTIFICACIÓN Y TITULACIÓN, DURANTE EL PERIODO 2013-2016 EN UN LABORATORIO DE RUTINA

Autor/a/s: Jimenez Checa Meritxell, Lao Bretones Rosa, Visiedo Badal Diana, Villalba Hernandez, Teresa

Centro de trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls-Terrassa

Correo electrónico del primer firmante: txell.80@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El test de Coombs indirecto (TCI) tiene como objetivo la detección de anticuerpos irregulares (anticuerpos dirigidos contra antígenos presentes en los hematíes) en el suero o plasma de los pacientes. Estos antígenos no son propios de los hematíes del paciente, se les denomina también aloanticuerpos, y son el resultado de la sensibilización del paciente a antígenos extraños para él como consecuencia de transfusiones, embarazos y en menor frecuencia los trasplantes de órganos sólidos.

Las consecuencias clínicas son, en un paciente que ha de recibir una transfusión, la reacción hemolítica que se produciría si la sangre a transfundir (los hematíes) presentase ese antígeno en su membrana, y en el caso de gestantes, la posibilidad de desencadenar enfermedad hemolítica neonatal si estos anticuerpos atraviesan la barrera placentaria y reaccionan frente a los antígenos presentes en los hematíes fetales.

OBJETIVOS:

- Analizar los resultados del TCI analizados en nuestro laboratorio, el número total y el porcentaje de resultados positivos

- En aquellos con TCI positivo, conocer las especificidades encontradas y la titulación de estos test.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Muestras recibidas en el laboratorio de rutina (408000 hemogramas y 11600 TCI en 2016, con un 60% de actividad correspondiente a analíticas de atención primaria)

El TCI se realiza mediante técnica automática (sistema ORTHO autovue innova), con células Surgiscreen 0.8% (3 células) y la identificación de anticuerpos irregulares con el panel 0.8% Resolve Panel de 11 células. No se realiza screening ni identificación en fase enzimática. Una vez identificado, de forma manual se procede a la titulación de dicho anticuerpo mediante diluciones seriadas.

Realizamos un análisis retrospectivo de resultados obtenidos en el periodo comprendido entre 2013 y 2016.

RESULTADOS:

En el periodo 2013-2016 se realizaron en nuestro laboratorio de rutina (sin actividad transfusional) 46528 test de Coombs indirecto. El 99.3% se realizaron a mujeres (en su mayor parte controles durante la gestación) y el 0.6% se efectuaron a hombres. El 96.6% de los hombres y el 94% de mujeres tuvieron un resultado negativo. Solo se detectaron 2750 TCI positivos. Por especificidad, los hallazgos más frecuentes fueron:

ESPECIFICIDAD	Nº det	pacientes	% det
Anti-D	2023	1757	73,56
Anti-M	169	59	6,15

ESPECIFICIDAD	Nº det	pacientes	% det
Anti Lewis a /Anti Lewis b	119/34	53/14	4,33/1.24
Anti-E	33	19	1,20
Anti-c	16	8	0,58
Anti Kell	11	5	0,40
Sin especificidad aparente	213	194	7,75
Total general	2750	2200	100,00

Asociaciones de Ac halladas con mayor frecuencia

especificidades	N
D+C	3
D+K	7
D+Le b	3
D+M	4
D+E	18
Le a +Le b	12

En los pacientes con Anti-D, el 98.5% presentó una titulación en el intervalo 1/1 a 1/16.

CONCLUSIONES:

- El test de Coombs indirecto y la identificación de anticuerpos irregulares son muy importantes para prevenir la enfermedad hemolítica neonatal y se realizan de forma programada durante los controles de la gestación
- Los anticuerpos identificados con mayor frecuencia corresponden a Anti-D con baja titulación, secundario a la administración profiláctica de Anti-D a las gestantes Rh negativas durante el control del embarazo
- Se ha de realizar una investigación exhaustiva de otros posibles aloanticuerpos por potencial riesgo fetal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 411

LEUCEMIA DE CÉLULAS PLASMÁTICAS. DESCRIPCIÓN DE CASOS DIAGNOSTICADOS EN UN LABORATORIO CENTRAL DEL VALLES OCCIDENTAL

Autor/a/s: Lao Bretones Rosa, Jimenez Checa Meritxell, González Lerida Mireia, Luque Josefina, Medina Ugarelli Jorge, Ramos Gonzalez Nerea, Villalba Hernandez Teresa.

Centro de trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls-Terrassa

Correo electrónico del primer firmante: rosala24@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Leucemia de Células Plasmáticas (LCP) es una variante poco frecuente y agresiva del Mieloma Múltiple (MM) que se define por la presencia de células plasmáticas circulantes en sangre periférica en un número superior al 20% o superior a 2x10⁹/L. Representa el 2-4% de todos los diagnósticos de MM y clínicamente puede ser de novo (primario) o secundario a una transformación leucémica de un MM previamente diagnosticado.

Nuestro laboratorio, CATLAB, recibe muestras de tres hospitales y 43 centros de atención primaria que abarcan una población aproximada de 1.020.000 habitantes del Valles Occidental - Barcelona, con una actividad aproximada de 500.000 hemogramas/año.

OBJETIVOS:

Describir las características clínicas de las LCP diagnosticadas a partir de la revisión del frotis de sangre periférica en CATLAB, los últimos 7 años.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se revisaron las historias clínicas, las analíticas, el inmunofenotipo y la citogenética de los pacientes diagnosticados de LCP en nuestro laboratorio desde Enero 2009 a Diciembre 2016.

Los hemogramas se realizaron por una cadena de analizadores Sysmex XE (Roche) y los frotis de sangre periférica por un Extensor-Tefñidor SP-1000 (Roche) hasta Febrero del 2015; y posteriormente por analizadores Sysmex XN (Roche) y Extensor-Tefñidor SP-10. La revisión del frotis se realizó mediante el Cellavision DM96 y por microscopía óptica.

En citometría el laboratorio cuenta con el Preparador de muestras SP-1 (vacutainer) BD y un citómetro de flujo FacsCalibur BD (2 lasers/4colores).

En Inmunología contamos con los analizadores Capillary2 Sebia e Hydrasys2 Sebia para la realización de proteinogramas e inmunofijación. Las Beta-2 Microglobulinas se realizaron en el analizador SPA plus (Binding site).

En Bioquímica las muestras se procesaron por el Cobas 711 (Roche) hasta Diciembre 2014 y posteriormente por el Cobas 8000 módulo 702 (Roche).

RESULTADOS:

Se diagnosticaron un total de 8 LCP con más de 20% o 2x10⁹/L de células plasmáticas en sangre periférica; el 62,5% (n=5) fueron primarios (LCPp) y el 37,5% (n=3) secundarios (LCPs). El 62,5% (n=5) fueron mujeres y el 37,5% (n=3) hombres. La media de edad fue 65,5 años (45-86). El 87,5% (n=7) presentaron una Hb < 10g/dL; el 37,5% (n=3) una creatinina elevada; 25% (n=2) hipercalcemia (todos LCPp); y 25% (n=2) un componente monoclonal > 30g/L (todos LCPp). De las LCPp, 3 tenían afectación ósea al diagnóstico. La monosomía del cromosoma 13, característica de esta patología se observó en 3 pacientes, todos LCPp.

En los histogramas WDF(SFL/SSC) se observó una nube desplazada hacia arriba en la región de monocitos, que correspondían a las células plasmáticas; con la consiguiente discrepancia entre el recuento de monocitos por el analizador y la fórmula manual.

CONCLUSIONES:

- Las monocitosis por encima de 1x10⁹/L deben revisarse al microscopio junto con el histograma. Una discrepancia entre el analizador y el recuento manual, podría indicar la presencia de células patológicas.
- Una correcta revisión e interpretación del frotis sanguíneo es importante para el diagnóstico de hemopatías malignas.
- El diagnóstico integrado entre las distintas áreas de hematología es indispensable para el diagnóstico y pronóstico de estas enfermedades.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 430

INHIBICIÓN DE ANTÍGENO CD38, PARA ESTUDIOS DE COMPATIBILIDAD SANGUÍNEA.

Autor/a/s: Francisco Javier Pico Fernández, María Jose Nuñez Ascariz, Clara López Perez, María Carmen Losada Baliña.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Lucus Augusti

Localidad: Lugo

Correo electrónico primer firmante: francisco.javier.pico.fernandez@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El ditiotreitol (DTT), actúan principalmente sobre las uniones disulfuro (-S-S-) reduciéndolas a (-SH, HS-), de tal manera que las subunidades de la IgM se separan de la cadena "J" que las mantiene unidas y pierden su actividad, desnaturalizando en este proceso los antígenos del sistema Kell, (excepto Kx), a su vez, esta modificación del medio produce una mejora de la afinidad de los antígenos por anticuerpos con efecto dosis (Sistema MNSs). El DTT se une a la proteína del CD38 o cúmulo de diferenciación 38 presente en baja dosis en la membrana del eritrocito, eliminado de esta forma la interferencia provocada por los AcM antiCD38 (Daratumumab) en las pruebas de compatibilidad, el Daratumumab es el tratamiento de elección como tercera línea en los Mielomas Múltiples; aprobado para su uso en humanos por la

FDA en noviembre de 2015, pero tiene como contraindicación, la interferencia por positivización de todas las pruebas de compatibilidad sanguínea. Las concentraciones hematíes/DTT descritas en la bibliografía, provocan frecuentemente lisis de los hematíes, y por tanto se ha de ajustar esta proporción de forma individualizada a cada caso, del mismo modo, no existe una técnica descrita para el sistema de trabajo más común a día de hoy en los Servicios de Transfusión, las columnas de gel.

OBJETIVO:

-Determinar la concentración óptima de trabajo que produzca la inhibición del antígeno CD38 de la membrana de los eritrocitos, sin afectar a la viabilidad de los mismos; obteniendo con ello, una inhibición de los antígenos del sistema Kell, y a su vez, producir la inhibición de la interferencia provocada por Daratumumab.

-Desarrollar una técnica que permita la utilización de los hematíes tratados con DTT en las columnas de gel (tarjetas Biorad).

-Desarrollar y documentar una técnica que permita la utilización de hematíes tratados con DTT en columnas de gel.

MATERIALES:

DTT 0.2 molar, PBS pH:7.8-8.0; células ID-DiaCell (fenotipo conocido), Tarjetas ID-Card, centrifuga ID-Incubator, ID-centrifugate, pipetas Pasteur, tubos cristal 12mmx75mm, baño húmedo, Concentrado hematíes (fenotipo conocido), suero humano con presencia de anticuerpos anti-K, y anti-M, serocentrifuga.

MÉTODOS:

Se realizaron 10 estudios, tratando en un primer momento los hematíes con DTT, para luego enfrentarlos a, sueros de pacientes tratado con Daratumumab, suero humano con anti-Kell y Anti-M, y se realizó el fenotipo de dichos eritrocitos tratados con DTT.

Las células a estudios (ID-DiaCell o Concentrado de hematíes) centrifugar 2'a 300rpm, eliminar el sobrenadante, del sedimento obtener 12.5 µl y añadir: 37.5 µl DTT (proporción 1:3)50 µl DTT (proporción 1:4), 62,5 µl DTT (proporción 1:5), incubar 30'a 37°C, invirtiendo los tubos 4 veces cada 5', lavar 4 veces con PBS, el botón de hematíes del último lavado, se resuspendió en solución salina a concentración 0,8%. Añadir 50 µl de la solución a cada columna de gel, añadir 25 µl de suero a estudio, incubar 15'a 37°C, centrifugar y leer. Comparando los resultados con los ya conocidos previamente.

RESULTADOS:

En proporción 1:3.- Se obtuvo una inhibición de los antígenos sistema Kell (10 muestras), no se observó hemólisis de los hematíes, la potenciación de la reacción del anticuerpos anti-M, se mejoró de +2 a +3, pero en el fenotipo de los hematíes, se observó ligeros grumos en la parte superficial del gel, lo que podría ser interpretado como doble población celular. Situación que se reprodujo al valorar la inhibición de la interferencia por Daratumumab.

En proporción 1:4 y 1:5.- Se obtuvo una inhibición de los antígenos sistema Kell (10 muestras), no se observó hemólisis de los hematíes, la potenciación de la reacción del anticuerpos anti-M, se mejoró de +2 a +4, los fenotipos fueron de positividad o negatividades claras, y los sueros de los pacientes tratados con Daratumumab, se observó una inhibición completa de las interferencias.

CONCLUSIONES:

- Si bien, entre proporciones 1:4 y 1:5, apenas se han observados variaciones en los resultados, con el fin de optimizar recursos, y disminuir el riesgo de hemólisis (no observada a esas proporciones), creemos que la proporción ideal de eritrocitos/DTT es 1:4.

- El tratamiento previo con DTT, se ha demostrado eficaz en métodos de columna de gel, por lo menos en la casa valorada en este estudio (Biorad), permitiendo una reproductibilidad de los resultados y métodos descritos.

- El tratamiento con DTT, hematíes para estudios de sueros, con anticuerpos múltiples y que uno de ellos al menos sea del sistema Kell, produce la inhibición del mismo, y por lo tanto, facilita el estudio del resto de los anticuerpos presentes en ese suero.

- El tratamiento previo de hematíes con DTT, se ha demostrado eficaz, en la eliminación de las interferencias provocadas por Daratumumab, permitiendo de esta forma, una transfusión sanguínea segura.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 431

TRATAMIENTO CON DTT PARA ELIMINACIÓN DE INTERFERENCIAS EN PRUEBAS DE COMPATIBILIDAD PRODUCIDAS POR DARATUMUMAB.

Autor/a/s: María Carmen Losada Baliña, María José Núñez Ascariz, Clara López Pérez, Francisco Javier Pico Fernández.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Lucus Augusti

Localidad: Lugo

Dirección del primer firmante:

Correo electrónico del primer firmante: marilosval@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Daratumumab es un anticuerpo monoclonal humano que posee una gran afinidad contra el antígeno CD38, una proteína de superficie que está sobreexpresada en la mayor parte de las células del mieloma múltiple, provocando tras su unión con dicho antígeno la muerte de las células tumorales.

Su unión con la proteína CD38 presente en los eritrocitos interfiere en las pruebas de compatibilidad, incluido el cribado de anticuerpos y la prueba cruzada, no afectando a la determinación de grupo sanguíneo ABO y Rh.

El resultado positivo en la prueba de Coombs indirecta debido a Daratumumab puede persistir durante 6 meses tras la última perfusión

OBJETIVO:

Revertir la unión de daratumumab con la proteína CD38 presente en los hematíes y reducir éstas interferencias mediante el tratamiento de los eritrocitos reactivos con ditiotreitol (DTT) (el DTT actúa desnaturando el CD38 en la superficie celular)

MATERIAL:

Ditiotreitol (DTT); Solución salina tamponada con fosfato (PBS), pH 7.3; solución salina tamponada con fosfato (PBS), pH 8.0; tubos de ensayo; pipetas calibradas; pipetas desechables; células de detección al 0.8% (ID-DiaCell I-II-III); centrifuga de tubos (Dia Cent 12); centrifuga de tarjetas (ID centrifugue 24 S); Baño húmedo; tarjetas Liss Coombs (BIO RAD).

MÉTODO:

Se estudiaron muestras de plasma y suero de 5 pacientes tratados con Daratumumab.

Se trataron 1 volumen de concentrado de hematíes reactivo obtenido centrifugando 20 gotas de cada uno de los hematíes reactivo al 0.8% separando el sobrenadante (éste sobrenadante lo reservaremos) con 4 volúmenes de DTT 2.0M incubando la mezcla a 37°C durante 30 minutos

Se realizaron 4 lavados con solución salina tamponada con fosfato, pH 7.3 desechando el sobrenadante

Resuspendemos el botón de hematíes en el sobrenadante obtenido en el primer paso y con ello tendremos de nuevo hematíes reactivo al 0.8% tratados con DTT

Se realizaron las técnicas de detección de anticuerpos con estos hematíes

RESULTADOS:

En todos los casos tratados, tanto el estudio de anticuerpos irregulares como la prueba cruzada resultaron negativos CD38 en la superficie celular.

CONCLUSIONES:

El tratamiento de hematíes con DTT, se ha mostrado eficaz para eliminar la interferencia provocadas por Daratumumab.

INMUNOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 005

IMPORTANCIA DEL LABORATORIO CLÍNICO EN EL DIAGNÓSTICO DE UNA ENFERMEDAD AUTOINMUNE SISTÉMICA.

Autor/a/s: BORREGO PAREDES GEMMA, CALERO RUIZ MARÍA MERCEDES, DE BRINGAS POSADILLO MARÍA ESPERANZA, ARES DE VEGA AMALIA.

Centro de trabajo: UGC HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTA DEL MAR.

Localidad: CÁDIZ

Correo electrónico del primer firmante: confabulhadas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Una enfermedad autoinmune es aquella en la que las células del propio organismo se ven atacadas por el sistema inmune. Así el sistema inmunitario se convierte en agresor, atacando y destruyendo a los órganos y tejidos corporales sanos en vez de protegerlos. Actualmente las causas que las provocan son desconocidas aunque la influencia de ciertos medicamentos, predisposición genética, infección de determinadas bacterias y virus o incluso la exposición a algunos factores ambientales podrían ser los desencadenantes.

Éstas se pueden clasificar en enfermedades autoinmunes órgano específicas en la que se ve afectado un órgano o tejido y las autoinmunes sistémicas o no órgano específicas en las que la afectación es a más de un órgano o tejido.

OBJETIVOS:

Demostrar la importancia de las pruebas complementarias del laboratorio en el diagnóstico de estas enfermedades.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Caso clínico de una paciente mujer de 66 años que ingresa por un severo cuadro constitucional con postración importante y desnutrición severa por lo que inicialmente se realiza estudio en busca de neoplasia oculta sin hallazgos en las pruebas realizadas.

Todas las pruebas de bioquímica se realizaron en el Cobas 8000 de Roche DX, las de hematología por citometría de flujo de Sysmex y pruebas inmunológicas por inmunofluorescencia indirecta.

RESULTADOS:

En las pruebas complementarias realizadas en el laboratorio los resultados fueron:

Hemograma: Anemia microcítica hipocroma con plaquetas 228000/ μ L (VN 150000-400000/ μ L), leucocitosis 11800/L (VN 3500-11000/ μ L con neutrofilia 76% (Normal hasta el 75%)), Hb 11,2g/L (VN 13-17g/dl), VSG 87 (VN: <20).

Bioquímica: Cr 0,40 mg/dl (VN: 0,4-1,1 mg/dl), K 3,39 mEq/l (Valor de K en sangre 3,32 mmol/l), prot 5,5 g/dl (VN 6,4-8,3g/l), PCR 13,1 mg/l (VN 0-6mg/l), siendo el resto normal. Orina: Normal, microalbúmina negativa.

Proteinograma: Albúmina 1,7g/dL (VN: 3,7-5,3 g/dL) con aumento relativo de alfa₂.

Inmunoglobulinas normales C3 y C4 normal. Ac anticelíaquía: negativo Serología B, C y VIH negativo, brucella y lues negativo.

Autoinmunidad: ANA positivo con titulación 1/80 y patrón moteado, anti DNA, anti Sm-anti RPN, AntiSSA, AntiSSB, crioglobulinemias, AntiCCp negativos, ANCA positivo con titulación 1/20, C ANCA con patrón P-anca 23ui/ml.

Tras dicha valoración a la paciente se le ha administrado tratamiento esteroideo e inmunosupresor BOI K-1 iniciándose mejoría clínica. Actualmente continúa pendiente de resultado de biopsia muscular.

CONCLUSIÓN:

La positividad o aumento de ciertos parámetros en el laboratorio clínico como son los ANA y ANCA con patrón moteado, una leucocitosis y una PCR elevadas junto con otras pruebas complementarias son indicativos de que puede existir un trastorno de tipo autoinmune, confirmando así la sospecha clínica y pudiendo hacer un diagnóstico diferencial entre las diversas causas de síndrome constitucional severo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 020

MULTILOCUS SEQUENCE TYPING (MLST) DE SREPTOCOCCUS AGALACTIAE (EGB) CAUSANTES DE ENFERMEDAD NEONATAL

Autor/a/s: Moreno Casares, Antonia María; García Huertas, Eva María; Redondo Chozas, María Dolores; Delgado Salazar, Inmaculada; López Nevot, Miguel Ángel.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: tmcgranada@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Clásicamente se ha utilizado el serotipado como método de caracterización de las cepas de EGB. Se ha demostrado que existen determinados serotipos más relacionados con el desarrollo de la enfermedad neonatal como el III, la y V. Los nuevos métodos de tipificación molecular como MLST (Multilocus Sequence Typing), permiten diferenciar entre varios ST (Sequence Type), que aunque pertenezcan a un mismo serotipo, se diferencian por su potencial patógeno, de forma que pueden establecerse relaciones genotípicas entre las distintas cepas y también analizar de una forma global la distribución de los distintos genotipos.

OBJETIVO:

Con este estudio se pretende demostrar la asociación de ciertos serotipos en cepas de EGB con el desarrollo de la enfermedad neonatal y la gravedad de la misma.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron 24 cepas de EGB procedentes de infecciones neonatales, remitidas al laboratorio desde diferentes hospitales de Andalucía y otras comunidades autónomas. Se realizó la determinación genética mediante la técnica de MLST. El análisis de las secuencias se realizó con el software ABI PRISM del Secuenciador 3130 xL Genetic Analyser. El alineamiento de las secuencias obtenidas y la conformación de los perfiles de MLST se realizó a través de las aplicaciones de la página <http://pubmist.org/sagalactiae/>.

RESULTADOS:

De los 24 casos de infección neonatal, 17 fueron comienzo precoz y 7 de comienzo tardío. La distribución de los serotipos de las cepas fue la siguiente:

12 (50%) pertenecen al serotipo III

7 (29,2%) pertenecen al serotipo la

2 (8,3%) pertenecen a los serotipos V y IV respectivamente

1 (4,2%) pertenece al serotipo II

Mediante el análisis por MLST, se obtuvieron 7 cepas con ST 1, 7, 18, 28, 144 y 233 respectivamente, mientras que una de las cepas no pudo ser identificada con ninguno de los ST de la base de datos de MLST de EGB. El ST más frecuente fue el 17, de los 7 aislados que presentan este ST, 6 (71,4%) pertenecen al serotipo III y de los 3 aislados con ST 2, 1 fue de serotipo IV y 2 de serotipo III.

CONCLUSIONES:

Los serotipos y ST más frecuentemente caracterizados en nuestro

estudio, coinciden con aquellos relacionados con un mayor poder patogénico en la bibliografía consultada.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 022

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO FUNCIONAL PTPN22 QUE CODIFICA UNA PROTEÍNA FOSFATASA LINFOIDE Y LA ENFERMEDAD DE MENIERE BILATERAL

Autor/a/s: Moreno Casares Antonia María; García Huertas, Eva María; Delgado Salazar, Inmaculada; Gil Valencia, Josefa; Amezcua Molero, Carmen; López Nevot, Miguel Ángel.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: tmcgranada@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El síndrome de Meniere es una enfermedad que afecta al oído interno, causada por el aumento de endolinfa en el laberinto o por una inflamación del mismo, caracterizada principalmente por episodios de vértigo, que suele manifestarse muy acompañada de acúfenos o tinnitus (zumbidos en los oídos) e hipoacusia, siendo el acúfeno o tinnitus y la hipoacusia previos al vértigo.

La Enfermedad de Meniere Bilateral grave suele dar lugar a una pérdida auditiva neurosensorial severa o profunda y un desequilibrio crónico con pérdida de la función neuronal.

OBJETIVOS:

Estudio caso control de asociación entre PTPN22 y Enfermedad de Meniere.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizan en 52 pacientes con Enfermedad de Meniere Bilateral y 348 controles sanos la proteína funcional tirosina fosfatasa 22 (PTPN22) SNP (rs2476601, 1858C/T) y CTLA4 SNP (rs231775, 49^o/G) con el ensayo de discriminación alélica con sondas TaqMan (Applied Biosystems)

RESULTADOS:

No se encontró asociación entre el genotipo +49 A/G CTLA4 y los pacientes con Enfermedad de Meniere Bilateral. Sin embargo, el genotipo heterocigoto de PTPN22 1858 C/T estaba presente en una frecuencia significativamente más alta en pacientes con Enfermedad de Meniere Bilateral que en controles.

	Bilateral MD N = 52 (%)	Controls N = 348 (%)	OR (95% CI)	P Value
PTPN22 Genotype				
T/T	0	1 (0.3)		
C/T	12 (23.1)	41 (11.8)	2.25 (1.09-4.62)	.04
C/C	40 (76.9)	306 (87.9)	0.46 (0.22-0.94)	.05
Allele	2n = 104 (%)	2n = 696 (%)	1.98 (1.01-3.89)	.06
T	12 (11.5)	43 (6.2)		
C	92 (88.5)	653 (93.8)		

BMD = bilateral Meniere's disease, MD = Meniere's disease; OR = odds ratio; CI = confidence interval.

CONCLUSIONES:

Estos resultados sugieren que el genotipo PTPN22 1858 C/T puede conferir susceptibilidad diferencial en la Enfermedad de Meniere Bilateral en la población española y apoyar una etiología autoinmune para esta enfermedad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 027

DETECCIÓN DE ANTICUERPOS EN PACIENTES EN LISTA DE ESPERA DE TRASPLANTE RENAL MEDIANTE CITOMETRÍA NO CONVENCIONAL

Autor/a/s: Moreno Casares, Antonia María; García Huertas, Eva María; Gil Valencia, Josefa; Amezcua Molero, Carmen; Delgado Salazar, Inmaculada; Fuentes Requena, Gloria; López Nevot, Miguel Ángel.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: tmcgranada@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Se trata de un examen que se realiza periódicamente a los pacientes en lista de espera para trasplante renal y que monitoriza la presencia de anticuerpos citotóxicos anti-HLA. Utiliza las pruebas serológicas exponiendo suero del receptor a un panel de linfocitos T y B que expresan HLA representativos de la población. Las causas más comunes de sensibilización son las transfusiones de sangre, el embarazo y parto y un trasplante previo.

El objetivo de nuestro estudio es demostrar la importancia del seguimiento que se le hace a los pacientes antes de ser trasplantados.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Contamos con muestras de suero de 25 pacientes que están en lista de espera para trasplante renal recogidas durante el año 2016 en el Hospital Virgen de las Nieves de Granada para la elaboración de este trabajo. Para el procesamiento de las muestras y su análisis posterior contamos con el equipo Luminex 100 y el software LABScreen PRA.

Determinamos el porcentaje de células frente a las que reacciona el suero (PRA) como, si es posible, la determinación de las especificidades HLA reconocidas por los anticuerpos presentes en el suero. La determinación del grado de PRA permite clasificar a los pacientes en espera de trasplante renal en individuos con tasas elevadas de anticuerpos anti-HLA, que tendrán menos posibilidades de trasplantarse, e individuos con bajas tasas de anticuerpos anti-HLA que tendrán más posibilidades de trasplantarse, y tomar las medidas oportunas para favorecer el trasplante en caso de conseguir un riñón adecuado para aquellos pacientes con pocas posibilidades de trasplantarse. Además de esta preselección, es necesario asegurarse que no existen anticuerpos anti-HLA específicos frente al donante inmediatamente antes del trasplante, ya que, estos anticuerpos pueden dar lugar a un rechazo hiperagudo. Para evaluar la presencia de anticuerpos específicos frente al donante, inmediatamente antes del trasplante se realiza una prueba cruzada entre el suero del receptor y las células del donante.

RESULTADOS:

Después de haber establecido un umbral riguroso para la positividad, la sensibilidad del método fue satisfactoria, ya que todos los sueros CDC-positivos también resultaron positivos con el método Flow-PRA®. La discriminación entre anti-HLA clase I y clase II fue excelente. Además, se comprobó que todos los sueros responsables de un análisis cruzado por citometría de flujo positivo y un CDC-cross-match negativo en el momento de un trasplante putativo eran positivos con cuentas de Flow-PRA®. La especificidad fue excelente para la detección de anticuerpos anti-clase I ya que no se encontró suero falso positivo. Por otro lado, la especificidad fue menor para la detección anti-clase II, ya que se detectaron resultados falsos positivos del 9,6% (2/25) entre todos los sueros negativos ensayados.

CONCLUSIONES:

Esta técnica permite determinar de manera rápida la PRA y especificidad de los sueros de pacientes incluidos en lista de espera, no existiendo la demora en la obtención de resultados que se presentan con técnicas anteriores.

Sólo podría utilizarse para el estudio de anticuerpos anti-HLA presentes en el suero de pacientes en lista de espera, pero no en la prueba cruzada pretrasplante.

Hay que tener en cuenta que se requiere de un aparatado sofisticado y por lo tanto personal entrenado en el uso.

A pesar del desarrollo de diferentes técnicas para la detección de anticuerpos anti-HLA, la técnica de referencia sobre todo en el caso de la prueba cruzada pretrasplante continúa siendo la microlinfocitotoxicidad.

En general, nuestros resultados sugieren que Flow-PRA® debe ser de valor para el análisis anti-HLA antes del trasplante renal.

**ALELOS Y HAPLOTIPOS HLA EN CANARIAS (GRAN CANARIA).
MEZCLA DE POBLACIONES DE DIFERENTE ORIGEN**

Autor/a/s: González Henríquez María Isabel, Trejo Benítez María Ceferina, Padrón Pérez Norberto Tomás, Rivas García Eva, Martínez Laso Jorge.
Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil

Localidad: Las Palmas de Gran Canaria

Correo electrónico del primer firmante: isagonhen@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Estudio de la frecuencia de los alelos HLA de clase I y clase II, de los haplotipos HLA extendidos y los árboles filogenéticos en 215 individuos no relacionados, de los cuales tenían ancestros de al menos tres generaciones procedentes de Canarias.

OBJETIVOS:

El objetivo principal consiste en estudiar las diferentes aportaciones de otras poblaciones en la base genética de Canarias.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El ADN fue extraído a partir de sangre total siguiendo métodos estándar. Después se determinó el tipaje HLA clase I y II, utilizando tecnología Luminex. Los haplotipos se definieron en base a su aparición en al menos dos individuos y en asociaciones estadísticas de dos alelos. Los árboles filogenéticos se realizaron por métodos del Neighbour Joining.

RESULTADOS:

Una vez estudiados los 215 individuos, los resultados mostraron una primera contribución procedente de la población mediterránea del norte de África (probablemente de origen bereber); una segunda procedente de los ibero-norteafricanos (directamente de África del Norte o de la Península Ibérica); una tercera compuesta por poblaciones mediterráneas, mediterráneas europeas y europeas occidentales, llevadas por españoles (invasiones); una cuarta de las poblaciones atlántico/ibéricas y una última proveniente directamente de Europa del Norte evitando la Península Ibérica.

CONCLUSIONES:

Estos datos concluyen que el fondo genético actual de los habitantes de las Islas Canarias se ha generado a lo largo de los años de diferentes maneras con un sustrato bereber original y varias contribuciones generadas en diferentes invasiones.

estudiaron las especificidades de HLA-B que resultaron en los falsos positivos y en todos los dudosos obtenidos por citofluorometría.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Partiendo de sangre total y el monoclonal específico para la determinación del HLA-B*27 por citofluorometría y de ADN que se extrajo a partir de sangre total para la rt-PCR.

La determinación de citofluorometría se realiza en un citómetro (Navios) y la rt-PCR en el 7500 Fast Real Time

Las especificidades de HLA-B se determinaron por Luminex para una resolución intermedia en todos los grupos estudiados.

RESULTADOS:

La técnica de citofluorometría dió como resultados en n = 27 (24,3%) HLA-B27 positivos, n = 48 negativos y

n = 46 dudosos. Las tipificaciones HLA-B demostraron que todos los individuos HLA-B27 negativos fueron correctos, el 81,5% (n = 23) fueron positivos correctos y el 18,5% (n = 4) fueron falsos positivos. En cuanto a las muestras dudosas, el 89,1% (n = 41) fueron negativos y el 10,9% (n = 5) fueron positivos. Del grupo dudoso

(n = 46), se estudiaron tres subgrupos diferentes, dudoso (n = 10), negativo dudoso (n = 24) y positivo dudoso

(n = 12). En el caso de los dudosos, todos eran negativos para HLA-B*27, en el segundo grupo el 98,9% (n = 22) eran negativos y el 9,1% (n = 2) eran positivos y en el tercer grupo el 75% (n = 9) fueron negativos y el 25% (n = 3) fueron positivos. Por otro lado, se intentó estudiar las especificidades de HLA-B que resultaron en falsos positivos o en todos los dudosos (n = 50). Se realizó el tipaje HLA-B* por luminex para una resolución intermedia en estos grupos y en el grupo negativo real (n = 48). Los resultados fueron n = 24 B*07:02, n = 9 B*14:01, n = 5 B*37:01 y n = 2 B*42:02 en el grupo de falsos positivos y dudosos (80%) mientras que en el grupo de individuos negativos reales se encontraron n = 2 B*07:02, n = 1 B*14:01, n = 0 B*37:01, y n = 0 B*42:02 (6,2%) siendo esta diferencia estadísticamente significativa (p = 1,1x10⁻¹⁴).

CONCLUSIONES:

La especificidad es del 86,4% y la sensibilidad es el 71,8% en la técnica de citofluorometría y muestra que esta tecnología no es aconsejable para la determinación del HLA-B*27.

La técnica de rt-PCR con sondas TaqMan, se evaluó obteniendo una especificidad del 100% y una sensibilidad del 100% sin falsos positivos o negativos (sólo se pudo probar en las especificidades B*27:02, B*27:05, B*27:08 y B*27:12). Se recomienda esta tecnología en la determinación de los individuos HLA-B*27 positivos / negativos.

CONSECUENCIAS DEL DEFICIT DE ADHESION LEUCOCITARIA

Autor/a/s: García Pose María Asunción y Ogea González María Teresa

Centro de trabajo: HMI Teresa Herrera

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: asuncion.gp@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El déficit de adhesión leucocitaria (DAL) es una inmunodeficiencia primaria caracterizada por anomalías en los procesos de adhesión leucocitaria, leucocitosis grave e infecciones recurrentes. Es una enfermedad autosómica recesiva y en general los primeros síntomas aparecen durante la infancia. Se han descrito tres alteraciones distintas que son: la DAL1 caracterizada por infecciones graves y recurrentes. La LAD-2 que presenta leucocitosis, infecciones recurrentes, retraso grave en el crecimiento y déficit intelectual. La LAD-3 con infecciones graves y recurrentes y anomalías de coagulación graves. La DAL está provocada por la alteración de una de las etapas del proceso inflamatorio, en concreto, en la migración de los leucocitos desde los vasos sanguíneos a los lugares de infección. Los distintos tipos de déficit son motivados por mutaciones de distintos genes.

LA DETERMINACION DE HLA- B27 POR PCR EN TIEMPO REAL AUMENTA EN GRAN MEDIDA LA SENSIBILIDAD Y LA ESPECIFICIDAD EN RELACION A LA CITOFUOROMETRIA.

Autor/a/s: González Henríquez María Isabel, Trejo Benítez María Ceferina, Padrón Pérez Norberto Tomás, Rivas García Eva, Martínez Laso Jorge.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil

Localidad: LAS PALMAS DE G.C.

Correo electrónico del primer firmante: isagonhen@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Estudio comparativo de la determinación de HLA-B27 por técnicas de citofluorometría, rt-PCR y tipaje HLA-B por luminex en 111 individuos no relacionados.

OBJETIVOS:

El objetivo principal consiste en validar las técnicas de citofluorometría y por rt-PCR, para la determinación de HLA-B*27, y valorar la especificidad y la sensibilidad en las dos técnicas. Por otro lado, se

OBJETIVOS:

El diagnóstico se basa en las manifestaciones clínicas con infecciones bacterianas recurrentes sobre todo cutáneas, periodontitis, retraso en la cicatrización de heridas y retraso en desprendimiento del cordón umbilical. También se destaca la ausencia de formación de material purulento en las heridas.

Presencia de leucocitosis persistente con neutrofilia (absoluta) en los recuentos sanguíneos.

Deficiencia de las glucoproteínas adhesivas que hay en la superficie de los leucocitos que facilitan las interacciones celulares.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hemograma realizado mediante el contador hematológico ADVIA 2120 (Siemens).

Determinación por citometría de flujo de sangre periférica para el diagnóstico de DAL-1 y DAL-2 estudiando las adhesinas CD18 y CD15 respectivamente.

Realización de examen de agregación plaquetaria en los casos de DAL-3

Análisis genético que será el que confirme el diagnóstico.

RESULTADOS:

La persistencia de leucocitos anormalmente elevados, así como la neutropenia en los distintos controles analíticos provoca que se tenga en cuenta la clínica del paciente.

Los resultados de la citometría de flujo midiendo la expresión de las integrinas B en la superficie leucocitaria a través de anticuerpos monoclonales específicos nos encamina al diagnóstico.

En los casos de LAD-3 son importantes además de lo anterior las severas hemorragias que padecen los pacientes.

CONCLUSIÓN:

El pronóstico de los enfermos viene determinado por las infecciones recurrentes secundarias sobre todo a la alteración de los neutrófilos. El tratamiento se centra en el control de las infecciones e incluye la toma de antibióticos y en ciertos casos el trasplante de médula ósea que alarga la supervivencia de los pacientes. Los pacientes diagnosticados de DAL-1 y DAL-3 tienen una supervivencia menor a causa de una infección, los diagnosticados de LAD-2 tienen una esperanza de vida más larga.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 070

LOS ALELOS MÁS LARGOS DE PARP-1 QUE ABARCAN LA REGIÓN PROMOTORA PUEDEN CONFERIR PROTECCIÓN A LA ENFERMEDAD DE MENIERE BILATERAL

Autor/a/s: Moreno Casares, Antonia María; Gil Valencia, Josefa; Redondo Chozas, María Dolores; Amezcua Molero, Carmen; Delgado Salazar, Inmaculada; López Nevot, Miguel Ángel.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: tmcgranada@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Enfermedad de Meniere Bilateral es una enfermedad grave que afecta al oído interior que generalmente produce una pérdida auditiva neurosensorial severa o profunda y un desequilibrio crónico con pérdida de la función vestibular.

Parp-1 es una enzima nuclear que contribuye tanto a la muerte neuronal como a la supervivencia en condiciones de estrés, una situación que se produce en las neuronas del ganglio espiral después del desarrollo de hidropesía endolinfática.

OBJETIVOS:

Analizar los polimorfismos de microsatélites en la región promotora del gen PARP-1 y buscar variantes de riesgo y protección para la Enfermedad de Meniere Bilateral.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se compararon 80 pacientes de dos grupos étnicamente definidos con Enfermedad de Meniere Bilateral definida, de acuerdo con la escala diagnóstica de la Academia de Otorrinolaringología de cirugía de cabeza y cuello, con un grupo de 371 controles normales del mismo origen en un estudio multicéntrico prospectivo. Hemos desarrollado un protocolo de amplificación específica para determinar el microsatélite polimórfico PARP-1.

El microsatélite PARP-1 CA (5'-GATCCCCATCTCTTTCTTT-3' y 5'-AA-ATTGTGTAATGACTGCA-3') se seleccionó como marcador genético para investigar el papel del polimorfismo promotor PARP-1 en la susceptibilidad en la Enfermedad de Meniere Bilateral.

El microsatélite CA de PARP-1 tiene varios subtipos diferenciados por el número de repeticiones (10-12, 13, 14, 15, 16, 17-20)

RESULTADOS:

Encontramos que los alelos más largos (CA 17-20) tenían una frecuencia muy baja en Enfermedad de Meniere Bilateral.

(CA) _n	Control	Bilateral MD	χ^2	OR (95% CI)	Uncorrected p value	Corrected p value
10-12	528 (71.2%)	124 (77.5%)	2.64	0.72 (0.48-1.07)	0.127	NS
13	21 (2.8%)	2 (1.3%)	1.32	2.30 (0.53-9.91)	0.382	NS
14	4 (0.5%)	2 (1.3%)	1.01	0.43 (0.08-2.36)	0.289	NS
15	1 (0.1%)	1 (0.6%)	1.43	0.21 (0.01-3.45)	0.323	NS
16	125 (16.8%)	29 (18.1%)	0.15	0.91 (0.59-1.43)	0.784	NS
17-20	63 (8.5%)	2 (1.3%)	10.32	7.33 (1.77-30.27)	0.002	0.012

CONCLUSIONES:

Los resultados anteriores sugieren que de los alelos estudiados, son los más largos los que pueden conferir cierta protección contra la Enfermedad de Meniere Bilateral

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 133

PAPEL DEL GENOTIPO KIR DEL DONANTE EN EL TRASPLANTE DE PROGENITORES HEMATOPOYÉTICOS DE DONANTE HAPLOIDÉNTICO

Autor/a/s: Méndez López, Isabel María, Noria Rocamonde, Carmen, Fuentes Cuenca, María Salud, Ramos Abis, Mari Fé, Pascual Cascón, M^{ra} Jesús, Caballero González, Abelardo, Heiniger Mazo, Ana Isabel, Torío Ruiz, Alberto.

Centro de trabajo: 1 Laboratorio Inmunología, Servicio de Hematología, Hospital Regional de Málaga.

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: isabelmariamendezlopez@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En el trasplante de progenitores hematopoyéticos (PH) de donante haploidéntico (haplo-TPH), la alorreactividad mediada por células natural killer del donante con ligandos KIR (killer immunoglobulin-like receptor) del receptor puede contribuir al efecto injerto contra tumor.

Sin embargo, la selección del donante haploidéntico ideal no se realiza de forma estandarizada según el genotipo KIR expresado por los posibles donantes.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han analizado retrospectivamente 30 pacientes y sus donantes, sometidos a haplo-TPH en nuestro Centro entre 2013 y 2014. Todos los pacientes fueron acondicionados según esquema TBF (tiotepa, fludarabina, busulfán), con altas dosis de ciclofosfamida post-infusión (CyPT) de PH y tacrólimus como profilaxis de la enfermedad injerto contra receptor (EICR).

El genotipo KIR se determinó en donantes y receptores por PCR-SSO (KIR SSO Genotyping Test, One Lambda) con ADN genómico purificado de muestras de sangre periférica (QIAamp DNA Blood mini kit, Qiagen). Las variables genotípicas a estudio fueron: Haplotipo AA/Bx del donante, contenido B del donante (clasificado como neutral, better, best; según Cooley y cols., 2010), mismatches en KIR inhibidores, presencia de KIR2DS1 y KIR3DS1 en donante, mismatches en ligan-

dos KIR en dirección EICR, mismatches en ligandos KIR en dirección rechazo. Se analizó el impacto de estas variables del genotipo KIR en relación a la supervivencia global (SG), supervivencia libre de EICR, y supervivencia libre de enfermedad (SLE).

Objetivos: Analizar el papel que el genotipo KIR pueda tener en la evolución de los pacientes sometidos a haplo-TPH. Y valorar si la realización de esa determinación puede ser de utilidad a la hora de seleccionar el donante.

RESULTADOS:

A pesar del pequeño tamaño muestral, se encuentra significación estadística al analizar el efecto de la presencia de mismatches en ligandos KIR en dirección EICR en relación al diagnóstico de EICR crónico (54% vs. 100%; $p=0,004$). También se encuentra significación al comparar el efecto de la presencia del haplotipo AA o del haplotipo Bx del donante con el diagnóstico del EICR crónico (50% vs. 86%; $p=0,033$). No hemos encontrado significación estadística, a pesar de los datos previos en la literatura que relacionan la existencia de mismatches en KIR inhibidores o la presencia de ciertos genotipos KIR (2DS1+, 3DS1+) con la evolución post-trasplante respecto a la SG o SLE.

CONCLUSIÓN:

Nuestros resultados muestran que el genotipaje KIR puede aportar información de utilidad a la hora de elegir el donante para el trasplante haploidentico sin deplección T con altas dosis de CyPT. Aquellos donantes que poseen haplotipo Bx que no presenten incompatibilidades de ligandos KIR en dirección EICR posibilitarían un menor riesgo de EICR en sus receptores.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 167

ES LA TRANSGLUTAMINASA PREDICTOR DE LA ENFERMEDAD CELIACA?

Autor/a/s: M^a ANGELES SOLA SALABERRI, NURIA URTIAGA GOÑI, AS-MAE HAROU, WALTER RAUL HOLMAN, MARTA ECHEVERRIA PALACIOS

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE NAVARRA

Localidad: PAMPLONA

Correo electrónico del primer firmante: urbisola@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La enfermedad celiaca es un proceso inflamatorio crónico provocado por la ingestión de las proteínas del gluten presentes en el trigo y proteínas relacionadas, que se desarrolla en aquellos individuos genéticamente predispuestos, dando lugar a una intolerancia permanente al gluten y a una enteropatía inflamatoria con gravedad variable, aunque también pueden presentarse otras manifestaciones no digestivas. Puede aparecer a cualquier edad, y aunque es más frecuente durante la infancia y la adolescencia, también puede presentarse en edad adulta, incluso en pacientes de edad avanzada. Su diagnóstico requiere de la presencia en suero de anticuerpos antiendomiso y antitransglutaminasa, así como estudio genético (HLA) y biopsia intestinal.

OBJETIVOS:

Analizar la sensibilidad de la técnica de determinación de los anticuerpos antitransglutaminasa mediante el método de Quimioluminiscencia (Quanta flash IgA e IgG de Inova diagnostics) en nuestro laboratorio para el diagnóstico de la enfermedad celiaca.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Se utilizó el método de Quimioluminiscencia (Quanta flash IgA e IgG de Inova diagnostics) en el analizador automatizado de BIO FLASH de Inova Diagnostics para analizar los anticuerpos antitransglutaminasa con un valor de corte de >20 unidades arbitrarias de quimioluminiscencia durante el periodo Noviembre 2016 a Enero 2017 (3 meses). A aquellos casos positivos se les realizó anticuerpos antiendomiso Y también se consultaron los resultados obtenidos en el periodo Enero a Marzo de 2012 (3 meses) previo a la fusión de laboratorios. Se

procedió al estudio de los HLA y de algunas biopsias de los casos discrepantes del segundo periodo.

RESULTADOS:

En el primer periodo (2012) se han realizado un número de 1974 determinaciones de anticuerpos antitransglutaminasa obteniéndose 58 casos positivos y 1572 anticuerpos antiendomiso con 57 casos positivos. Se puede ver que en sólo un caso se produjo discrepancia.

Desde 2013, tras la unificación del laboratorio, el número de muestras se ha incrementado considerablemente, se analizaron en este caso 4158 anticuerpos antitransglutaminasas con 136 casos positivos y 1719 anticuerpos antiendomiso con 88 casos positivos. Se puede ver que la discrepancia fue de 48 casos y se comprobó que 32 eran heterocigotos para el antígeno DQ2 o DQ8 y otros casos presentaron biopsia positiva.

CONCLUSIONES:

Comprobamos que la mayoría de los pacientes con discrepancia eran de mediana edad, hombres y mujeres, lo que se podría relacionar con una alteración en la mucosa intestinal.

Este aumento de discrepancia puede sugerir una mayor sensibilidad de la técnica de Quimioluminiscencia utilizada en el segundo periodo (Noviembre 2016-Enero 2017) adelantándose la transglutaminasa a la presencia de la posterior enfermedad celiaca ya que se demostró la presencia de antígenos HLA DQ2 o DQ8, y también biopsias positivas en estos casos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 178

DIAGNÓSTICO INMUNOLÓGICO DE UN CASO DE MIOSITIS SECUNDARIA A ESTATINAS

Autor/a/s: López Montero, María Estibaliz; Moriana Alcaide, María del Rocío; Consuegra del Pozo, Rafael Carlos.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: alchares@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La miositis por estatinas es un efecto secundario conocido y poco frecuente, propio de los fármacos hipolipemiantes. Las estatinas son fármacos que se utilizan para disminuir los niveles plasmáticos de colesterol. La causa por el que producen miopatía es desconocida y el comienzo de la enfermedad puede ocurrir en cualquier momento desde el inicio de la administración del fármaco. Su identificación no es fácil, siendo la historia farmacológica del paciente esencial para su diagnóstico. La retirada del fármaco lleva a la curación de la enfermedad en la mayoría de los casos.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio fue presentar un caso clínico de miositis secundaria a la toma de estatinas, explicando los pasos que se dieron hasta su diagnóstico.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Una mujer de 74 años acude a urgencias con dificultad para caminar. Presenta empeoramiento progresivo de la movilidad con afectación de miembros superiores e inferiores. Sin antecedentes familiares de enfermedad muscular. Tomó estatinas durante dos años y después dejó el tratamiento por normalización de los niveles plasmáticos de colesterol. Es derivada a consulta de neurología donde se le realiza exploración completa de pares craneales. El resultado de la analítica de laboratorio muestra una elevación de las transaminasas, y particularmente, de la creatinina quinasa. La función renal y el hemograma resultan normales. Se decide ampliar estudio inmunológico y realizar biopsia muscular.

RESULTADOS:

Los análisis inmunológicos resultan negativos para la presencia de anticuerpos anti-nucleares y anti-músculo liso. La biopsia muscular

determina que se trata de una necrosis fibrilar sin depósitos o infiltrados inflamatorios significativos. La paciente presenta además anticuerpos frente a la enzima anti-HMG-coA reductasa. Los resultados determinan que se trata de una miositis secundaria a estatinas.

CONCLUSIONES:

Las estatinas son fármacos que se utilizan para el control plasmático del colesterol, siendo su diana de acción la encima HMG-coA reductasa. Entre sus efectos adversos figura el desarrollo de miopatías. El estudio inmunológico y la historia clínica del paciente resultan esenciales para determinar el diagnóstico diferencial.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 179

SÍNDROME OVERLAP HEPATITIS C Y HEPATITIS AUTOINMUNE: A PROPÓSITO DE UN CASO

Autor/a/s: López Montero, María Estíbaliz; Moriana Alcaide, María del Rocío; Consuegra del Pozo, Rafael Carlos.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Reina Sofía

Localidad: Córdoba

Correo electrónico del primer firmante: alchares@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El síndrome overlap se caracteriza por el solapamiento de hallazgos clínicos, analíticos, inmunológicos e histológicos tanto de hepatitis causada por infección del virus C como por hepatitis autoinmune.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio fue describir un caso excepcional de solapamiento de hepatitis vírica y hepatitis autoinmune.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Una mujer en edad pediátrica diagnosticada de hepatitis C de transmisión vertical en seguimiento por la unidad de digestivo, acude a revisión rutinaria por dolor abdominal ocasional y persistente. Sin tratamiento actual para la hepatitis por ser mala respondedora. Se solicita analítica inmunológica rutinaria, que históricamente había resultado negativa, y biopsia hepática.

RESULTADOS:

Los resultados de la analítica inmunológica indican la presencia de anticuerpos anti-LKM y anti-LC1, característicos de la hepatitis autoinmune tipo 2. Además, la paciente presenta anticuerpos anti-músculo liso, característicos de la hepatitis autoinmune tipo 1. La biopsia hepática muestra signos compatibles con hepatopatía crónica por virus de la hepatitis C y hepatitis autoinmune superpuesta, en estadio pre-cirrótico. El diagnóstico resulta ser síndrome overlap o superpuesta hepatitis C y hepatitis autoinmune tipo 1 y 2.

CONCLUSIONES:

El síndrome overlap hepatitis C y hepatitis autoinmune es una patología poco común y de difícil diagnóstico. En esta paciente, el diagnóstico se complica aún más por el hallazgo simultáneo de anticuerpos propios de la hepatitis autoinmune tipo 1 y de la hepatitis autoinmune tipo 2. Para diagnosticar el síndrome overlap como identidad independiente es necesario confirmar la co-existencia de ambas enfermedades individualmente. La realización de controles periódicos de autoanticuerpos resulta esencial, especialmente en pacientes de edad pediátrica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 181

COMPARACION ENTRE EL ALGORITMO CLASICO Y EL INVERSO PARA EL DIAGNOSTICO DE LA SIFILIS MEDIANTE DOS METODOS AUTOMATIZADOS. ESTUDIO PRELIMINAR

Autor/a/s: RAMOS PEREZ JULIA, PANERO JULIA, LOPEZ CABP ANA M., SANCHEZ HERNANDEZ M. DE LA PAZ, GARCIA GARCIA CARMEN, DE LA HIGUERA GALAN EMILIO JOSE, LOPEZ RAMOS IRENE, ORDUÑA DOMINGO ANTONIO

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE VALLADOLID

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: pucelana25abril@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

La sífilis es una enfermedad sistémica infecciosa producida por el *T. pallidum*. Su principal mecanismo de transmisión es el contacto directo con lesión productiva o por transmisión transplacentaria. Tradicionalmente el cribado serológico de la sífilis ha estado basado en pruebas de detección de anticuerpos reagínicos confirmándose posteriormente mediante la detección de anticuerpos específicos treponémicos. En los últimos años se han desarrollado técnicas de inmunoblot y enzimoimmunoensayo (EIA) basadas en la detección de anticuerpos frente a antígenos recombinantes específicos de *T. pallidum*. Algunas de estas técnicas se han automatizado y son utilizadas rutinariamente como cribado.

El objetivo de este trabajo es presentar los resultados preliminares de un estudio comparativo del algoritmo clásico de cribado y diagnóstico basado en la detección de anticuerpos reagínicos y el inverso basado en la detección automatizada de anticuerpo treponémicos. Además, hemos realizado una comparación entre las pruebas de Shyphilis TP (Abbott Laboratorios) y ElecsysSy philis (Roche Diagnostics)

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron 174 sueros procedentes de embarazadas, pacientes en los que se pretendía descartar una sífilis y aquellos en los que la prueba treponémica clásica (TPHA) no era concluyente.

El estudio consistió en la realización a todos los sueros de una prueba reagínica no treponémica, RPR- Carbon (Spinreact), así como TPHA (Spinreact), Shyphilis TP consistente en un CLIA de macropartículas recubiertas de antígeno y ElecsysSyphilis EIA tipo doble sándwich. Ambos ensayos detectan anticuerpos frente a los antígenos recombinables TpN15, TpN17, TpN47. A todos los sueros que presentaron positiva alguna de las pruebas se les realizó un inmunoblot (INNO-LIA SyphilisScore) que detecta anticuerpos frente a los antígenos TpN15, TpN17, TpN47 y TmpA.

RESULTADOS:

Comparando ambos algoritmos, observamos que mediante el algoritmo clásico de los 37 pacientes que presentaron todas las pruebas treponémicas positivas 16(9.2 %) fueron negativos en RPR. Por el contrario 9(5.2 %) pacientes RPR positivos fueron negativos en todas las pruebas treponémicas.

Mediante el algoritmo inverso empleado ElecsysSyphilis y comparándolo con TPHA se detectaron 6 falsos negativos (3.4 %) y un falso positivo (0.5 %) y se esclarecieron 29 resultados indeterminados (16.6 %) (21 positivos y 8 negativos); 27 de ellos con inmunoblot concluyente.

Utilizando SyphilisTP como cribado se detectaron 13(7.5 %) positividad adicionales que no se confirmaron mediante inmunoblot ni ElecsysSyphilis, cuyas reactividades fueron inferiores a 5 S/CO. Además, se obtuvo un resultado positivo cuyo TPHA fue indeterminado y que no se confirmó.

CONCLUSIONES:

La utilización del algoritmo clásico origina una pérdida sustancial de pacientes seropositivos en las pruebas treponémicas. En nuestra experiencia y con las características epidemiológicas del área sanitaria que cubrimos, el uso del algoritmo inverso hemos detectado todos los casos con lúes activa o curada.

Ambos sistemas tienen alta sensibilidad, con altos valores predictivos negativos, siendo ShyphilisTP menos específico que ElecsysSyphilis.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 240

EL ALELO HLA DE CLASE I B *18:01 INFLUYE EN LA EXPRESIÓN HEPATOCELULAR DEL DAÑO HEPÁTICO DE AMOXICILINA-CLAVULANATO. RESULTADOS EN PACIENTES ESPAÑOLES

Autor/a/s: Moreno Casares, Antonia María; Gil Valencia, Josefa; Redondo Chozas, María Dolores; Amezcua Molero, Carmen; Delgado Salazar,

Inmaculada; Rodríguez Morales, Olga Luciana; Fuentes Requena, Gloria; López Nevot, Miguel Ángel.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: tmcgranada@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La lesión hepática inducida por amoxicilina-clavulanato (AC-DILI) se expresa en su mayor parte como daño colestático / mixto (Chol/Mix) en las poblaciones del norte de Europa. Sin embargo, hasta el 30% de los españoles tienen daño hepatocelular (HC) AC-DILI, que puede tener una base genética.

OBJETIVOS:

Investigar posibles asociaciones entre los alelos HLA y la susceptibilidad al desarrollo de AC-DILI y determinar si estas asociaciones son fenotípicas específicas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realiza genotipado de alta resolución de los locus HLA Clase I (A, B y C) y Clase II (DRB1 y DQB1) por PCR con sondas oligonucleotídicas específicas de secuencia en 57 pacientes españoles diagnosticados con AC-DILI y 400 controles sanos de caucásicos.

RESULTADOS:

Se encontró que el alelo HLA Clase I B*18:01 era significativamente más frecuente en el tipo de DILI de daño HC (10 / 17,59%, P = 0,00005) y que está relacionado con casos de menor edad (55 vs 66 años), requiriendo hospitalización (76% vs 46%) y tener un peor pronóstico DILI (1 fallecimiento, 2 trasplantes de hígado frente a 0) en comparación con los alelos HLA de Clase II DRB1 *15: 01- DQB1 *06: 02, donde predomina el tipo Chol / Mix (12/13, 92%, P = 0,009). El alelo A *01:01 y el haplotipo DRB1 *07:01- DQB1 *02:02 desempeñan un papel protector en el desarrollo de AC-DILI (23,5% vs 7%, P = 0,006 y 30% vs 15% 0,03, respectivamente).

CONCLUSIONES:

Por lo tanto podemos concluir, que el alelo de HLA de Clase I B *18:01 predispone a AC-DILI de tipo daño HC con peor resultado, mientras que el haplotipo de Clase II DRB1*15:01- DQB1*06: 02 juega un papel en un daño de Chol / Mix.

Las diferencias étnicas en las frecuencias de los alelos B*18:01 podrían explicar variaciones potenciales en la manifestación hepatocelular AC-DILI entre diferentes poblaciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 257

RELACION ENTRE EL GEN HLA B57 Y EL TRATAMIENTO CON ABACAVIR EN PACIENTES HIV.

Autor/a/s: MARIA JOSE REDONDO GRAO, CAROLINA TORMO GARCIA, JOSE JAVIER SIGÜENZA RIQUELME, ANGELES HERNANDEZ SANCHEZ

Centro de trabajo: HOSPITAL VEGA BAJA ORIHUELA

Correo electrónico del primer firmante: REDONDOGRAO@GMAIL.COM

INTRODUCCIÓN:

El complejo HLA ayuda al sistema inmunológico a distinguir las proteínas del propio cuerpo de las proteínas producidas por los invasores extranjeros, como los virus y las bacterias.

HLA-B es parte de una familia de genes llamados el complejo de antígeno leucocitario humano (HLA). Tiene muchas variaciones posibles, se conocen cientos de versiones (alelos) y se les da un número en particular.

El ABACAVIR (ABC) es un fármaco inhibidor de la transcriptasa inversa, análogos de nucleósidos, utilizado desde el año 1999. Actúa disminuyendo la cantidad de HIV en la sangre y la probabilidad del desarrollo de inmunodeficiencia adquirida (SIDA) y otras enfermedades relacionadas con el HIV. Por ello, es muy importante el análisis del HLA B57 en pacientes con HIV, para saber si son sensibles o no.

MÉTODOS:

El estudio se realizó en el hospital universitario Vega Baja en un periodo de tiempo comprendido entre Junio de 2015 y Diciembre de 2016.

Con la colaboración de la Unidad de Enfermedades Infecciosas (UEI) y el Servicio de Farmacia. Se incluyeron los pacientes a los que se les había dispensado tratamiento para HIV, a los cuales se les había realizado la prueba del Gen HLA B57 y quienes de ellos son sensibles al Abacavir. Las variables incluidas son, sexo, edad y tratamiento, confección de tabla de Excel de pacientes HLAB 57 tratados con Abacavir.

OBJETIVOS:

Estudio estadístico descriptivo del gen HLA B57 en pacientes sensibles o no al (ABC) del servicio de (UEI).

RESULTADOS:

Se incluyeron 169 Pacientes cuya franja de edad está comprendida entre 21 y 74 años, del total el 72.78% fueron varones y el 27.22% Mujeres.

CONCLUSIONES:

A 19 de estos pacientes (11.24%) se les realizó la prueba del gen HLA B57 y son tratados con Abacavir. El 36.84% fueron mujeres y el 63.16% fueron varones, el resto son tratados con otros retrovirales. La sensibilidad de este gen es determinante para el tratamiento con Abacavir.

BIBLIOGRAFÍA:

<http://www.operon.es/products/hlab5701strip>. <http://www.losmicrobios.com.ar/microbios/?p=477>

<https://medlineplus.gov/spanish/druginfo/meds/a699012-es.html>

<http://www.docsalud.com/articulo/569/gen-inusual-act%C3%BA-como-mecanismo-de-inmunidad-para-no-desarrollar-sida>

<https://infosida.nih.gov/drugs/257/abacavir/0/patient>

https://www.drugs.com/mtm_esp/abacavir.html

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 258

METASTASIS MURINAS MANTENIDAS OCULTAS Y EN EQUILIBRIO POR LA ACCIÓN DE LOS LINFOCITOS T.

Autor/a/s: LINARES DICKLER ISABEL, RODRÍGUEZ FERNÁNDEZ ANA ISABEL, ROMERO GARCIA IRENE, RODRÍGUEZ MARTÍN ANA BELÉN Y GARCIA LORA ÁNGEL MIGUEL.

Centro de trabajo: Hospital Univeristario Virgen de las Nieves

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: isa80ld@hotmail.com

INTRODUCCIÓN:

Hemos desarrollado en nuestro laboratorio, un sistema tumoral murino compuesto por varios clones de un fibrosarcoma inducido por 3-metilcolantreno y metástasis derivadas de estos clones en ratones Balb/c. Varios de estos clones son capaces de generar metástasis espontáneas en ratones inmunocompetentes, pero uno de ellos, el clon GR9-B11, no genera metástasis espontáneas en ratones Balb/c inmunocompetentes con independencia de la dosis de células inyectada.

OBJETIVOS:

Nos presupone determinar si la incapacidad de invadir tejidos es una característica intrínseca del clon GR9-B11, por su incapacidad para completar todos los pasos del proceso metastásico, o por el contrario, pueden existir células metástasis residuales en los tejidos pero que se encuentran en un estado de latencia mantenido por el sistema inmune.

MÉTODOS:

- Ensayos de metástasis espontáneas en ratones Balb/c inmunocompetentes e inmunodeficiente nu/nu.

- Protocolos de inmunodepleción mediante aplicación de anticuerpos monoclonales, de células T CD4 (anti-CD4) y T CD8 (anti-CD8) en ratones Balb/c inmunocompetentes.

RESULTADOS:

La línea tumoral GR9-B11 no genera metástasis espontánea en ratones inmunocompetentes. En ensayos de supervivencia los ratones permanecieron libres de enfermedad después de un año. Conocida la

incapacidad del clon GR9-B11 para generar metástasis, se realizaron ensayos de metástasis espontáneas en ratones de la misma cepa pero inmunodeficientes (nude). Así podemos descartar o confirmar si las células T está jugando un papel protagonista impidiendo la propagación del clon GR9-B11 en los tejidos. Sorprendentemente, al realizar la autopsia a los ratones nude, confirmamos la presencia de metástasis pulmonares en un 80% de los huéspedes.

Los ensayos con ratones desnudos mostraron como GR9-B11 sólo es capaz de desarrollar metástasis pulmonares en ausencia de linfocitos T. Estos resultado nos hizo sospechar que, en los ratones inmunocompetentes las células metastásicas estaban siendo controladas por los linfocitos T en un estado de "latencia". Para analizar esta posibilidad, diseñamos un nuevo experimento inyectando B11-GR9 en tres grupos de diez ratones inmunocompetentes. A los 20-22 días los tumores locales fueron extirpados y el día 112, un primer grupo de diez ratones se sacrificaron y se les realizó la autopsia no encontrando metástasis. El día 113, un grupo de 10 ratones comenzó a ser tratado semanalmente con anticuerpos anti-CD4/-CD8 y el otro grupo de 10 ratones con inmunoglobulina control, en ambos grupos el tratamiento se realizó durante tres meses y, finalmente, todos los ratones fueron eutanasiados. En el grupo tratado con inmunoglobulina control los ratones no desarrollaron metástasis. Por el contrario, el grupo tratado con anticuerpos anti CD4/-CD8, el 100% de ratones desarrollaron metástasis pulmonares (rango 3-62).

CONCLUSIONES:

Estos resultados indican que las metástasis han permanecido en un estado de equilibrio con el sistema inmune durante 3 meses, y solo han abandonado este estado de latencia cuando suprimimos la inmunidad adaptativa.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 259

TRICOSTATIN A INDUCE LA EXPRESIÓN SUPERFICIAL DE MOLÉCULAS MHC DE CLASE I EN CÉLULAS TUMORALES IN VITRO.

Autor/a/s: LINARES DICKLER ISABEL, RODRÍGUEZ FERNÁNDEZ ANA ISABEL, ROMERO GARCÍA IRENE, RODRÍGUEZ MARTÍN ANA BELÉN Y GARCÍA LORA ÁNGEL MIGUEL.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Virgen de las Nieves

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: isa80ld@hotmail.com

INTRODUCCIÓN:

Los cambios en la biología de las células tumorales están condicionados por la reprogramación epigenética y genética, siendo la inestabilidad genética una característica esencial de la oncogénesis y el posterior escape del tumor de la vigilancia inmune. Inhibidores de la histona deacetilasa (HDAC) como Trichostatin A (TSA), son productos químicos que modulan la expresión de los genes por mecanismos epigenéticos y por ello afectan a la proliferación celular, la diferenciación y la apoptosis. Las acciones anteriores, lo convierten en un fármaco prometedor para el tratamiento del cáncer, actualmente se realizan con TSA ensayos clínicos en fase I y II.

OBJETIVO:

Determinar si existe una regulación de la expresión superficial de moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad de clase I (MHC-I) mediante mecanismos epigenéticos en dos líneas celulares de fibrosarcoma murino GR9-B11 y GR9-C5 que presentan con muy baja expresión de las tres moléculas MHC-I (Kd, Dd y Ld).

MÉTODOS:

Se determinaron los niveles de expresión en superficie de las tres moléculas MHC-I por citometría de flujo usando anticuerpos monoclonales de la ATCC: MHC-Kd (K 9.18), Dd (34.5.8) y Ld (28.14.8).

RESULTADOS:

Determinamos si la desacetilación de las histonas está implicado en la regulación de expresión de moléculas MHC-I expresión tratando las

líneas celulares GR9-C5 y GR9-B11 con TSA (500nm de TSA durante 48h). La expresión superficial de las tres moléculas MHC-I (Kd, Dd y Ld) se analizaron por citometría de flujo comparándolas con las mismas líneas sin tratar. En la línea celular GR9-C5 (bajo nivel de expresión de moléculas Kd y Dd), el tratamiento con TSA aumento tres veces la expresión de las moléculas MHC-Dd y sólo ligeramente los niveles de expresión para las moléculas Kd y Ld. En el caso de la línea celular GR9-B11 (expresión débilmente positiva únicamente para la molécula MHC-Kd), el tratamiento con TSA induce un significativo aumento de las tres moléculas. Las diferencias entre los niveles de expresión entre las células sin tratar y las tratadas con TSA fue de más de dieciséis veces en la molécula Dd, 1.8 veces la molécula Kd y 9.6 veces la molécula Ld.

CONCLUSIONES:

Los resultados demuestran que la expresión de los genes del complejo mayor de histocompatibilidad es modulada por mecanismos epigenéticos y sugieren que los agentes modificación de la acetilación de las histonas tienen el potencial para cambiar la eficacia de las respuestas inmunes antitumorales y terapéuticamente pueden tener un impacto sobre la producción inmunológica. Las células tratadas se convirtió en susceptibles a la lisis por determinados linfocitos T citotóxicos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 260

CAPACIDAD INVASIVA IN VIVO E IN VITRO DE LINEAS TUMORALES MURINAS Y SUS DIFERENCIAS.

Autor/a/s: LINARES DICKLER ISABEL, RODRÍGUEZ FERNÁNDEZ ANA ISABEL, ROMERO GARCÍA IRENE, RODRÍGUEZ MARTÍN ANA BELÉN Y GARCÍA LORA ÁNGEL MIGUEL.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Virgen de las Nieves.

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: isa80ld@hotmail.com

INTRODUCCIÓN:

En un principio, los eventos requeridos en el proceso metastásico son similares en todos los tumores. La aparición de una lesión metastásica va a requerir el desarrollo de una red vascular, la evasión de la respuesta inmune del huésped y responder a factores específicos del órgano que van a influir en el crecimiento. Para conseguirlo, las células tumorales deben invadir el estroma, para poder extravasarse a los vasos sanguíneos y entrar en la circulación.

OBJETIVOS:

Comparar los resultados in vivo de capacidad metastásica de cuatro líneas tumorales de un fibrosarcoma murino con los obtenidos en un ensayo in vitro para validar su utilidad en los estudios de capacidad metastásica.

MÉTODO:

Ensayos invasión: se realizan con cámaras de Boyden modificadas, estas contienen filtros de policarbonato con tamaño de poro de 8 micras de tamaño (Becton-Dickinson). Para los ensayos de migración, los filtros se recubrieron con colágeno. Se resuspenden 2,5 x 10⁴ células en medio libre de suero para cada línea en la cámara superior y se incuban 20h a 37 ° C con CO₂ al 5%, en la parte inferior de la cámara se coloca medio de cultivo que contiene 10% de suero fetal bovino como un quimioatrayente. Al final del ensayo, las células adheridas a la superficie inferior se fija, tiñen y se cuentan (40 [100x] campos / cámara). Cada ensayo se repitió al menos tres veces y se realizó por duplicado.

RESULTADOS:

Resultados previos mostraron la capacidad metastásica in vivo para las cuatro líneas tumorales seleccionadas (GR9-A7, B7, C5 y B11). Sabemos que GR9-A7 tiene una capacidad metastásica muy elevada, seguido de GR9-B7 con capacidad intermedia, para GR9-C5 la capacidad metastásica es muy reducida y por último GR9-B11 tiene una capacidad metastásica nula. Sabemos que para conseguir dise-

minarse es necesario que la célula tumoral invada el estroma, por lo tanto estos resultados tienen que correlacionarse con los obtenidos en un test in vitro que permita estudiar la capacidad invasiva de una célula tumoral.

Los ensayos de invasión se realizaron en cámaras de Boyden modificada. Las células GR9-A7, B7, C5 y B11 para sobrevivir tienen que degradar una capa de colágeno y llegar a la parte inferior de la cámara, con medio suplementado con suero fetal bovino como el quimioatrayente. Se incubaron 25.000 células durante 20h, y las células que se adhieren a la membrana inferior se contaron tras teñirlas con panóptico rápido. Se encontraron diferencias significativas entre las diferentes líneas tumorales: GR9-A7 mostró la capacidad de invasión más alta y GR9 B11 la más baja. GR9-A7 invadido 12 veces más que GR9-B11, 3.2 veces más que GR9-C5 y 1,4 veces más que GR9-B7. En todos los ensayos anteriores se realizaron por duplicado y se repitieron al menos tres veces.

CONCLUSIONES:

En resumen, los resultados que muestran los ensayos in vitro correlacionan con los obtenidos en los ensayos in vivo: A7 > B7 > C5 > B11. Este tipo de ensayo es más rápido y permite comparar de forma semicuantitativa la capacidad de invadir de diferentes líneas celulares.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 264

VALORACION DE UTILIDAD CLINICA DE LAS DETERMINACIONES DEL PEPTIDO CITRULINADO Y FACTOR REUMATOIDE EN ARTRITIS REUMATOIDE

Autor/a/s: GARCIA FERNANDEZ, GRACIA; GOMEZ LAJARA, GEMA; ROMO FERNANDEZ, ELISA ISABEL;

PONCE ADAN, AGUSTINA; GIL FERNANDEZ, CONSUELO; QUESADA VALDERAS, INMACULADA; GIJON MARCOS, ANA BELEN; CUBERO TRUJILLO, ENCARNACION; SANCHEZ GOMEZ, ANTONIA

Centro de trabajo: HOSPITAL SANTA BARBARA

Localidad: PUERTOLLANO

Correo electrónico del primer firmante: graciagf@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Artritis es un término que engloba más de cien condiciones médicas, entre ellas, la artritis reumatoide en su patogenia existe una alteración de la respuesta inmune, entre los anticuerpos detectados están: Inespecíficos: factor reumatoide aproximadamente un 80% de pacientes lo tienen elevado durante la enfermedad. Puede encontrarse alterado en otras patologías, en individuos sanos (especialmente ancianos) e incluso ser negativo en fase temprana o de remisión de la enfermedad. Específicos: anticuerpos contra los péptidos citrulinados, nos ayudan al diagnóstico temprano, aparecen años antes del inicio de sintomatología, permitiendo la instauración de tratamiento, y también orientan en la evolución de la enfermedad.

OBJETIVO:

Estudiar la utilidad diagnóstica del péptido citrulinado y del factor reumatoide en artritis reumatoide. Valorando el péptido como marcador de severidad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Tipo de muestra: suero, son distribuidas por TECAN GENESIS, para su procesamiento diario en tubo primario (factor reumatoide) o alícuotado para su congelación (péptido citrulinado) con procesamiento semanal.

Instrumentos: ARCHITECT c16000 de ABBOTT, determinación del factor reumatoide mediante turbidimetría. IMMUNOCAP 250 de PHADIA determinación de péptido citrulinado: ensayo ELISA de segunda generación.

Valores de referencia de positividad en nuestro laboratorio: factor reumatoide: > 30 U/mL, péptido citrulinado >20 U/ mL. La especificidad de estos parámetros es del 85% y 96.7% respectivamente.

Tamaño de muestra estudiado: 335 peticiones recibidas al laboratorio en 2016 con solicitud de péptido citrulinado más factor reumatoide.

RESULTADOS:

De las 335 muestras analizadas, fueron positivas 64 muestras para el péptido citrulinado, de ellas, 44 tuvieron resultado de factor reumatoide positivo (28 mujeres y 16 hombres) y 20 con factor reumatoide negativo (14 mujeres y 6 hombres). Todos estos pacientes se diagnosticaron de artritis reumatoide y eran procedentes del servicio de reumatología. Con valores de péptido citrulinado superiores a 340 U/ mL hubo 39 muestras, valores elevados de péptido citrulinado correlacionan con grado de severidad de la enfermedad. Fueron Negativas para péptido citrulinado 271 muestras, de éstas, 23 tuvieron resultado de factor reumatoide positivo (15 mujeres y 8 hombres) y 248 con factor reumatoide negativo (169 mujeres y 79 hombres). Las patologías asociadas a estos resultados fueron: mialgias, lupus, Raynaud, pérdida de fuerza, artritis seronegativa. El 90% de las peticiones procedían del servicio de reumatología, el resto de medicina interna y centros de salud.

CONCLUSIONES:

El péptido citrulinado es una herramienta importante para el diagnóstico precoz de artritis reumatoide, por su elevada especificidad, y en combinación con factor reumatoide incrementa su rendimiento diagnóstico de poli artritis tempranas. 2- La artritis reumatoide es más prevalente en mujeres, confirmando nuestros datos los descritos en bibliografía. 3- El 100% de los pacientes con valores positivos de péptido citrulinado fueron diagnosticados de artritis reumatoide; De estos pacientes el 60% tuvieron valores elevados de péptido citrulinado relacionándose con el grado de severidad, y un 68 % presentó un factor reumatoide elevado. 4- La bibliografía describe de un 2-5 % de pacientes péptido citrulinado positivo en otras sintomatologías, en nuestro estudio no se han detectado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 297

EXOSOMAS DERIVADOS DE CÉLULAS MADRE MESENQUIMALES: EVALUACIÓN INMUNOMODULADORA DE UN MODELO DE SINOVITIS INDUCIDO POR ANTÍGENO.

Autor/a/s: Javier G Casado, Rebeca Blázquez, Francisco Javier Vela, Verónica Álvarez, Raquel Tarrazona, Francisco Miguel Sánchez-Margallo.

Centro de trabajo: Centro de Cirugía de Mínima Invasión "Jesús Usón"

Localidad: Cáceres

Correo electrónico del primer firmante: jgarcia@ccmijesususon.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La sinovitis es un proceso inflamatorio asociado con dolor, que se trata normalmente con fármacos antiinflamatorios. Las Células Madre Mesenquimales (MSCs) se han utilizado con éxito en el tratamiento de enfermedades inflamatorias. En los últimos años, los exosomas derivados de MSCs se han convertido en una herramienta prometedora para el tratamiento de otras enfermedades inflamatorias. Se ha confirmado que su efecto terapéutico está mediado por su potencial inmunomodulador sobre las células del sistema inmune innato y adaptativo.

OBJETIVOS:

Evaluar el efecto antiinflamatorio de estos exosomas en un modelo animal de sinovitis inducida por antígeno.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Los exosomas se aislan de células madre mesenquimales de médula ósea de cerdo Large White. Los sobrenadantes de cultivos fueron centrifugados para eliminar células muertas y filtrados por un filtro de 0,22 micras. Posteriormente fueron concentrados mediante concentradores Amicon®. Los cerdos fueron inmunizados mediante la inyección subcutánea de una solución de 20mg/ml de BSA y adyuvante de Freund 1:1. Estas inyecciones se realizaron a 0, 14 y 21 días. A los 28 días se extrajeron 500 µl de líquido sinovial y se realizó una inyec-

ción intraarticular de BSA. Se usó una articulación como control y la otra como tratamiento, en la cual se inyectaron 500 µg de exosomas. Se realizó también un aislamiento de leucocitos de líquido sinovial justo antes de la inyección de exosomas y después de 7 días de la inyección. Los leucocitos se marcaron con anticuerpos anti CD3, CD4, CD8± y CD16 y se analizaron mediante un citómetro de flujo.

También se aisló ARN de las muestras de líquido sinovial para su posterior análisis mediante PCR.

RESULTADOS:

Los animales que recibieron la inyección intraarticular de BSA mostraron un aumento significativo en términos de recuento de glóbulos blancos, sin embargo no se encontró este aumento en las articulaciones donde el BSA había sido administrado con exosomas.

El análisis de los linfocitos sinoviales se realizó en células CD4+ CD8±-, células CD4- CD8±+, células CD16+/CD8± y células CD16+/CD8±+, pero no se encontraron diferencias significativas cuando se compararon las rodillas tratadas control y las rodillas tratadas con exosomas.

Posteriormente se realizó un análisis de citoquinas mediante PCR, se cuantificaron las interleuquinas IL-1β, IL-4, IL-6, IL-8, IL-10, TNF-± y TGF-β. No se encontraron diferencias significativas en siete de las citoquinas al comparar los valores entre los líquidos sinoviales control y los tratados con exosomas, sin embargo, se encontró una disminución significativa para el TNF-± cuando el BSA se administra con exosomas.

CONCLUSIONES:

Los exosomas derivados de células madre mesenquimales contrarrestaron eficazmente la respuesta de células T estimuladas por antígeno. En los análisis de citoquinas únicamente se encontró que el nivel de TNF-± se había disminuido estadísticamente por la coadministración de exosomas. Creemos que este resultado es muy relevante considerando que el TNF-± es una diana terapéutica para el tratamiento de enfermedades inflamatorias, de hecho, tratamientos dirigidos contra la sinovitis y la artritis reumatoide se han desarrollado eficazmente en el ámbito clínico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 298

VESÍCULAS EXTRACELULARES DERIVADAS DE CÉLULAS MADRE MESENQUIMALES: ANÁLISIS PROTEÓMICO Y EFECTOS INMUNOMODULADORES IN VITRO DE LINFOCITOS T ESTIMULADOS

Autor/a/s: Rebeca Blázquez, Francisco Miguel Sánchez-Margallo, Verónica Álvarez, Olga de la Rosa, Wilfred Dalemans, Javier García Casado

Centro de trabajo: Centro de Cirugía de Mínima Invasión "Jesús Usón"

Localidad: Cáceres

Correo electrónico del primer firmante: rblazquez@ccmijesususon.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Se ha demostrado que el efecto biológico de las células madre mesenquimales está mediado por la liberación de factores paracrinos, muchos de ellos relacionados con los exosomas. Se cree que los exosomas derivados de células madre mesenquimales tienen funciones similares a las células del tejido del cual proceden, tales como la reparación y regeneración de tejido dañado. Sin embargo, pocos estudios han abordado la cuestión de si los exosomas pueden tener un papel clave para el desarrollo de nuevos tratamientos basados en su actividad inmunosupresora.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es determinar si las vesículas extracelulares derivadas de células madre de tejido adiposo humanas pueden tener un efecto en la proliferación, diferenciación, activación y función sobre los linfocitos T estimulados in vitro. Además, se realizó un análisis proteómico para identificar proteínas relacionadas con la actividad del sistema inmune en las vesículas extracelulares derivadas de células madre adiposas humanas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las vesículas extracelulares fueron aisladas de sobrenadantes de cultivos de células madre de tejido adiposo cultivados a un 80% de confluencia. Estas vesículas fueron aisladas en un primer paso mediante centrifugación para eliminar células muertas y restos celulares, finalmente las vesículas fueron aisladas mediante ultracentrifugación. Los linfocitos T estimulados, fueron co-cultivados con las vesículas durante 6 días a diferentes concentraciones, 4, 8 y 16 µg de vesículas por millón de linfocitos T. La proliferación de los linfocitos T se cuantificó mediante la dilución de CFSE. Se analizaron marcadores de diferenciación y activación. Para determinar el interferón gamma intracelular, se fijaron las células y se permeabilizaron para posteriormente marcarlas con anticuerpos monoclonales. Finalmente, se analizó el perfil proteómico de las vesículas extracelulares mediante proteómica y se clasificó de acuerdo con las categorías establecidas en la plataforma Gene-Ontology.

RESULTADOS:

Las vesículas derivadas de células madre de tejido adiposo disminuyen la proliferación de los linfocitos T activados, demostrando que la proliferación se reduce proporcionalmente al aumentar la dosis de vesículas extracelulares.

También se demostró en los experimentos a 6 días que el porcentaje de CD45RA y CCR7 incrementó en los linfocitos co-cultivados en presencia de vesículas extracelulares, comparando estos con células control.

Después de 6 días también se observó que el porcentaje de interferón gamma intracelular se redujo en los linfocitos que han estado cultivados en presencia de vesículas.

Los resultados del análisis proteómico fueron analizados mediante la plataforma Gene-Ontology, de acuerdo a "Componentes celulares" y "Proceso biológico". El análisis Gene-Ontology mostró que 110 proteínas se agruparon dentro de la categoría "exosomas extracelulares" (GO: 0070062). El análisis estadístico reveló que 19 de las 110 proteínas estaban relacionadas con procesos del sistema inmunológico.

CONCLUSIONES:

El análisis proteómico de las vesículas reveló la presencia de proteínas relacionadas con el sistema inmune que pueden estar implicadas en el papel inmunomodulador frente a los linfocitos T activados in vitro. Según ensayos funcionales in vitro, se sugiere que las vesículas podrían ser consideradas un agente terapéutico para el tratamiento local de enfermedades inflamatorias.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 299

ESTUDIO DE LA CAPACIDAD INMUNOMODULADORA DE EXOSOMAS DERIVADOS DE CÉLULAS MADRE ENDOMETRIALES HUMANAS.

Autor/a/s: Verónica Álvarez, Francisco Miguel Sánchez-Margallo, Rebeca Blázquez, Raquel Tarazona, Javier G Casado

Centro de trabajo: Centro de Cirugía de Mínima Invasión "Jesús Usón"

Localidad: Cáceres

Correo electrónico del primer firmante: valvarez@ccmijesususon.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El endometrio humano es un modelo extraordinario de remodelación tisular, produciendo angiogénesis rápida de forma controlada en mujeres. Las MSC endometriales se caracterizan como células adherentes y no hematopoyéticas, que expresan los marcadores típicos usados para células madre de médula ósea; tienen capacidad de diferenciarse in vitro a diferentes líneas celulares. Actualmente, se ha demostrado que los factores solubles de las MSCs desempeñan un papel importante en su efecto antiinflamatorio intrínseco, muchos autores han planteado la hipótesis de que las terapias libres de células pueden ser más seguras, prácticas y asequibles que las terapias basadas en células. Los exosomas de MSCs han sido ampliamente investigados como fuente alternativa de agentes antiinflamatorios, reparación y regeneración de tejidos, enfermedades autoinmunes e

inflamación crónica. De forma paracrina, las MSCs secretan grandes cantidades de factores angiogénicos, anti-fibróticos, antiapoptóticos, inmunosupresores y otras moléculas que inducen la mitosis de células progenitoras específicas de tejidos para promover la sustitución celular y la angiogénesis. El contenido de estas vesículas consiste en micro-ARN, lípidos y proteínas.

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo ha sido demostrar el poder inmunomodulador de los exosomas derivados de células madre endometriales.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las células madre fueron aisladas del flujo menstrual de 4 donantes sanas. Las células fueron expandidas y caracterizadas mediante citometría de flujo, posteriormente se recogieron los sobrenadantes para aislar exosomas. Estos fueron concentrados mediante centrifugación en concentradores de 3000 MWCO. Una vez concentrados los exosomas se midió la cantidad de proteínas mediante Bradford y el tamaño de las vesículas mediante un análisis de nanopartículas en NanoSight. Los exosomas fueron caracterizados mediante citometría de flujo con anticuerpos específicos para exosomas. Para determinar su potencial inmunomodulador se aislaron linfocitos de sangre periférica y se estimularon mediante microbolas recubiertas con anti-CD2/anti-CD3/anti-CD28, se mantuvieron en cultivo durante 6 días y como control negativo, linfocitos sin estimular. Las células fueron marcadas con CD4, CD8, CD62L y CD45RA. También se realizó un ELISA para determinar los valores de interferón gamma secretado.

RESULTADOS:

Las células endometriales demostraron su capacidad de diferenciarse hacia las diferentes líneas celulares, adipocitos, osteocitos y condrocitos, y también mostraron un fenotipo positivo para CD44, CD73, CD90 Y CD117, y negativo para CD14, CD20, CD34, CD45, CD80 y HLA-DR. Con los concentradores se llegó a concentrar las muestras unas 50 veces. Al realizar el análisis de partículas mediante NanoSight, el tamaño medio de las vesículas aisladas fue de $153 \pm 63,05$ nm y una concentración de $3,31 \times 10^{11} \pm 3,8 \times 10^9$ partículas por mililitro. El porcentaje de células naïve CD4+ (CD62L + CD45RA+) fue significativamente modificado con la presencia de exosomas, independientemente de la concentración de exosomas comparado con las células estimuladas, lo mismo sucedió con las células efectoras de memoria CD4+ (CD62L - CD45RA-). Sin embargo las células naïve CD8+ como las células efectoras de memoria CD8+, sólo mostraron diferencias significativas con las concentraciones de 40 y 80µg/106.

CONCLUSIONES:

Los exosomas derivados de células endometriales poseen un poder inmunomodulador muy similar al de otras líneas celulares, sin embargo, estas células son más fáciles de obtener mediante métodos no invasivos y de aislar que otras líneas celulares, teniendo la posibilidad de hacer recolecciones periódicas de un mismo donante.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 316

COMPARACIÓN DE MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE ANTICUERPOS ANTI-PEROXIDASA TIROIDEA Y ANTI-TIROGLOBULINA: FLUOROENZIMOINMUNOENSAYO (UNICAP 250) VS ELECTROQUIMIOLUMINISCENCIA (COBAS 6000)

Autor/a/s: OCAÑA UREÑA CARMEN, BUITRAGO MELERO M^a ISABEL, MERINO RIVILLA PILAR

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO "CIUDAD DE JAÉN"

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: ocañaurenamc@hotmail.com

RESUMEN:

COMPARACIÓN DE MÉTODOS PARA LA DETERMINACIÓN DE ANTICUERPOS ANTI-PEROXIDASA TIROIDEA Y ANTI-TIROGLOBULINA: FLUOROENZIMOINMUNOENSAYO (UNICAP 250) vs ELECTROQUIMIOLUMINISCENCIA (COBAS 6000)

UGC Laboratorio. Área Inmunología. Complejo Hospitalario de Jaén

INTRODUCCIÓN:

Los anticuerpos antitiroideos se solicitan principalmente como ayuda al diagnóstico en enfermedades tiroideas autoinmunes y para diferenciarlas de otras formas de disfunción tiroidea. Pueden solicitarse en la investigación de la causa de un aumento de tamaño de la glándula tiroidea (bocio) y/o de la causa de signos y síntomas asociados a niveles elevados o disminuidos de hormonas tiroideas. La prueba puede realizarse como seguimiento cuando los resultados de otras pruebas tiroideas (como TSH, T4 y/o T3) indican disfunción tiroidea. Pueden también solicitarse los anticuerpos antitiroideos (uno o varios) cuando una persona con un trastorno autoinmune ya conocido y no relacionado con enfermedad del tiroides, como por ejemplo lupus eritematoso sistémico, artritis reumatoide o anemia perniciosa, desarrolla síntomas que sugieren afectación del tiroides. Esta afectación puede ocurrir en cualquier momento durante el curso de estas enfermedades. En la monitorización del tratamiento del cáncer de tiroides, los anticuerpos antitiroglobulina se utilizan para determinar si dichos anticuerpos están interfiriendo en los resultados de la medida de los niveles de tiroglobulina

OBJETIVOS:

El objetivo de nuestro trabajo fue evaluarla correlación entre los resultados obtenidos para A-TPO y A-TG mediante fluoroenzimoinmunoensayo (Unicap 250, Thermo-Fisher) actualmente utilizado en el laboratorio y la electroquimioluminiscencia (Cobas 6000, Roche Diagnostic)

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han analizados 53 y 56 muestras para A-TPO y A-TG, respectivamente, por los dos autoanalizadores, sometidas a las mismas condiciones. La comparación de los métodos se realizó mediante un análisis de regresión de Passing-Bablok, así como un coeficiente de correlación. Posteriormente, teniendo en cuenta el punto de corte para cada técnica, los pacientes se clasificaron como positivos y negativos, calculándose el grado de concordancia entre ambos métodos mediante el coeficiente kappa.

RESULTADOS:

En el análisis de los anticuerpos A-TPO se ha obtenido la siguiente ecuación de regresión para $y = -11,67 (-19 \text{ a } 9,54; 95\% \text{ CI}) + 1,13 (0,99 \text{ a } 1,51; 95\% \text{ CI})$. Para los anticuerpos anti-TG obtuvimos la ecuación de regresión $y = -24,68 (-95,81 \text{ a } 10,05; 95\% \text{ CI}) + 1,94 (1,36 \text{ a } 3,76; 95\% \text{ CI})$, siendo y el analizador Unicap 250. Cuando analizamos los resultados de forma cualitativa (positivos y negativos) para valorar el grado de concordancia, obtuvimos un índice kappa de 0,813 para los anticuerpos A-TPO y 0,598 para los anticuerpos A-TG.

CONCLUSIONES:

Los resultados obtenidos, indican que ambos métodos no son transferibles. Sin embargo, el valor de kappa elevado, indica un alto grado de concordancia entre resultados positivos y negativos para los A-TPO, mientras que para los A-TG el grado de concordancia es moderado. Esto nos permite concluir que el cambio de metodología, aunque con nuevos puntos de corte no afectará a la información que el clínico espera obtener de estos parámetros.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 322

Cuantificación de cadenas ligeras libres en el seguimiento de pacientes en tratamiento con hemodiálisis

Autor/a/s: MILAGROS OCAÑA LÓPEZ, ROSA MARÍA VELA COLMENERO, IRENE ROMERO GARCÍA Y ANA MARÍA COLMENERO MARTOS.

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO - QUIRÚRGICO

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: milaocana@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El mieloma múltiple (MM) consiste en la proliferación incontrolada de células plasmáticas con producción de cantidades variables de inmunoglobulinas o sus cadenas. La insuficiencia renal aguda puede ser un síntoma del MM, y a veces su forma de presentación. Las

cadena ligeras libres circulantes (CLL) pueden dar lugar al fallo renal por la precipitación intratubular de ellas, causando una nefropatía por cilindros. El tratamiento del mieloma, una adecuada hidratación y la eliminación de CLL mediante técnicas de aféresis son los tratamientos admitidos actualmente para esta entidad. Se han intentado diversas técnicas de aféresis para intentar eliminar las CLL, siendo la hemodiálisis de larga duración con filtros para eliminar dichas cadenas ligeras (alto cut-off) la que se postula como el tratamiento más eficaz para la nefropatía del mieloma.

OBJETIVOS:

Analizar la importancia de la cuantificación de cadenas ligeras libres para el control de la hemodiálisis.

MÉTODOS Y RESULTADOS:

Estudiamos cuatro casos de nefropatía de mieloma.

Los pacientes presentaban insuficiencia renal aguda (creatinina 4-11,5 mg/dl), en cuatro de ellos con necesidad de terapia sustitutiva y uno en situación de insuficiencia renal avanzada. En todos ellos los niveles de CLLs fueron muy elevados. Recibieron tratamiento hematológico específico para el mieloma más hemodiálisis de alto cut-off hasta alcanzar niveles de CLLs < 500 mg/l. En todos los pacientes los niveles de CLL en sangre disminuyeron durante el tratamiento de hemodiálisis, de forma más llamativa en las cinco primeras sesiones (diarias), al final de las cuales en 2 de los 4 pacientes las CLL estaban por debajo de 1000 mg/l, en otro de los pacientes en 1600 mg/l y en la paciente número 4 el descenso fue más lento. La creatinina plasmática fue mejorando de forma paralela al descenso de los niveles de CLL, estabilizándose cuando los niveles bajaron de 500 mg/l. Los cuatro pacientes recuperaron función renal, quedando independientes de diálisis. La cuantificación de CLLs pre y post diálisis fue una herramienta muy útil para valorar la eficacia de las sesiones de hemodiálisis, así como para determinar cuando interrumpir dicho tratamiento (CLLs <500 mg/l). La correlación entre los niveles de CLLs y creatinina fue muy buena.

CONCLUSIONES:

La cuantificación de CLLs realizada por el laboratorio es fundamental para el control de la hemodiálisis, ya que permite realizar un seguimiento exhaustivo del mismo, así como decir cuando interrumpir el tratamiento, bien porque se haya alcanzado la respuesta esperada o por falta de respuesta.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 323

UTILIDAD DE LA CUANTIFICACIÓN DE CADENAS LIGERAS LIBRES EN SUERO EN EL ESTUDIO DE GAMMAPATÍAS MONOCLONALES

Autor/a/s: MILAGROS OCAÑA LÓPEZ, ROSA MARÍA VELA COLMENERO, IRENE ROMERO GARCÍA, MARÍA CONCEPCIÓN VEGA VARGAS Y ANA MARÍA COLMENERO MARTOS.

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO - QUIRÚRGICO

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: milaocana@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las gammopatías monoclonales (GM) representan un grupo de diversos trastornos caracterizados por la proliferación de una clona de células plasmáticas que tiene capacidad de producir una inmunoglobulina o un fragmento de ella, que puede detectarse en sangre y/u orina en forma de una banda de carácter homogéneo o componente monoclonal.

OBJETIVO:

Se analiza la utilidad de la incorporación de la cuantificación de las cadenas ligeras libres en suero en el diagnóstico, seguimiento y pronóstico de las gammopatías monoclonales.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo no intervencionista, observacional y transversal. Se han incluido en el estudio pacientes diagnosticados de gammopatía monoclonal (56 mieloma múltiple, 85 gammopatía monoclonal de significado incierto, 9 mieloma múltiple de Bence Jones, 4 mieloma múltiple no secretor) en el Complejo Hospitalario de Jaén.

Se ha analizado la sensibilidad de las diferentes técnicas de forma individual y en combinación para el diagnóstico de GM. realizado electroforesis de proteínas en suero (interlab), inmunofijación en suero (SEbia) y CLLs (Binding Site) para el estudio de gammopatía monoclonal Así como los resultados obtenidos de la cuantificación de CLLs en los distintos grupos de GM.

RESULTADOS:

La combinación de EIF y cuantificación de CLL, es el protocolo que permitió detectar el mayor número de casos, con unos resultados muy similares a los obtenidos en EPS y EIF, en los que únicamente no se diagnóstico un caso de MM de BJ. La cuantificación de cadenas ligeras libres en suero resultó ser el protocolo más sensible para el diagnóstico de mieloma múltiple de Bence Jones, además es una herramienta de gran utilidad para clasificar el pronóstico de los pacientes con gammopatía monoclonal de significado incierto y con mieloma múltiple. Otra aplicación importante de la cuantificación de cadenas ligeras libres en suero ha sido su utilidad en la monitorización de pacientes en tratamiento con quimioterapia.

CONCLUSIONES:

La incorporación del test CLLs de ha supuesto un gran avance en el campo de las gammopatías monoclonales, fundamentalmente en aquellas en las que las técnicas convencionales tienen baja sensibilidad, como son la amiloidosis, el mieloma múltiple no secretor y el mieloma múltiple de Bence Jones. Aunque en nuestra experiencia con la combinación del protocolo tradicional de EPS y EIF también se obtuvieron excelentes resultados en el diagnóstico de GM.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 358

FALSOS POSITIVOS EN EL CRIBADO DE SIFILIS EN EL AREA NORTE DE JAEN.

Autor/a/s: RAMA RICO JUANA, ESPINOSA ESPINOSA MARIA DOLORES, LOPERA CANTERO ANA BELEN, HIGUERAS BUENO MARIA DEL PILAR.

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: UBEDA

Correo electrónico del primer firmante: jparrascap@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La sífilis es una enfermedad de transmisión sexual causada por la bacteria *Treponema Pallidum*, una espiroqueta intracelular Gram negativa.

El diagnóstico de la sífilis se realiza tanto en pruebas treponémicas, detectando anticuerpos dirigidos contra proteína de dicha bacteria, como en pruebas no treponémicas (RPR), detectando anticuerpos presentes en pacientes con sífilis.

OBJETIVOS:

Establecer la tasa de falsos positivos en el cribado de screening del *Treponema Pallidum* en el área norte de Jaén.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Revisión retrospectiva de la serología de la sífilis en los últimos 10 años. En nuestro hospital el screening de la sífilis se realiza con pruebas treponémicas automatizada (electro quimioluminiscencia) (cobas e). A las muestras con resultado positivo se les hace la prueba reaginina (RPR). Posteriormente, si el resultado de la RPR es negativo se realiza la prueba rápida en cassette (TPHA) para confirmar la positividad de la primera.

RESULTADOS:

En los últimos 10 años se obtuvieron 250 screening de sífilis positivo, a los cuales se les hizo la prueba RPR dando el 100% un resultado negativo. Para confirmar la positividad del screening se hace la prueba TPHA, resultando como positivos 162 muestras y como negativos 88, considerándose estos últimos como falsos positivos en dicho screening.

CONCLUSIONES:

Atendiendo a los resultados obtenidos en el apartado anterior, podemos afirmar que el screening de sífilis posee una sensibilidad del 64,8% para el diagnóstico de dicha patología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 361

PATOLOGÍA CARDIACA EN EL RECIÉN NACIDO ASOCIADA A AUTOANTICUERPOS MATERNOS.

Autor/a/s: Yáñez Pereira, Francisca; Julián Viñals, María Asunción; Marcos Gutiérrez María Jesús; Salcedo Moreno, María del Carmen; Bernal de la Rosa, Carmen; Marco Castro, Elena; Bravo Gallego, Luz Yadira; Rubio de la Rosa, Alejandro; Nozal Aranda, Pilar; Álvarez Doorno, Rita.

Centro de trabajo: Hospital Universitario La Paz

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: fyanezpere@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El bloqueo cardíaco congénito fetal es una patología grave que aparece en un bajo porcentaje de las gestaciones. La principal causa de esta enfermedad es el bloqueo cardíaco congénito autoinmune, que es una de las manifestaciones del denominado lupus neonatal. La mayoría de los casos se asocian con la transferencia placentaria de anticuerpos anti-Ro y anti-La que proceden de la madre, lo que convierte la enfermedad en mediada por anticuerpos. Estos autoanticuerpos pueden dañar el tejido de conducción durante el desarrollo fetal del corazón y provocar un bloqueo de la conducción de la señal en el nodo auricoventricular, causado por la inflamación y la fibrosis. La mayoría de esos pacientes sufren un bloqueo completo de grado III, que es un cuadro severo que puede llegar a causar la muerte hasta en un 30% de los casos o la necesidad de un marcapasos en un alto porcentaje de los nacidos vivos.

OBJETIVOS:

Caracterizar el espectro de anticuerpos en las madres gestantes con enfermedades autoinmunes, analizar el espectro clínico de los recién nacidos con autoanticuerpos anti-Ro y anti-La positivos, la relación entre el título y la clínica y el tiempo de desaparición de los síntomas y de los anticuerpos en los recién nacidos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo, entre enero de 2008 y enero de 2017, en el que se incluyeron 46 pacientes, con sus respectivas madres. Se obtuvieron datos demográficos y manifestaciones clínicas de la historia clínica de los neonatos y sus madres. Se determinaron y cuantificaron los anticuerpos anti-Ro/La, además de realizarse inmunofluorescencia indirecta (IFI) para el análisis del patrón y su titulación. Para la IFI se utilizaron portas de células HEP-2 (EUROIMMUN AG Lübeck). Para la cuantificación de los anticuerpos se utilizaron tres técnicas: ANA AtheNA Multi-Lyte (Zeus Scientific), Luminex (BioPlex 2200 ANA Screen, Bio-Rad) y el método automático EliA InmunoCAP ThermoFisher Scientific 250 (Phadia). Para el análisis estadístico se utilizó el "software" GraphPad Prism 6.0.

RESULTADOS:

Se incluyeron 37 embarazadas con anticuerpos anti-Ro/SSA y/o anti-La/SSB, y sus 46 neonatos. El promedio de edad en las madres fue de 35.7 años (rango: 23–42). Entre los diagnósticos maternos tenemos: 18 (49%) pacientes con síndrome de Sjögren, 8 (21%) con lupus eritematoso sistémico y 7 (19%) portadoras asintomáticas de autoanticuerpos. Todas las madres tenían anticuerpos anti-Ro/SSA,

y 13 (35%) tenían además anticuerpos anti-La/SSB. El promedio de edad de la primera determinación de autoanticuerpos en los niños fue de 21.4 días (rango: 0–399). Todos los neonatos, excepto dos, tuvieron anticuerpos anti-Ro/SSA+, y 16 (35%) tenían además anticuerpos anti-La/SSB+. Se diagnosticaron 6 (13%) casos de bloqueo cardíaco congénito, 14 (30%) con otras manifestaciones cardíacas y 28 (61%) sin compromiso cardíaco. Cabe resaltar, que hubo dos casos de lupus eritematoso neonatal y un caso de lupus cutáneo, todos ellos sin bloqueo cardíaco congénito. En el grupo de pacientes con bloqueo cardíaco congénito, hubo un caso de óbito fetal y un caso fue tratado con marcapasos permanente epicárdico. En el grupo de neonatos con autoanticuerpos positivos, se realizó seguimiento de los mismos en un 53%. La mediana del tiempo de desaparición de los autoanticuerpos fue de 34.1 semanas (RIC: 24–51) para los anti-Ro52/SSA y de 36.6 semanas (RIC: 26–50) para los anti-Ro60.

CONCLUSIONES:

La presencia de autoanticuerpos anti-Ro/SSA y anti-La/SSB en las mujeres gestantes es un factor de riesgo para el desarrollo de patologías autoinmunes en el recién nacido. Además los títulos más elevados de autoanticuerpos en las madres se asocian con mayor gravedad de las patologías en los neonatos. Por tanto, es importante realizar el seguimiento de estos autoanticuerpos en las madres durante el embarazo y en sus hijos hasta su desaparición.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 364

NUEVA MUTACIÓN EN CYBB (GP91) CAUSA ENFERMEDAD GRANULOMATOSA CRÓNICA LIGADA AL CROMOSOMA X

Autor/a/s: Varga Cubillo Begoña, Pascual Campo María del Carmen, Bernal de la Rosa Carmen, Fernández-Carrión Pérez María del Carmen, López Lera Alberto, Bravo García-Morato María, Ferreira Cerdán Antonio

Centro de trabajo: Hospital Universitario La Paz

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: jabealser@icloud.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La Enfermedad Granulomatosa Crónica (EGC) es una inmunodeficiencia primaria englobada en la clasificación dentro de los defectos del número de fagocitos, su función o ambos y que es debida a mutaciones de los genes que codifican para la NADPH oxidasa de los fagocitos, que comprenden un gen ligado al cromosoma X (CYBB, gp91phox) y cuatro genes autosómicos recesivos [CYBA(p22phox), NCF1(p47phox), NCF2(p67phox) y NCF4(p40phox)]. Estos defectos ocasionan una ausencia de generación de anión superóxido y por tanto un defecto en la generación de radicales oxidantes y carencia de muerte de organismos intracelulares.

Describimos el diagnóstico molecular de un paciente que a los 9 meses presenta diarrea intensa con sangre, fiebre y distensión abdominal producida por *Campylobacter jejuni* conlíquido libre en cavidad peritoneal. Fue intervenido, tomándose muestras de ganglio mesentérico y peritoneo cuyo diagnóstico fue microabscesos o pseudogranulomas en peritoneo. Ante estos hallazgos se considera descartar una EGC. Se realiza determinación de generación de anión superóxido en paciente y padres, resultando la prueba negativa para el paciente y con imagen de portadora en su madre por lo que se diagnostica de EGC ligada al cromosoma X.

OBJETIVOS:

Realizar el diagnóstico de la enfermedad que padece el paciente, sugestiva de Enfermedad Granulomatosa Crónica. Caracterizar la subunidad afecta. Realizar el diagnóstico molecular y detección de portadoras para proceder al consejo genético.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para el diagnóstico se determinó la actividad respiratoria de los neutrófilos mediante citometría de flujo (oxidación de 123 dihidrorrodamina), espectrofotometría mediante reducción del ferricitocromo

C. Posteriormente se cuantificaron las proteínas responsables de la enfermedad mediante citometría de flujo utilizando anticuerpo monoclonal 7D5 frente al complejo gp91phox-p22phox y los policlonales frente a p47 y p67.

Se caracterizaron las mutaciones en el gen CYBB(gp91phox) en el cromosoma X mediante la amplificación y secuenciación de los 13 exones y sus regiones intrónicas adyacentes.

RESULTADOS:

Los neutrófilos del paciente carecían de generación de anión superóxido mediante citometría de flujo y espectrofotometría, lo que permitió el diagnóstico de EGC. Posteriormente se cuantificaron las proteínas responsables mediante citometría de flujo, presentando cantidades normales de p47phox y p67 y ausencia del complejo gp91phox-p22 en el paciente.

La madre presentaba imagen de portadora, así como su hija.

El estudio molecular detectó en el paciente:

Una mutación en el exón 13: g.31759delG, c.1618delG, p.Glu540fsX6 de origen materno.

Tanto madre como hermana eran portadoras de la mutación

CONCLUSIONES:

Se ha diagnosticado un paciente de Enfermedad Granulomatosa Crónica Ligada al cromosoma X por una mutación en heterocigosis no descrita previamente en el exón 13 del gen CYBB que codifica para la subunidad gp91phox67-phox de la NADPH oxidasa.

La mutación tiene como consecuencia la generación de un codon stop.

La madre y la hermana son portadoras de la mutación en heterocigosis

Su conocimiento ha permitido dar consejo genético a su madre y hermana, portadores de EGC Ligada al cromosoma X.

Esta nueva mutación esta accesible en el registro de la Sociedad Europea de Inmunodeficiencias (ESID) con el número de acceso A0537

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 366

ESTUDIO DEL ALELO HLA-DRB3*01:01 EN MUJERES HPA-1B/1B DONANTES DE SANGRE

Autor/a/s: Ana Aldrey Rey, Sandra Costoya Coira, Javier Fernández Aneiros, Lourdes López Lama, Dolores Pereiro Raposo, Antonio Pérez Boo, Susana Pérez Duarte, Marta Piñeiro Freire, Rosana Rego Rodríguez, Fernando Rodríguez Carreira, Rosa Rodríguez Suárez

Centro de trabajo: Agencia Gallega de Sangre, Órganos y Tejidos

Localidad: Santiago de Comp.

Correo electrónico del primer firmante: ana.aldrey.rey@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La trombocitopenia neonatal aloimmune (TNAI) es la causa más común de trombocitopenia grave en el recién nacido. Ocurre por destrucción de las plaquetas inducida por aloanticuerpos maternos dirigidos contra un antígeno plaquetario del niño, heredado del padre, siendo el más frecuente el aloanticuerpo anti-HPA-1a, en gestantes con genotipo HPA-1b/1b. Se ha descrito que la producción de aloanticuerpos anti-HPA-1a está casi por completo restringida por el alelo HLA-DRB3*01:01.

OBJETIVOS:

Determinar la presencia del alelo HLA-DRB3*01:01 en donantes de sangre con genotipo HPA-1b/1b, valorar el riesgo de aloinmunización anti-HPA-1a en mujeres en edad fértil de nuestra Comunidad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- El grupo de estudio fue una cohorte de 14 donantes de sangre (9 de ellas donantes de plaquetas por aféresis), mujeres en edad fértil y que en el genotipado de antígenos plaquetarios HPA realizado en nuestro laboratorio presentaron el genotipo HPA-1b/1b, infrecuente. A partir

del año 2010 estas donantes están siendo informadas por escrito de dicho hallazgo. El genotipado de antígenos HPA se realizó mediante DNA-microarray, BLOODchip® Reference, Progenika Biopharma/Grifols.

- La presencia o no del alelo HLA-DRB3*01:01 fue evaluada en estas 14 donantes mediante PCR-SSP utilizando el reactivo Olerup SSP® DRB3; los fragmentos de ADN amplificados se separaron mediante electroforesis en gel de agarosa y se interpretaron con el software Helmborg-SCORETM.

- Fue posible realizar el escrutinio de aloanticuerpos antiplaquetarios anti-HPA/HLA en el suero de una de las donantes durante su segundo embarazo, mediante ELISA (Immucor PakPlus® assay).

RESULTADOS:

- Ninguna de las 14 donantes analizadas presentó el alelo HLA-DRB3*01:01.

- El alelo HLA-DRB3*02:02, no vinculado en la literatura a la aloinmunización anti-HPA-1a, se detectó en 6 de las donantes de nuestro estudio.

- Se determinó la ausencia del gen HLA-DRB3 en las otras 8 donantes analizadas.

- El estudio de aloanticuerpos antiplaquetarios anti-HPA/HLA fue negativo en una de las donantes, remitida preventivamente, como paciente gestante (en su segundo embarazo) desde un hospital de nuestra Comunidad, alarmados por la lectura del informe recibido como donante HPA-1b/1b. Serían necesarios estudios posteriores para verificar la ausencia de anticuerpos anti-HPA-1a en el resto de las donantes de nuestra cohorte que hayan tenido embarazos pero ninguna de ellas figura entre los casos de TNAI remitidos a nuestro laboratorio para estudio de aloinmunización. Algunas de las donantes no han tenido gestaciones hasta el momento.

CONCLUSIONES:

El escrutinio del alelo HLA-DRB3*01:01 en todas las donantes HPA-1b/1b en edad fértil nos podría permitir identificar a aquellas en riesgo real de aloinmunización anti-HPA-1a en sus embarazos.

Creemos que la información a las donantes de sangre con genotipo HPA-1b/1b debería restringirse a aquellas simultáneamente portadoras del alelo HLA-DRB3*01:01.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 412

INCIDENCIA DE LA INFECCION AGUDA POR TOXOPLASMA GONDII EN MUJERES DURANTE EL PRIMER TRIMESTRE DE EMBARAZO.

Autor/a/s: LOPERA CANTERO ANA BELEN, ESPINOSA ESPINOSA MARIA DOLORES, RAMA RICO JUANA, CÁMARA PERAGÓN JUAN ÁNGEL.

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN JUAN DE LA CRUZ

Localidad: ÚBEDA

Correo electrónico del primer firmante: anabelen_lo@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La toxoplasmosis es una infección por un parásito (*Toxoplasma gondii*), con una elevada incidencia a nivel mundial.

Normalmente pasa inadvertida porque suele confundirse con una gripe leve, pero cuando una embarazada se infecta o, la infección se vuelve reactiva en su organismo, puede transmitir la enfermedad a través de la placenta poniendo en riesgo la salud y la vida del futuro bebé.

El riesgo de transmisión y de secuelas para él bebe es inversamente proporcional a la edad gestacional, por lo que en nuestra comunidad, en el primer trimestre de embarazo, se realiza junto con otras pruebas, el análisis serológico de la toxoplasmosis.

OBJETIVO:

El objetivo del presente estudio es, observar la incidencia de la infección por *Toxoplasma gondii* en embarazadas durante el primer tri-

mestre de gestación, en los años 2015 y 2016, así como estudiar si la infección es aguda o por el contrario, ocurrió en el pasado.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El análisis serológico de toxoplasmosis se realiza en nuestro laboratorio a partir de muestras de suero, en un analizador Cobas 8000 de Roche; concretamente se hace en un módulo de inmunología e 602 mediante inmunoensayo buscando anticuerpos de tipo IgG o IgM. A todas las pacientes cuya reacción sea positiva a las IgG, se les amplía el estudio analizando los anticuerpos de tipo IgM.

Para el estudio se analizaron los sueros de mujeres durante el primer trimestre de embarazo en los años 2015 y 2016, buscando resultados positivos de IgM que nos indiquen infección actual por *T. gondii*.

RESULTADOS:

Durante el año 2015 se obtuvieron 106 resultados positivos de tipo IgG, a los cuales se les amplía el estudio y se obtienen los siguientes resultados:

- 5 pacientes con IgM positivo
- 4 pacientes con un resultado indeterminado
- 97 pacientes con IgM negativo.

Durante el año 2016 se obtuvieron 66 resultados positivos de tipo IgG, a los cuales se les amplía el estudio y se obtienen los siguientes resultados:

- 1 paciente con IgM positivo
- 65 pacientes con IgM negativo.

CONCLUSIONES:

A pesar de obtener un gran número de pacientes con positividad frente a toxoplasmosis, solo un 4.71% y un 1.51% de las pacientes con resultados positivos para la IgG durante 2015 y 2016 respectivamente, presentaban una infección actual por *Toxoplasma gondii*, el resto eran pacientes con infecciones pasadas.

Podemos concluir así que hay una muy baja incidencia de infecciones en la actualidad causadas por este tipo de parásito y que su análisis en el embarazo es de importancia para descartar posibles complicaciones por este motivo durante la gestación.

OBJETIVOS:

El objetivo de nuestro trabajo fue comparar las técnicas PCR-SSP y PCR-tiempo real, de reciente incorporación a los laboratorios para los estudios de histocompatibilidad para la identificación del antígeno HLA-B27 en muestras con resultados ambiguos mediante CMF.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Se analizaron X (todas) solicitudes de HLA-B27 en población con manifestaciones sugestivas de EAS. En aquellos casos donde se obtuvieron resultado ambiguos por CMF (Epics XL-MCL, Beckman Coulter) se utilizó la técnica PCR-SSP (Innotrain, Diagnostica Longwood) y PCR-tiempo real (Genviset, Diagnostica Longwood). Se evaluaron las frecuencias obtenidas por Chi cuadrado (X²); para estimar la concordancia metodológica se utilizó el Coeficiente de Correlación Intraclass (CCI). Los análisis se realizaron con el paquete estadístico SPSS V18.

RESULTADOS:

Al evaluar 570 muestras por la técnica de CMF, se obtuvieron 50 resultados ambiguos (8,7 %), que fueron analizados por PCR-SSP y PCR-tiempo real simultáneamente. En 22 casos se detectó expresión de HLA B27 por PCR-SSP, obteniéndose los mismos resultados por PCR-tiempo real, observándose un 100% de correspondencia total entre las dos metodologías de PCR.

CONCLUSIÓN:

La CMF es un método rápido que presenta un desempeño altamente confiable para la identificación de HLA-B27, obteniéndose un porcentaje muy pequeño de resultados ambiguos, que se recomiendan confirmar por PCR. La PCR-tiempo real es una metodología rápida y muy fiable para el estudio del HLA-B27 que podría sustituir a la PCR-SSP en los laboratorios.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 413

ESTUDIO DE EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO DE HISTOCOMPATIBILIDAD HLA B27 POR CITOMETRÍA DE FLUJO, PCR-SSP Y PCR-TIEMPO REAL

Autor/a/s: MERINO RIVILLA PILAR, HERNÁNDEZ RUBIO ANA, OCAÑA UREÑA CARMEN, BUITRAGO MELERO M^a ISABEL

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO CIUDAD DE JAEN

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: pilarmerino11@gmail.com

RESUMEN:

ESTUDIO DE EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO DE HISTOCOMPATIBILIDAD HLA B27 por CITOMETRÍA DE FLUJO, PCR-SSP Y PCR-TIEMPO REAL
UGC Laboratorio. Área de Inmunología. Complejo Hospitalario de Jaén.

INTRODUCCIÓN:

El antígeno de histocompatibilidad HLAB27 está relacionado con varias enfermedades reumáticas seronegativas, entre ellas espondilitis anquilosante, uveítis y Síndrome de Reiter. A pesar de no ser diagnóstica para estas enfermedades su presencia es indicativa de susceptibilidad y es una herramienta de importancia en el laboratorio de las enfermedades reumáticas. La CMF es una técnica rápida, fácil y económica muy útil para el estudio del antígeno de histocompatibilidad HLA B27, pero tiene el inconveniente que en ocasiones se obtienen resultados ambiguos debido a reactividad cruzada del anticuerpo con los antígenos HLAB7 y HLAB40, por lo que es necesario realizar el estudio con otras técnicas como la PCR-alelo específica.

MICROBIOLOGÍA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 003

APLICACIÓN DEL CITÓMETRO UF-1000I EN EL CRIBADO DE INFECCIONES URINARIAS EN CASTILLA LA MANCHA

Autor/a/s: BORREGO PAREDES GEMMA, ASENSIO EGEA MARIA ANGELES, DE BRINGAS POSADILLO MARÍA ESPERANZA, CALERO RUIZ MARÍA MERCEDES.

Centro de trabajo: HOSPITAL LA MANCHA CENTRO

Localidad: ALCÁZAR DE SAN JUAN

Correo electrónico del primer firmante: confabulhadas@hotmail.com

RESUMEN:

Introducción/Objetivos: El urocultivo es una de las pruebas microbiológicas más solicitadas, siendo de referencia para el diagnóstico de la Infección del Tracto Urinario (ITU). El resultado tarda entre 24 y 72 horas, siendo negativo en un alto porcentaje de peticiones. Nuestro objetivo es determinar la validez y precisión del citómetro UF-1000i para su aplicación como método de cribado previo al urocultivo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio observacional y multicéntrico, que incluye 6 centros manchegos, cubriendo 1.237.344 habitantes. Se realizó un muestreo consecutivo de las orinas remitidas, durante 5 días laborables en horario de mañana, a los laboratorios de Microbiología para descartar la presencia de ITU y/o bacteriuria asintomática (BA). Todas las muestras fueron sembradas y analizadas por el UF-1000i (Sysmex).

Las variables recogidas fueron:

Citómetro: recuentos de bacterias, leucocitos, células epiteliales y morfología bacteriana.

Urocultivo: recuento de colonias (positivos \geq 10⁴ unidades formadoras de colonia/ml) y tipo de microorganismo. Para el análisis estadístico de los resultados del UF-1000i se consideraron positivos tanto los cultivos positivos como los contaminados.

Variables de estratificación: edad, sexo, procedencia de la muestra, tipo de orina, recogida con/sin conservante.

Se realizaron curvas ROC para estimar el punto de corte óptimo con mayor capacidad para descartar una ITU/BA para los parámetros analizados por el citómetro.

RESULTADOS:

En la siguiente tabla se recogen las características de la muestra analizada:

Características		N (%)
Edad (Media \pm DE, rango; Med, RI)		53,5 \pm 24,2, 0-101; 56, 34-75
Conservante	SI	1269 (53,14)
	NO	1199 (46,86)
Sexo	Hombres	804 (32,58)
	Mujeres	1664 (67,42)
Bacterias/ μ l (Med, RI; rango)		52, 14-400 (0-87816)
Leucocitos/ μ l (Med, RI; rango)		9, 3-39; (0-4166)
Células epiteliales/ μ l (Med, RI; rango)		6, 2-15 (0-398)
Tipo de Muestra	Media Micción	812 (73,0)
	No Especificada	227 (20,4)
	Sondaje	73 (6,6)
Morfología	Cocos/Mixto	1282 (58,1)
	Bacilos	423 (19,2)
	Negativos	503 (22,8%)

DE: desviación estándar, Med: mediana, RI: rango intercuartílico

El análisis ROC muestra los siguientes puntos de corte:

- Bacteriuria: área bajo la curva (ABC)=0,82 (IC95%, [0,80-0,84]), identificando un punto de corte óptimo de 21 bacterias/ μ L, con sensibilidad del 93,3% y especificidad del 35,7%.

- Leucocituria: ABC=0,52 (IC95%, [0,49-0,55]) y no se encontró un punto de corte óptimo.

La concordancia de resultados entre el urocultivo y el citómetro se muestra en la siguiente tabla:

		Cultivo		
		Positivo	Negativo	Total
Citómetro	Positivo	521	1.176	1.697
	Negativo	46	725	771
	Total	567	1.901	2.468

CONCLUSIONES:

El citómetro UF-1000i presenta una adecuada sensibilidad y especificidad para ser utilizado como método de cribado de ITU/BA.

Se ahorraría el cultivo del 40,7% de orinas con un 1,8% de falsos negativos, reduciendo la carga de trabajo y optimizando los recursos del laboratorio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 004

RESISTENCIA DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS A LOS ANTITUBERCULOSOS DE PRIMERA LÍNEA EN EL ÁREA SANITARIA MANCHA CENTRO EN UN PERIODO DE 8 AÑOS

Autor/a/s: BORREGO PAREDES GEMMA, ASENSIO EGEA MARIA ANGELES, DE BRINGAS POSADILLO MARÍA ESPERANZA, CALERO RUIZ MARÍA MERCEDES.

Centro de trabajo: HOSPITAL LA MANCHA CENTRO

Localidad: ALCÁZAR DE SAN JUAN

Correo electrónico del primer firmante: confabulhadas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

La población inmigrante de países con mayor incidencia de tuberculosis y mayor tasa de resistencias supone un reto para el control de la infección en nuestro país. Nuestro objetivo es describir las resistencias de los aislamientos de Mycobacterium tuberculosis (MTB) en el Área Sanitaria de la Mancha-Centro.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de los aislamientos de MTB resistentes a los antituberculosos de primera línea diagnosticados en el Hospital La Mancha Centro entre los años 2006 y 2014. Los datos se obtuvieron del sistema informático de Microbiología.

RESULTADOS:

En el periodo de estudio se aislaron 123 cepas de MTB. La mitad de los pacientes fueron españoles y de los inmigrantes, el 77,4% procedían de Rumanía. La mayoría de aislados procedieron de muestras respiratorias (88,6%) seguidas de orinas (4%). El 8,1% de las cepas (10) fueron resistentes a algún antituberculoso, siendo dos de ellas multirresistentes y una extremadamente resistente.

Tabla 1. Distribución de las resistencias en función de la nacionalidad

	TOTAL	ESPAÑOLES	INMIGRANTES	Rumania	África norte	América latina
S a todos los ATB	123	61	62	48	9	5
R a ms ATB de 1ª línea	113	59	54	44	7	3
Multirresistente	7	2	5	3	0	2
Extremadamente resistente	2	0	2	0	2	0
% Total resistencias	8,1%	3,2%	12,9%	-	-	-

S: sensibilidad. R: resistencia. ATB: antituberculosos. ESP: españoles. INMIG: inmigrantes. RUM: Rumania. AFN: África del Norte. AML: América Latina

Tabla 2. Resistencias anuales a los antituberculosos

	TOTAL	ESPAÑOLES	Rumania	América latina	África norte
2006	1		1 (INH)		
2007	0				
2008	1		1 (RF)		
2009	1		1 (INH)		
2010	2			1 (INH)	1 (INH, RF)
2011	3	1 (INH)		1 (INH)	1 (INH, RF, PZ)
2012	1	1 (INH, ST)			
2013	0				
2014	1		1 (INH, RF, ST, ETB)		

INH: isoniazida. RF: rifampicina. PZ: pirazinamida. ST: estreptomycin. ETB: etambutol

INH: isoniazida. RF: rifampicina. PZ: pirazinamida. ST: estreptomycin. ETB: etambutol

CONCLUSIONES:

Nuestro porcentaje de resistencias es inferior que el de la región (11,1% en 2010), siendo 4 veces mayor en inmigrantes.

La resistencia a INH fue la más frecuente.

Las cepas más resistentes pertenecieron a pacientes africanos y rumanos. Por ello, sería recomendable iniciar terapia con 4 antituberculosos en la población inmigrante.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 007

ESTUDIO COMPARATIVO DE DOS MEDIOS DE CULTIVO PARA DETECTAR LA COLONIZACIÓN POR ESTREPTOCOCCO DEL GRUPO B EN GESTANTES EN EL AGSNH.

Autor/a/s: GARCIA VELA, JOSE HERMINIO Y FRANCO ALVAREZ DE LUNA, FRANCISCO

Centro de trabajo: HOSPITAL DE RIOTINTO

Localidad: MINAS DE RIOTINTO

Correo electrónico del primer firmante: jhgvela@yahoo.es

RESUMEN:

Dentro del seguimiento que realiza el servicio de tocoginecología de detección de gestantes portadoras de Streptococcus agalactiae y debido a su importancia clínica, hemos estudiado los resultados obtenidos con dos sistemas de identificación. Para ello hemos inoculado por paralelo dos sistemas de detección de esta bacteria, el medio de agar Granada (BBLTM) y el medio agar Brilliance™ GBS (Thermo Fisher Scientific™).

INTRODUCCIÓN:

La detección de Streptococcus agalactiae o estreptococo del grupo B (EGB) en la vagina y/o el recto de las mujeres embarazadas y la administración de profilaxis antibiótica intraparto en las portadoras es actualmente el método más eficaz y el más recomendado para prevenir la infección neonatal precoz por EGB. La elección del medio de cultivo para detectar EGB en escobillones vagino-rectales puede influir de forma importante en la eficacia de esta medida, ya que son diversos los medios de cultivo que se utilizan para este fin. Por este motivo, hemos realizado un estudio comparativo de dos medios de cultivo con el objetivo de investigar su eficacia en la detección de gestantes portadoras de EGB.

MATERIAL Y MÉTODO:

Para el presente estudio comparativo hemos procedido a la siembra de 97 muestras de exudado vagino-rectal (408C COPAN), recibidos durante los meses de septiembre-diciembre de 2016, en ambos medios, medio agar Granada (BBLTM) y medio agar Brilliance™ GBS (ambos, medios sólidos en placa). Generalmente se recibe una sola muestra correspondiente a una sola toma vagino-rectal. Se procedió a la siembra directa en el medio de agar Granada, posteriormente, con esa misma torunda se inocula el medio Brilliance™ GBS, siembra cualitativa con asa calibrada después de una descarga inicial con la torunda en ambos medios. El medio de agar Granada se incubó en jarra con atmósfera de anaerobiosis durante 24-48 h. y el medio Brilliance™ GBS durante 24 h. en estufa de 35-37°C. Se realizan lectura de los mismos a las 24 horas y a las 48 horas de incubación. La identificación de las cepas de EGB se realizó mediante: a) producción de pigmento naranja en medio de Granada; b) producción de pigmento

rosa intenso en medio Brilliance™ GBS y c) en los casos dudosos del medio Brilliance™ GBS se procede a la identificación de las colonias espectrofotométrica de masas (Maldi-Toff MS). Aquellas colonias que fueron presuntivas de ser EGB por presentar una producción de un pigmento rosa intenso en el medio Brilliance™ GBS, se procedió a su subcultivo en Agar Sangre (Thermo Fisher Scientific) para su posterior identificación mediante prueba de aglutinación con látex específico frente a S. agalactiae (Pastorex™ Strept B. BioRad). Aquellos aislamientos con aglutinación negativa, fueron identificados mediante espectrofotométrica de masas (Maldi-Toff MS).

RESULTADOS:

Para este estudio hemos procesado un total de 97 muestras de las cuales 11 (11.34%) han presentado crecimiento de EGB por ambos medios de cultivo. En 38 de las muestras (39,17%), se detectaron cepas con pigmento rosa, compatibles con EGB en el medio de Brilliance™ GBS mientras en medio de agar Granada no hay presencia de cepas compatibles con EGB. En 48 (49,48%) no hemos detectado la presencia de colonias compatibles con EGB en ambos medios. No se ha detectado, en ninguna muestra, crecimiento de EGB en el medio de Granada y ausencia de pigmento en el medio Brilliance™ GBS. A todas las cepas compatibles en su pigmentación con EGB, que fueron detectadas en el medio Brilliance™ GBS y aglutinación con látex negativa, se les realizó una resiembra en Agar Sangre y una posterior identificación mediante espectrofotométrica de masas Maldi-Toff, identificándose los aislados como: Streptococcus salivarius (16), Streptococcus oralis (12), Streptococcus anginosus (5), Lactobacillus spp. (3), Staphylococcus spp. (1), y Corynebacterium spp. (1).

	Número de muestras					
	Detección de color					
	EGB	Otros	S (%)	E (%)	VPP (%)	VPN (%)
Granada	11	0	100	100	100	100
Brilliance™ GBS	11	38	100	55.8	22.4	100

S: sensibilidad, E: Especificidad, VPP: Valor predictivo positivo, VPN: Valor predictivo negativo.

DISCUSIÓN:

En nuestro estudio, el medio Brilliance™ GBS ha demostrado poseer una eficacia limitada para la detección de EGB; pues presenta cepas con coloración compatible con EGB que no se confirman por otros métodos.

Por tanto, podemos concluir que lo que diferencia realmente al agar Brilliance™ GBS de otras fórmulas, la presencia de tecnología patentada Inhibigen, no evita, en nuestros casos, la aparición de cepas de color rosa compatibles con EGB, que posteriormente no se confirman.

Aunque el tiempo recomendado es incubar las muestras 24 horas, en el caso de las placas de Brilliance™ GBS y de 24-48 horas en el caso del medio de Granada, la mayoría de los cultivos han presentado cepas con coloración naranja (Agar Granada) o rosa (Brilliance™ GBS) compatibles con EGB a las 24 horas no existiendo cambios significativos al aumentar el tiempo de incubación de los mismos.

A la vista de los resultados obtenidos es concluyente que el medio de Agar Granada presenta una mayor especificidad que el medio Brilliance™ GBS.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 021

PREVALENCIA DE ANTIGENO DE HELICOBACTER PYLORI EN EL AGSNH EN EL PERIODO 2010-2016.

Autor/a/s: GARCIA VELA, JOSE HERMINIO Y FRANCO ALVAREZ DE LUNA, FRANCISCO

Centro de trabajo: HOSPITAL GENERAL RIOTINTO

Localidad: MINAS DE RIOTINTO

Correo electrónico del primer firmante: jhgvela@yahoo.es

RESUMEN:

La infección por *Helicobacter pylori* se considera una de las afecciones emergentes más importantes del presente siglo, relacionándose estrechamente con las enfermedades del tracto gastroduodenal y como factor predisponente para el carcinoma gástrico. Para su diagnóstico se han empleado pruebas invasivas y no invasivas, entre estas últimas la inmunocromatografía en heces, la cual detecta cualitativamente antígenos de éste patógeno. El objetivo de este estudio es mostrar la prevalencia de antígeno de *Helicobacter pylori* en heces en el AGSNH durante el periodo 2010-2016 utilizando una técnica de inmunocromatografía (rapid test SD Bio Line H. pylori Ag[®]!).

INTRODUCCIÓN:

La infección por *H. pylori* genera actualmente un enorme impacto a nivel de salud pública, haciendo importante su estudio en diferentes niveles. La helicobacteriosis se considera una de las patologías emergentes del siglo XXI y su asociación con enfermedades gastro-duodenales como la enfermedad ácido péptica ha sido ampliamente estudiada, a tal punto que hoy la Organización Mundial de la Salud le reconoce como factor de predisposición para carcinoma gástrico el cual entre los cánceres, se ubica como el cuarto de mayor incidencia y el segundo con mayor mortalidad. El diagnóstico de *H. pylori* se puede llevar a cabo por medio de pruebas invasivas y no invasivas; en las pruebas invasivas el paciente se somete a una endoscopia de vías digestivas altas, en la cual se extrae una muestra de tejido (biopsia), a la que se le aplican diferentes métodos para poder detectar microorganismos. Algunos de éstos son: tinción de Gram, test rápido de ureasa en muestras de mucosa gástrica y cultivo de la bacteria, entre otros. Las no invasivas permiten la detección de *H. pylori* sin la necesidad de realizar endoscopia y entre ellas encontramos la detección de antígenos en heces; esta prueba fue aprobada por la FDA (Food and Drugs Administration) y ha demostrado ser un test confiable para detectar la bacteria. Entre las ventajas a destacar, es un método rápido; permite la identificación de *H. pylori* en cuestión de minutos, no representa una gran molestia para el paciente y su costo es bajo en comparación con otros métodos (4, 5). La inmunocromatografía rápida por medio del test de antígenos en heces es una técnica que emplea la detección cualitativa de antígenos para *H. pylori* en materia fecal, en la que se ha llegado a determinar una sensibilidad y especificidad mayor a 90%. Es un método de bajo costo comparado con el valor que representa el estudio histopatológico y se ha demostrado que es un método fiable para el diagnóstico de la infección, principalmente en pacientes no tratados. La inmunocromatografía rápida por medio del test de antígenos en heces es una técnica que emplea la detección cualitativa de antígenos para *H. pylori* en materia fecal, en la que se ha llegado a determinar una sensibilidad y especificidad mayor a 90%.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se evaluaron 182 muestras de heces, procedentes de pacientes de las diferentes consultas de nuestra área sanitaria durante un periodo de tiempo de seis años (2010-2016) y por medio del rapid test SD Bio Line H. pylori Ag[®]!, se determinó la presencia de antígenos de *H. pylori* en las muestras fecales. La presencia de la banda de prueba (T) y de la banda de control (C) dentro de la ventana de resultados, independientemente de que banda aparezca primero, indicó un resultado positivo y la presencia de únicamente una línea de control (C) dentro de la ventana de resultados indicó un resultado negativo.

RESULTADOS:

Se procesaron un total de 182 muestras durante el periodo de nuestro estudio (2010-2016), de las cuales en 27 (14,83%) se detectó la presencia de antígeno de *H. pylori*. En 145 muestras (79,67%) no se detectó la presencia de antígeno de *H. pylori* y 10 de las muestras recibidas (5,49%) no se procesaron por no proceder la realización de la prueba. Del total de muestras positivas, 16 corresponden a mujeres (59,26%) y 14 corresponden a varones (51,85%). Solo se realiza endoscopia al enfermo en 9 de los casos positivos y todos ellos se realizan previos a la prueba de detección de antígeno en heces.

DISCUSION:

Nos encontramos ante un método rápido que permite la identificación de *H. pylori* en cuestión de minutos, no representa una gran molestia para el paciente y su costo es bajo en comparación con otros métodos.

Tal y como indican las bibliografías, es un método de bajo costo comparado con el valor que representa el estudio histopatológico y se ha demostrado que es un método fiable para el diagnóstico de la infección, principalmente en pacientes no tratados.

La prueba es para una detección cualitativa del antígeno de *H. pylori* en muestras de heces y no muestra la cantidad de antígeno.

En nuestra área de influencia la mayoría de positivos se detectan en el género femenino, aunque no hay descrito una mayor prevalencia de infección entre las mujeres que entre los hombres.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 025

MICROORGANISMOS PATOGENOS MAS FRECUENTES EN BRONCOASPIRADOS DURANTE EL AÑO 2016 EN EL H. C.U. VIRGEN DE LA VICTORIA. MALAGA

Autor/a/s: Manuel González Rosa, María Encarnación Morales Ibáñez, Ángela Guerrero Crespillo

Centro de trabajo: H.C.U. Virgen de la Victoria.

Localidad: MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: mangoros62@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los procesos infecciosos del tracto respiratorio inferior son los que requieren más hospitalización y presentan mayores tasas de morbilidad y mortalidad. La neumonía es una de las infecciones más frecuentes en pacientes sometidos a ventilación mecánica. El diagnóstico microbiológico de este tipo de infecciones es una herramienta de vital importancia para el tratamiento correcto en estos pacientes y se realiza generalmente a partir del broncoaspirado. Consiste en enclavar el catéter en un bronquio distal y aspirar 1-2 ml de secreciones bronquiales sin instilar suero. El broncoaspirado es una de las técnicas de elección intrahospitalaria para la detección de microorganismos causantes de infecciones de vías respiratorias inferiores.

OBJETIVOS:

Conocer los microorganismos aislados con mayor frecuencia en este tipo de muestras en pacientes ingresados en el H.C.U. Virgen de la Victoria durante el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Homogeneizamos la muestra con 1 ml de N-Acetil-Cisteína, lo agitamos en el vórtex e incubamos durante 15 minutos en estufa a 37°C, volvemos a agitar en vórtex y añadimos 1 ml de muestra homogeneizada a 9 ml de solución salina estéril. Sembramos con asa de 10µl por recuento en toda la placa: Agar sangre (CO2 a 35°C), Agar chocolate (CO2 a 35°C), MacConkey (35°C) y Sabouraud (35°C) en caso de pedir hongos, y una tinción de Gram. Con la tinción de Gram se valora la presencia de polimorfonucleares y morfología de microorganismos. Incubamos todas las placas durante 48 horas, excepto Sabouraud que se incuba durante 5 días, y se valoran los recuentos > 100.000 ufc / ml.

RESULTADOS:

Durante el año 2016 se recopilaron muestras de 544 pacientes de las cuales 226 fueron positivas constituyendo un 41,54%. En éstos positivos las bacterias mayoritarias han sido: *Pseudomonas aeruginosa* con 42 (18,58%), seguido de la *Klebsiella pneumoniae* con 25 (11,06%), el *Staphylococcus aureus* con 26 (11,5%) y el *Streptococcus pneumoniae* con 14 (6,19%). El 52,67% restante lo forman un grupo de bacterias como son el *Citrobacter koseri*, *Enterobacter aerogenes*, *Moraxella (Branhamella) catarrhalis*, *Escherichia coli*, *Serratia Marcescens*, *Proteus mirabilis*, *Haemophilus influenzae*, etc.

CONCLUSIÓN:

Los microorganismos más frecuentes aislados en pacientes con infección respiratoria de vías bajas durante el año pasado 2016, han sido de tipo Gram negativo (*Pseudomona aeruginosa* y *Klebsiella pneumoniae*) con 175 aislamientos. En 51 pacientes, los microorganismos detectados fueron Gram positivos (*Staphylococcus aureus* y *Streptococcus pneumoniae*).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 026

ERRORES PREANALÍTICOS EN LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA EN EL HOSPITAL VIRGEN DE LA PEÑA

Autor/a/s: Olga Luciana Rodríguez Morales; Camila Pascual Sueiro; Sandra Patricia Guerrero Díaz

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Peña

Localidad: PUERTO DEL ROSARIO

Correo electrónico del primer firmante: luciana.olga@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El inicio de todo proceso de laboratorio es la petición, que debe reflejar la información necesaria para poder trabajarla. Debe contener datos referentes a:

- Paciente: nombre y apellidos, fecha de nacimiento, historia clínica, número de afiliación a la seguridad social, datos clínicos.
- Petición: número de identificación, servicio que lo solicita con la firma del facultativo, pruebas o estudios solicitados.
- Muestra: tipo de muestra que se envía, localización de la muestra (caso exudados, heridas).

OBJETIVOS:

Detectar los errores en los distintos tipos de peticiones que llegan al laboratorio de microbiología durante seis meses.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Revisamos las 7929 peticiones desde julio a diciembre del 2016. Separamos los distintos tipos de peticiones que llegan identificando los errores más comunes y anotamos los fallos más habituales.

RESULTADOS:

Se procede a realizar una tabla detallando los errores más comunes para que sea más visual:

Peticiones informatizadas	
Correctas Informatizadas	96.88 %
Sin fecha de nacimiento	0%
Sin muestra	2.6 %
llegibles	0.07 %
Otros	0.45 %

Peticiones manuales con etiqueta impresa	
Correctas manuales	45.9 %
Sin fecha de nacimiento	24.1 %
Sin muestra	28.7 %
Otros	1.3% %

Peticiones manuales	
Correctas manuales	0%
Sin número Seguridad Social	100%
Sin fecha de nacimiento	44.6 %
Sin Historia Clínica	6.5 %
Otros	1.6 %

Se ve claramente que en las peticiones informatizadas en su totalidad, la cantidad de errores es minúscula en comparación con las peticiones manuales parciales con etiqueta identificativa del paciente informatizada, y con las que se hacen escribiendo los datos del paciente a mano que además en el total de peticiones revisadas no había ni una que incluyera el número de la Seguridad Social.

CONCLUSIONES:

Las solicitudes en papel son un recurso rápido para el facultativo, pero en ocasiones, no se entiende la letra o faltan multitud de datos que son necesarios y casi imprescindibles para introducirlos en el sistema informático del laboratorio.

Con las solicitudes de pruebas informatizadas, se ahorraría tiempo y errores por parte del técnico a la hora de pasar los datos al sistema para que salgan las etiquetas correctas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 032

ESTUDIO EPIDEMIOLÓGICO DE LOS PACIENTES CON FIBROSIS QUÍSTICA (FQ) UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL

Autor/a/s: María del Carmen Martínez Nalda, Jose Manuel Méndez Legaza, Pilar Bueno Requena, Belén Vizcaíno Hernández

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: mmartineznalda@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La fibrosis quística es una enfermedad genética hereditaria que produce una alteración en la secreción de mucosidades del sistema respiratorio y digestivo principalmente. Todo ello se asocia además a complicaciones que alteran la calidad de vida del paciente. A pesar de los avances en el diagnóstico, control y tratamiento, continúa siendo la afección respiratoria la principal causa de morbilidad y mortalidad en estos pacientes.

La Fibrosis quística es también llamada la enfermedad de los besitos salados porque la piel se daña por la secreción del sudor, siendo éste rico en sales. Los niños parecen sudar mucho y al besarlos, el sabor del sudor es muy salado.

OBJETIVOS:

Elaborar un análisis descriptivo de la microbiología y factores asociados a fibrosis quística pediátricos y adultos durante el año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Nuestro estudio está basado en la consulta de los datos del sistema informático de Microbiología y de informes clínicos del hospital. Del total de pacientes atendidos por los servicios de Neumología y Pediatría, se incluyeron sólo aquellos pacientes que acudieron a consulta de forma regular y de los que se recibieron al menos tres muestras respiratorias ese mismo año.

El diagnóstico microbiológico se realizó de acuerdo al cultivo convencional y posteriormente a la identificación y antibiograma (según reglas EUCAST) mediante los sistemas MALDI-TOF (Bruker) y MicroScanWalkAway (Siemens) respectivamente.

RESULTADOS:

Se incluyeron 16 y 27 pacientes de Pediatría Y Neumología respectivamente, de los que se obtuvieron 283 muestras respiratorias (137 pediátricas y 146 de Neumología). La muestra más frecuente fue el esputo seguida de frotis faríngeo, siendo este último mayor en pacientes pediátricos.

La edad media de los pacientes pediátricos fue 9,8 años (rango 6-17) y 34,7 (rango 20-69) en pacientes atendidos en Neumología. Se estudiaron una media de 8,6 y 5,4 muestras/paciente respectivamente.

CONCLUSIONES:

La prevalencia de patógenos clásicos (*S. aureus* y *P. aeruginosa*) en pacientes de fibrosis quística coincide con la previamente publicada. Sin embargo, la era de la identificación MALDI-TOF ha supuesto el hallazgo de otros patógenos que ayuda a explicar el árbol respiratorio de estos pacientes como un nicho ecológico peculiar favorable al sobrecrecimiento de una multitud de microorganismos.

COMPARACION DE LAS TECNICAS MOLECULARES DIGENE HC2Y COBAS-ROCHE PARA LA DETECCION DE HPV DE ALTO RIESGO.

Autor/a/s: Lopez Cabo Ana Maria, Garcia Garcia Carmen, Sanchez Hernandez María de la Paz; Del Valle Municio Margarita, Sanz Muñoz Iban, Rojo Rello Silvia

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Valladolid

Localidad: Valladolid

Correo electrónico del primer firmante: analcabo@yahoo.es

RESUMEN:**INTRODUCCION Y OBJETIVOS:**

El virus del papiloma humano (VPH) es uno de los patógenos de transmisión sexual más frecuentes en la actualidad. El infradiagnóstico de este virus o el retraso en el mismo puede tener graves repercusiones en la mujer, como el cáncer de cérvix, sobre todo en aquellos genotipos de alto riesgo (AR). Debido a esto, la detección precoz de este virus por métodos moleculares es necesaria. En la actualidad existe un amplio número de técnicas de diagnóstico molecular útiles para la identificación de VPH, sin embargo no todas poseen la misma sensibilidad diagnóstica. El objetivo de este estudio es la comparación de dos técnicas de diagnóstico molecular que ponga en evidencia la utilidad diagnóstica de VPH de alto riesgo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo observacional y analítico en el que se analizaron en el Servicio de Microbiología del Hospital Clínico Universitario de Valladolid 144 muestras cervicales de mujeres entre 18 y 60 años de Castilla y León. Para el diagnóstico de HPV de AR se utilizaron dos técnicas de biología molecular. La técnica utilizada como gold estándar se realizó en el soporte Rapyd Capture System (Digene Germany) utilizando los reactivos comerciales Digene HC2 Sample Conversión (Qiagen Germany) y por otro lado los reactivos Cobas 4800 HPV (Roche Switzerland) en el soporte Cobas 4800 (Roche Switzerland). Para la comparación estadística de ambas técnicas se analizaron los valores de Sensibilidad, Especificidad, Valor Predictivo (VPP), Valor Predictivo Negativo (VPN) e índice de Kappa (K). Se estableció un valor de significación de $\pm=0,05$.

RESULTADOS:

Mediante la técnica Digene se identificaron un total de 72 (50%) muestras positivas para HPV de AR, mientras que mediante la técnica Cobas identificó 128 (88,9%) muestras positivas. El 100% de las muestras identificadas como positivas mediante la técnica Digene fueron también identificadas mediante la técnica Cobas, mientras que únicamente 16 muestras negativas mediante Digene fueron también negativas por Cobas. Los resultados de Sensibilidad, Especificidad, VPP, VPN e índice K se muestran en la Tabla 1. El análisis del coeficiente K mostró un valor de 0,222 y una $p=0,000$.

	Valores (IC95%)
Sensibilidad	100,0% (95-100)
Especificidad	22,2% (13,8-33,6)
VPP	56,3% (41,6-58,4)
VPN	100,0% (100,0-100,0)
Coficiente Kappa	0,222 (0,132-0,336)

CONCLUSIONES:

El elevado VPN de la técnica Cobas muestra que esta técnica diagnóstica puede ser utilizada como método de cribado primario para evitar obtener resultados falsos negativos. Sería de gran utilidad disponer de una tercera técnica de confirmación con alta especificidad para los resultados positivos.

PREVALENCIA DEL VIRUS BK-JC EN EL CHUAC

Autor/a/s: María José Muño Andrade, María Luisa Fafián Ares

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: ramalleiran25@yahoo.es

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El virus BK y JC es un poliomavirus que presenta el tropismo para el epitelio renal. El virus JC también infecta oligodendrocitos cerebrales y es el agente etiológico de leucoencefalopatía multifocal progresiva (LMP), una enfermedad desmielizante infrecuente y mortal que afecta a personas inmunodeprimidas, sobre todo aquellas con SIDA.

El virus BK es causa de nefropatía postrasplante en receptores de trasplante renal y de cistitis hemorrágica en receptores de trasplante de células madre hematopoyéticas y de médula ósea.

La nefropatía asociada al virus BK (NABK) aparece como una infección oportunista en el trasplante renal tras una inmunosupresión intensa y puede llevar a la pérdida del injerto.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es determinar la prevalencia de la infección BK-JC en el CHUAC en un periodo de los últimos 5 años (2012-2016), así como los casos de coinfección.

Material Y Método

Magnapure Compact (Roche) }Extracción ADN de los poliomavirus BK-JC.

SmartCycler ® 2.0 }Termociclador

RealCycler ®POLI G (Progiene Molecular) }PCR cualitativa a tiempo real poliomavirus BK-JC.

RealStar® BKV PCR Kit 1.2 (Altona Diagnostics) } PCR cuantitativa a tiempo real poliomavirus BK

La PCR es el método de elección para detectar los virus BK-JC. El virus se puede detectar tanto en sangre como en orina.

RESULTADOS:

En el periodo 2012-2016 se procesaron un total de 3468 muestras de BK-JC, de las cuales fueron positivas para el virus BK un total de 611, y de estas presentaron una carga viral significativa ($CV>4$ log copias/ml) 173 muestras y para el virus JC un total de 227. El tipo de muestra analizada mayoritariamente fue plasma (577) seguido de orina (32) y líquidos cefalorraquídeos (2). La edad media es de 53 años siendo mayoritariamente varones (2328). Presentan coinfección BK-JC en dicho período 77 muestras.

VIRUS BK-JC																
AÑOS	TOTAL	BK			JC			COINFECCION BK-JC	EDAD MEDIA			SEXO			TIPO MUESTRAS POSITIVAS	
		NEGATIVO	CV<4log	CV>4log	TOTAL	NEGATIVO	POSITIVO		F	M	F	M	PLASMA	ORINA	LCR	
2012	494	424	47	23	70	476	18	18	53	53	168	326	58	11	1	
2013	462	357	72	33	105	457	5	1	47	53	147	315	101	4		
2014	535	445	73	17	90	511	24	13	50	54	171	364	87	3		
2015	751	633	81	37	118	698	53	15	55	56	253	498	116	2		
2016	1226	998	165	63	228	1099	127	30	54	55	401	825	215	12	1	
TOTAL	3468	2857	438	173	611	3241	227	77	53	53	1140	2328	577	32	2	

CONCLUSIONES:

El diagnóstico e intervención precoz minimiza la lesión del injerto. Viruria y Viremia sólo indica replicación viral, no nefropatía, pero son herramientas claves para la prevención y monitorización de la enfermedad.

Del estudio realizado cabe destacar que el índice de mayor prevalencia fue el año 2016(35%) alcanzando el pico máximo de positivos tanto para el BK(37%) como el JC (56%); así como para las coinfecciones (39%).

INFLUENCIA DEL POLIMORFISMO Q80K EN LA INFECCIÓN DEL VHC

Autor/a/s: María José Muíño Andrade, María Luisa Fafián Ares
 Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña
 Localidad: A Coruña
 Correo electrónico del primer firmante: ramalleiran25@yahoo.es

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Los avances terapéuticos en los últimos años han sido espectaculares y permiten curar la hepatitis C en la gran mayoría de los casos, alcanzando tasas de curación del 95%. Las nuevas alternativas terapéuticas, como agentes antivirales de segunda generación, entre los que se encuentran Simeprevir mejora notablemente la probabilidad de curar con mínimos efectos adversos. La tendencia se dirige al uso de tratamientos orales cortos en el tiempo y con ausencia de efectos secundarios. En España, el genotipo 1 del virus de la hepatitis C es el más prevalente, representa el 70% de los casos. Los nuevos medicamentos han demostrado ser eficaces para curar estos pacientes. La eficacia de los antivirales (AAD) parece depender del genotipo y del subtipo del VHC, puesto que la presencia de polimorfismos genéticos naturales en la proteasa NS3 puede comprometer la actividad de estos antivirales. Por tanto, es importante conocer la prevalencia de estos polimorfismos asociados a resistencias a los AAD en diferentes genotipos/subtipos del VHC en pacientes con hepatitis crónica C.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es determinar la prevalencia de los polimorfismos Q80K del genotipo 1 subtipo a del VHC, así como las unidades peticionarias más demandantes en el área sanitaria de A Coruña, en el periodo 2014-2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

MagNA pure compact (Roche) } Extracción del VHC
 GeneAmp. PCR System 9700 } Genotipado amplificación VHC
 Autoblot 3000 H medTec } Genotipado detección VHC
 HCV Genotype 2.0 Assay LIPA (Siemens)
 Polimorfismo Q80K es enviado a un centro externo (Instituto Carlos III). Diagnóstico por ensayo Sanger.

RESULTADOS:

El criterio de selección para el estudio fue seleccionar pacientes confirmados como positivos para el genotipo 1 subtipo a de la infección crónica del VHC en el periodo 2014-2016. Determinándose en dicho periodo 1084 genotipos. Presentaron polimorfismo Q80K 20 pacientes de un total de 173.

PERIODOS	GENOTIPO VIRUS HEPATITIS C						
	GENOTIPO	SUBTIPOS		POLIMORFISMO Q80K(1a)		POLIMORFISMO Q80K-PRESENTES	
		1	a	b	Presencia	Ausencia	Monoinfectados
AÑO 2014	172	98	74	3	15	3	-
AÑO 2015	646	319	327	16	125	7	9
AÑO 2016	266	132	134	1	13	1	-
TOTAL	1084	549	535	20	153	11	9

CONCLUSIONES:

La gran variabilidad genética de VHC puede favorecer la presencia de polimorfismos naturales asociados con resistencias a los AAD que de forma basal podrían comprometer la eficacia antiviral de estos fármacos. Por ello, la gran importancia de realizar un estudio de resistencias antes de iniciar la terapia antirretroviral. Los resultados del mismo permiten seleccionar el tratamiento más óptimo que asegure el éxito terapéutico.

Las infecciones más frecuentes son causadas por el genotipo 1 subtipo a. El polimorfismo Q80K está presente en 20 pacientes. La mayoría de los pacientes son mono infectados (11), el resto presenta coinfección VIH/VHC (9). Las unidades peticionarias más demandadas son las de medicina interna seguida de digestivo y penitenciario.

ECHINOCOCCUS GRANULOSUS EN EL AREA DE A CORUÑA

Autor/a/s: María Luisa Fafián Ares, María José Muíño Andrade
 Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña
 Localidad: A CORUÑA
 Correo electrónico del primer firmante: lfafare@yahoo.es

RESUMEN:

El Echinococcus granulosus es un cestodo(parásito, generalmente del intestino delgado del perro) responsable de la Hidatidosis(quistes hidatídico). Esta ciclozoonosis se considera endémica en todos los países mediterráneos e hiperendémica en el cono sur de América y China .En España, la mayor prevalencia se da en Castilla-Léon, Aragón, Extremadura, Navarra, La Rioja, Madrid y Andalucía Occidental.

La localización más frecuente de esta enfermedad es el hígado 50-70%(en el lóbulo derecho 80%), pulmón 20-40%(60% pulmón derecho y 13% bilateral) y otras localizaciones es de 10%.

El tratamiento quirúrgico es la opción definitiva de los quistes hidatídicos junto con el tratamiento percutáneo, ecografía o tomografía en quistes múltiples de tipo I y II .El Albendazol es el fármaco que más se utiliza .Éste impide que el parásito utilice la glucosa provocando una disminución de la energía, lo que permite su reabsorción por los tejidos y favoreciendo el manejo quirúrgico.

OBJETIVOS:

Estudio en el Complejo Hospitalario Universitario de A Coruña y su Área de influencia (centros de especializada y de primaria) del Echinococcus granulosus, edades, sexo al igual que los servicios peticionarios.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Hacemos un estudio de los años 2014, 2015, 2016. Se procesan un total de 221 muestras de las cuales 198 se realizan por hemoaglutinación indirecta y 23 se realizan por quimioluminiscencia indirecta (CLIA).

“Virclia Chemiluminiscencia de Vircell } Hydatidosis Virclia IgG Monotest.

“Reactivo HYDATIDOSIS FUMOZUE del laboratorio Fumouze diagnostics. } Microplate con fondo en U.

El diagnóstico serológico se efectuó mediante la determinación de anticuerpos dirigidos frente a Echinococcus granulosus por una técnica cuantitativa de hemoaglutinación indirecta y otra de quimioluminiscencia indirecta (ésta sólo los últimos 4 meses). Considerando dudosos títulos = 1/160 y positivos los títulos \geq 1/320 en el primer caso y dudosos (0.9 a 1.1) y positivos $>$ 1.1 en el segundo caso.

RESULTADOS:

En el año 2014 se realizaron 86 peticiones siendo 80 negativas y 6 dudosas.

En el 2015 fueron 83 peticiones siendo 82 negativas y 1 dudosa.

En el 2016 se hicieron 62 peticiones siendo 60 negativas y 2 positivas.

Nuestros resultados son 2 casos positivos (1 varón, 1 Hembra) con una \hat{A} de 78 años y 7 casos dudosos (todas mujeres) con una franja de edad entre los 41 y 85 años con una \hat{A} de 59 años.

Por servicios peticionarios la mayoría de los casos el 38.9% se registraron en Centros de Salud luego con 38.5% Digestivo, mientras que el 12.9% fueron de Medicina Interna sólo el 9.5% fue Cirugía General y Pediatría el 1.2%.

Las muestras positivas se enviaron a Centros Externos de Referencia dónde por mediación de ELISA se confirman que son negativas.

CONCLUSIONES:

Nuestros resultados demuestran que la técnica de hemoaglutinación indirecta que se empleó tiene una especificidad baja (debido a reacciones cruzadas con otros parásitos y otras afecciones) menor que la de los actuales ELISA . Los títulos de anticuerpos (1/160) se sitúa en

los límites de los valores considerados como positivos, de este modo la presencia de portadores asintomáticos y el predominio de los quistes de pequeño tamaño podrían justificar los resultados obtenidos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 050

INCIDENCIA CORONAVIRUS EN ASTURIAS: NOVIEMBRE 2016 A ENERO 2017

Autor/a/s: ROMINA IGLESIAS DEL CUETO, ROBERTO PEREDA GUTIERREZ, MARIA DEL ROSARIO LOPEZ MATEO, MARIA JOSE VILLANUEVA MENDEZ, MERCEDES ORVIZ ALVAREZ

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE OVIEDO

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico primer firmante: romina_idc@outlook.es; romina_idc@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los coronavirus son virus RNA de polaridad positiva nombrados así por presentar proteínas espículas en su envuelta que le dan el aspecto de una corona. Son patógenos respiratorios de distribución global, causando desde resfriados comunes hasta neumonías, exacerbación de EPOC o cuadros más graves como el síndrome respiratorio agudo severo (SARS) y el síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS).

OBJETIVOS:

Conocer el impacto del coronavirus en las infecciones respiratorias diagnosticadas durante el trimestre de invierno (noviembre a enero) en pacientes que acudieron al HUCA.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudió la presencia de virus respiratorios en 3260 muestras (3068 exudados nasofaríngeos, 102 lavados nasales profundos, 26 lavados broncoalveolares, 25 aspirados traqueales, 17 esputos y 19 otras muestras), pertenecientes a 1428 pacientes entre 0-14 años (43,8%), 792 entre 15-65 años (24,3%) y 1027 mayores de 65 (31,5%), recibidas en el periodo de noviembre 2016 a enero 2017. Se realizaron PCR a tiempo real múltiples con sondas diseñadas en el laboratorio y se amplificó el gen de la B-globina para valorar la calidad de la muestra y calcular la carga viral expresada en log/1000 células. El análisis estadístico de los datos se realizó mediante el test de chi-cuadrado (significación $p < 5$).

RESULTADOS:

Coronavirus fue detectado en 2,91% (95/3260) de las muestras a lo largo del periodo de estudio. La prevalencia por mes fue 1,71% (13/760) en noviembre, 2,08% (37/1776) en diciembre y 6,20% (45/726) en enero, con diferencias significativas entre noviembre-enero y diciembre-enero ($p = 0,0000080$ y $0,0000015$, respectivamente).

La distribución de coronavirus positivos por grupo de edad fue de 36 casos en pacientes entre 0-14 años, 26 entre 15-65 años y 32 en mayores de 65 años. En la estratificación por meses se observa: en noviembre, 1,50% 0-14 años (7/465), 3,37% entre 15-65 años (6/178) y 0% mayores de 65 años (0/116); en diciembre, 2,49% entre 0-14 años (19/762), 2,19% entre 15-65 años (9/411) y 1,51% mayores de 65 años (9/59

7); y en enero 1,59% entre 0-14 años (10/628), 5,42% entre 15-65 años (11/203) y 7,32% mayores de 65 años (23/314). Existen diferencias significativas en el número de casos entre la población pediátrica (0 a 14 años) y la población adulta (15 a 65 y >65 durante el mes de enero ($p = 0,0025$ y $0,0000064$, respectivamente).

Respecto al promedio de la carga viral, expresado en log/1000 células, en noviembre fue de 4,3 en diciembre 5,05 y en enero 5,74 ($p = 0,0025$ y $0,0466$ respecto a noviembre y diciembre).

No hubo diferencias significativas entre las cargas virales de cada grupo de edad: 5,27 en sujetos entre 0-14 años, 5,29 entre 15 y 65 años, 5,48 en mayores de 65.

CONCLUSIONES:

La prevalencia de HCoV y la carga viral fueron significativamente mayores en enero, coincidiendo con el descenso en el pico de epidemia de la gripe en Asturias, lo que facilita la emergencia de otros virus respiratorios.

Se observa un número de casos significativamente mayor en la población adulta respecto a la pediátrica durante el mes de enero.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 060

CONTRIBUCIÓN DE LOS MECANISMOS DE RESISTENCIA A FOSFOMICINA EN LA RESISTENCIA CLÍNICA Y SU COSTE BIOLÓGICO ASOCIADO A ESCHERICHIA COLI.

Autor/a/s: CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER; DÍAZ DE ALBA, PAULA MARÍA; SERRANO ROCHA, LARA; ORTIZ ARIZA ESTEFANIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: caballero_moyano86@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los mutantes resistentes a fosfomicina a menudo llevan delecciones en los genes relacionados con su transporte intracelular (GLPT, uhpT, ptsI, y cyaA) junto con otras mutaciones puntuales. La contribución de cada gen en la resistencia a fosfomicina y el coste asociado al fitness sigue siendo desconocido.

OBJETIVO:

El objetivo de este trabajo es conocer como contribuyen los mecanismos de resistencia a fosfomicina en la resistencia clínica y su coste biológico asociado a Escherichia coli.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se utilizó E. coli BW25113 (wild-type, wt) y las cepas derivadas, con una única delección en los genes de resistencia a fosfomicina más relevantes (GLPT, uhpT, ptsI, y CyaA). Los mutantes se construyeron reemplazando el gen de interés con un cassette resistente a kanamicina.

La sensibilidad a fosfomicina se determinó utilizando el método de dilución en agar con glucosa-6-fosfato (siguiendo metodología y puntos de corte de CLSI).

Los crecimientos se monitorizaron espectrofotométricamente (4 veces) en LB durante 24 horas en placas de 96 pocillos usando un inóculo inicial de 106 ufc/ml. Se realizó un modelo matemático en Pmetrics usando la ecuación, $XP(1) = Kg * X(1) * (1 - (X(1)/POP_{MAX}))$. La constante de velocidad de crecimiento (Kg) de los mutantes se comparó respecto a la cepa original (wt).

Las cepas mutantes se analizaron mediante competiciones de crecimiento contra BW25113 para medir su índice de competencia como una función de las mutaciones de resistencia que llevaban. Cada cepa se cultivó en LB a 37°C 12 h, mezcladas en una proporción 1:1, diluido 10-3 en LB, a continuación, cultivar 24 h para completar un ciclo de crecimiento. Cada ciclo de crecimiento sucesivo se inició diluyendo la mezcla 10-3 en LB. El experimento de competición (2 ciclos) se realizó 4 veces. Las unidades formadoras de colonias (UFC) se cuantificaron por plaqueo en LB (50 µg/ml de kanamicina) para los mutantes y placas de agar LB para las poblaciones mixtas.

Índice de la competencia final = (UFC mutantes/UFCwt)/Inicial(UFC mutantes / UFCwt)

RESULTADOS:

La CMI a fosfomicina fue: BW25113 1 mg/l, "glpT 1 mg/l, "ptsI 2 mg/l, "cyaA 8 mg/l, y "uhpT 64 mg/l. No se observaron diferencias de la tasa de crecimiento constante entre ellos. El índice de la competencia fue 0,193 ("glpT), 0,036 ("ptsI), 0,006 ("cyaA) y 0,398 ("uhpT).

CONCLUSIONES:

Ninguna de las mutaciones sola confiere resistencia clínica. Las mutaciones que confieren resistencia a la fosfomicina producen un coste del fitness, especialmente cyaA y ptsI.

Esto podría explicar por qué algunos mecanismos de resistencia a fosfomicina siguen siendo escasos en aislados clínicos.

PCR EN TIEMPO REAL PARA LA CUANTIFICACIÓN DIRECTA DE ADN DE STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS EN MUESTRAS DE SANGRE

Autor/a/s: CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER; DÍAZ DE ALBA, PAULA MARÍA; SERRANO ROCHA, LARA; ORTIZ ARIZA ESTEFANIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: caballero_moyano86@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

Staphylococcus epidermidis es la causa más común de bacteriemias relacionadas con dispositivos clínicos, presentando la bacteriemia asociada a catéter una alta morbimortalidad. El método diagnóstico microbiológico actual es la diferencia de tiempo hasta positividad entre un hemocultivo de sangre periférica y otro tomado a través del dispositivo, necesiéndose un tiempo de entre 24 y 48 horas. La PCR cuantitativa en tiempo real podría mejorar el diagnóstico microbiológico de estas infecciones en términos de sensibilidad y tiempo.

OBJETIVO:

El objetivo de este trabajo es desarrollar un método rápido y preciso para cuantificar ADN de S. epidermidis directamente en muestras de sangre.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Cinco mililitros de sangre/EDTA procedente de voluntarios sanos fueron inoculados con concentraciones conocidas de S. epidermidis ATCC 35984, desde 1 UFC/ml a 107 UFC/ml. Tras el pretratamiento de las muestras con el kitMolYsis™ Basic5 (Molzym GmbH & Co, Bremen, Alemania), el ADN se extrajo de manera automatizada en el MagnaPure LC (Roche Diagnostics, S.L., Saint Cugat, España). Una vez extraído el ADN, desarrollamos una PCR en tiempo real (RT-PCR) para amplificar el gen nuc usando los cebadores descritos previamente (Hirota S. et al. J Clin Microbiol, 2011) con el kit LightCycler® 480 SYBR Green I Master (Roche), en el termociclador LightCycler 2.0 (Roche). Los experimentos fueron repetidos 5 veces. Para cuantificar el ADN en sangre, asumimos una ADNemia equivalente a las UFC, ya que el gen nuc es cromosómico y de copia única. La sensibilidad de la RT-PCR en sangre se calculó usando 30 cepas clínicas de S. epidermidis. Para evaluar la especificidad de la técnica, se usaron 30 cepas clínicas de S. aureus, 7 cepas clínicas de estafilococos coagulasa-negativa (1 S. warnerii, 3 S. haemolyticus y 3 S. hominis), y 16 cepas estándares ATCC (S. aureus, Enterococcus faecalis, E. faecium, Streptococcus pneumoniae, Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, K. oxytoca, Enterobacter cloacae, E. aerogenes, Proteus mirabilis, Morganella morganii, Serratia marcescens, Citrobacter freundii, Pseudomonas aeruginosa, Acinetobacter baumannii y Candida albicans).

RESULTADOS:

Con esta técnica, la cuantificación de la ADNemia de S. epidermidis se realizó en menos de 3 horas y media, presentando un límite de detección de 1 UFC/ml. La especificidad fue del 100%, mientras que la sensibilidad fue del 90,32%. La recta resultante de la representación gráfica del cross-point frente a la ADNemia puede definirse por la ecuación $y=3,585x+46,59$ (donde y representa el cross-point obtenido y x representa la ADNemia). Dicha recta presenta una alta linealidad ($R^2=0,98$).

CONCLUSIONES:

La técnica de PCR a tiempo real desarrollada para cuantificar ADN de S. epidermidis directamente de muestras de sangre es rápida, específica y sensible. Actualmente estamos desarrollando un estudio en pacientes para evaluar su potencial uso clínico.

PIROSECUENCIACIÓN Y RESISTENCIA A VIH

Autor/a/s: CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER; DÍAZ DE ALBA, PAULA MARÍA; SERRANO ROCHA, LARA; ORTIZ ARIZA ESTEFANIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: caballero_moyano86@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La secuenciación del ADN es un conjunto de métodos y técnicas bioquímicas cuya finalidad es la determinación del orden de los nucleótidos (A, C, G y T) en un fragmento de ADN.

Para secuenciar VIH hay dos tipos de secuenciación: poblacional y clonal. Actualmente se utiliza la secuenciación clonal o masiva porque así se secuencian todas las poblaciones de VIH que pueda tener un paciente y así poder optimizar su tratamiento de manera más exacta. Uno de los sistemas de secuenciación masiva de VIH que se utilizan actualmente es la denominada pirosecuenciación.

OBJETIVOS:

El objetivo de este trabajo es mostrar la puesta a punto de la técnica de pirosecuenciación aplicada a la resistencia de VIH.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La pirosecuenciación se realiza con el equipo GS Junior Titanium 454 Sequencing de Roche.

La pirosecuenciación consta de tres partes: preparación de la muestra, preparación de la secuenciación y secuenciación.

La preparación de la muestra se divide en 4 partes:

- Extracción y purificación del ARN.
- Síntesis del ADNc.
- Creación de la librería de amplicones.
- Amplificación y PCR de emulsión (emPCR).

La preparación de la secuenciación es el proceso mediante el que cargamos la muestra en la ptp (picotiter plate) que colocaremos en el dispositivo.

La secuenciación es el proceso por el cual los nucleótidos que se van uniendo a una cadena de ADN van liberando pirofosfatos (PPi) que activan una reacción bioluminiscente. Esta bioluminiscencia será de distinta intensidad dependiendo del nucleótido que se una a la cadena.

Para el estudio de la resistencia a VIH, se estudian 3 genes que son secuenciados para ajustar los tratamientos: retrotranscriptasa (RT), proteasa e integrasa.

RESULTADOS:

Los resultados obtenidos después de todo el proceso son dependientes de la calidad de la muestra y de su preparación. En muestras con cargas virales bajas (<2000U) la pirosecuenciación no es recomendable porque no se obtienen buenos resultados. En un 95% de las muestras que fueron secuenciadas se obtuvo la secuencia de la RT. En el 85% de las muestras se obtuvo la proteasa. Por el contrario, la secuencia de la integrasa fue la que menos veces se obtuvo, sólo en el 50% de las muestras.

CONCLUSIONES:

La pirosecuenciación es un método preciso y rápido para secuenciar genes de resistencia a VIH, pero es costoso y muy sensible a la manipulación de las muestras.

Actualmente hay sistemas para secuenciar VIH que son más económicos, más sencillos en la preparación de las muestras y con mayor porcentaje de secuenciación completa de todos los genes analizados.

PRUEBA DE SENSIBILIDAD A AMOXICILINA-ÁCIDO CLAVULÁNICO: RELACIÓN FIJA VERSUS CONCENTRACIÓN FIJA DE ÁCIDO CLAVULÁNICO E IMPLICACIONES CLÍNICAS EN LA BACTERIEMIA CAUSADA POR ENTEROBACTERIACEAE

Autor/a/s: CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER; DÍAZ DE ALBA, PAULA MARÍA; SERRANO ROCHA, LARA; ORTIZ ARIZA ESTEFANIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: caballero_moyano86@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los puntos de corte clínicos para la sensibilidad se establecen con el objetivo de ayudar a los médicos en sus decisiones sobre la terapia con antibióticos. Durante los últimos años, tanto CLSI como EUCAST introdujeron algunos cambios importantes en sus recomendaciones sobre puntos de corte para Enterobacteriaceae que han planteado cierta controversia. Actualmente, EUCAST y CLSI difieren en sus recomendaciones sobre la metodología de microdilución y los puntos de corte de sensibilidad para amoxicilina-clavulánico (AMC).

OBJETIVOS:

El objetivo de este análisis es comparar los resultados de las pruebas de sensibilidad al usar la recomendación EUCAST y CLSI, y las implicaciones de las discrepancias en el resultado.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó una cohorte prospectiva multicéntrica de pacientes con infecciones del torrente sanguíneo (ITS) debido a Enterobacteriaceae que recibieron monoterapia inicial con AMC. Las pruebas de sensibilidad se realizaron mediante microdilución, siguiendo las recomendaciones de EUCAST (2 mg/l de ácido clavulánico fijo) y CLSI (amoxicilina:clavulánico 2:1).

EUCAST se consideró el método de referencia. Para el acuerdo categórico, se utilizaron categorías clínicas según los criterios interpretativos EUCAST y CLSI, y se calcularon errores muy grandes, errores mayores y errores menores.

Las variables de resultado fueron la respuesta clínica definida de la siguiente manera:

1. Al final del tratamiento con AMC (FDT-A) y al final del tratamiento con todos los antibióticos utilizados para el episodio (FDT-B):
 - a) La "curación" se definió como la infección que fue resuelta completamente y el tratamiento antibiótico adicional no fue requerido.
 - b) "Mejora clínica": se resolvió la infección pero se requiere tratamiento antibiótico para continuar con un agente distinto debido a la terapia secuencial (oral), la desescalada o la previa intolerancia al fármaco.
 - c) "Fracaso clínico" si: la infección no se resolvió, el régimen de antibióticos fue cambiado debido a que se percibió fallo clínico y/o microbiológico, o la muerte.
2. Mortalidad a los 30 días.

Los pacientes fueron seguidos desde el diagnóstico de bacteriemia hasta el día 30 o la muerte.

El análisis clínico de los errores se evaluó de acuerdo a las variables de resultado.

RESULTADOS:

Se estudiaron 264 episodios (202 causados por E. coli). 15 (5,7%) fueron productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y 5 (1,9%) productores de OXA-1. La mediana de edad fue 75 (rango, 64-82). La adquisición fue comunitaria en 155 casos (58,7%), asociada en 55 (20,8%) y nosocomial en 54 casos (20,5%). La muestra fue del tracto urinario en 171 (64,7%); 49 (18,6%) presentaron sepsis severa o shock. La distribución de la concentración mínima inhibitoria (CMI) mostrada en la Figura 1. La concordancia fue del 73,1%, y el acuerdo categórico fue del 34,5%; Hubo 45 (17,0%) errores muy

graves, 1 (0,4%) error mayor y 45 (17,0%) errores menores. Los datos de los resultados se muestran en siguiente tabla.

Categoría clínica interpretativa	Error al FDT-A	Error al FDT-B	Mortalidad
CLSI EUCASTS [n=122 (%)]	6/122 (13.1)	4/122 (3.3)	8/122 (6.6)
CLSI EUCASTR [n=45 (%)]	6/45 (13.3)	3/45 (6.7)	4/45 (8.9)
CLSI EUCASTS [n=1 (%)]	0/1 (0)	0/1 (0)	0/1 (0)
CLSI EUCASTR [n=51 (%)]	12/51 (23.5)	5/51 (9.8)	4/51 (7.8)
CLSI EUCASTSR [n=45 (%)]	10/45 (22.2)	3/45 (6.7)	3/45 (6.7)

CONCLUSIONES:

Se detectaron discrepancias importantes en los valores de CMI y categorización clínica entre ambos comités. Los niveles de resistencia obtenidos con los métodos EUCAST fueron más altos que los obtenidos con CLSI. No se encontraron implicaciones de resultado con respecto a estas discrepancias en este estudio.

(IDENTIFICACIÓN DE MICOBACTERIAS TÍPICAS Y ATÍPICAS MEDIANTE LA ESPECTOMETRÍA DE MASAS MALDI-TOF COMO TÉCNICA DE RUTINA)

Autor/a/s: (ALEJANDRO BARBANCHO MARTIN, JOSE ANTONIO BERNAL CACERES, ALICIA AGUILERA GONZALEZ, GILLERMO RODRIGUEZ MUÑOZ, BARBARA MARTIN GUIRADO

Centro de trabajo: CENTRO REFERENCIA DE MICOBACTERIAS UNIDAD DE MICROBIOLOGIA DEL AREA INTEGRADA DE LABORATORIOS CLINICOS HOSPITAL COSTA DEL SOL

Localidad: (MARBELLA)

Correo electrónico del primer firmante: (abarancho@hotmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El diagnóstico rápido y preciso de infecciones micobacterianas es de gran importancia debido al hecho de que un tratamiento antibacteriano inapropiado puede conducir a la resistencia a los fármacos o la exposición innecesaria a toxicidad de los mismos. Las sondas moleculares disponibles identifican un número limitado de especies, y la secuenciación genómica es técnicamente compleja, de alto coste y limitado a algunos laboratorios. La espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) es una potente herramienta para la identificación de bacterias y levaduras en el laboratorio clínico. Esta técnica permite la identificación de microorganismos mediante el análisis del perfil o espectro proteómico obtenido tras el procesamiento de la muestra permitiendo lograr una identificación rápida y precisa de casi todas las especies de micobacterias

Los primeros trabajos en los que se identifican micobacterias mediante la técnica de espectrometría de masas datan aproximadamente del año 1996, cuando Claydon et al. detectaron algunos espectros de M. smegmatis. Posteriormente, en el año 2006 Pignone et al afirmaron que esta técnica puede servir como sistema de identificación de micobacterias en el laboratorio de Microbiología.

OBJETIVOS:

En este trabajo valoramos la utilidad del MALDI-TOF MS en el diagnóstico etiológico de infecciones causadas por micobacterias comparándola con las técnicas que utilizan la biología molecular.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La población de estudio de nuestro trabajo fueron 75 cepas de micobacterias procedentes de cultivos en medio sólido Löwestein-Jensen (incubación a 37°C en atmósfera aerobia, con un tiempo medio de

21 días con lo que tenemos una cantidad suficiente de colonias para su identificación). Estas cepas fueron identificadas mediante técnicas moleculares, en las que tras la extracción del ADN a partir de la cepa se realiza una PCR y una hibridación reversa por el sistema comercial GenoType Mycobacterium CM y GenoType Mycobacterium AS (ambas de Hain-Lifescience). De forma paralela todas las cepas se procesaron mediante inactivación para su identificación con el MALDI-TOF MS (Bruker Daltonic), siguiendo un protocolo que incluye un pretratamiento de las muestras para degradar la micobacteria y posterior extracción mediante acetonitrilo y ácido fórmico, obteniéndose 1 ul del sobrenadante y depositándolo en la placa del espectrofotómetro junto a 1 ul de matriz. El análisis de proteínas se lleva a cabo con el espectrofotómetro de masas MALDI Microflex LT con el software FlexControl (versión 3.0). Para identificar los espectros obtenidos en cada aislado se utilizó la librería de micobacterias V.10 de Malditof Biotyper (173 MSPs).

RESULTADOS:

Las cepas fueron identificadas por biología molecular (Genotype CM y AS) como Mycobacterium tuberculosis complex (n=50, 66,7%), Mycobacterium avium (n=10, 13,3%) y otras 15 (20%) como Mycobacterias atípicas (4 (5,3%) Mycobacterium kansasii, 3 (4%) Mycobacterium chelonae, 4 (5,3%) Mycobacterium gordonae, 3 (4%) Mycobacterium fortuitum y una (1,3%) como Mycobacterium marinum).

De los 50 aislados de Mycobacterium tuberculosis complex 48 (96%) fueron identificados correctamente por MALDI-TOF MS como tal. Dentro de las micobacterias atípicas, 8 (80%) de 10 cepas de M. avium, todos los aislados de M. fortuitum, de 4 cepas de M. kansasii 3 (75%) fueron identificadas como tales y una como M. lentiflavium, de las tres cepas de M. chelonae dos (66,7%), todas las cepas de M. gordonae fueron identificadas correctamente al igual que la cepa de M. marinum. La concordancia global de resultados entre la identificación realizada mediante biología molecular (PCR-Hibridación reversa) y la técnica MALDI-TOF fue del 97%.

CONCLUSIONES:

La identificación de nuestros aislamientos de micobacterias tanto tuberculosas como atípicas mediante espectrometría de masas (MALDI-TOF) demuestra muy buena correlación de resultados respecto a técnicas moleculares en el diagnóstico de micobacterias. El tiempo de respuesta desde la preparación de la muestra hasta obtener los resultados fue aproximadamente de 50 minutos, una mejora significativa cuando se compara con el tiempo necesario para la identificación de micobacterias mediante pruebas fenotípicas, sondas de genes, o secuenciación. Nuestros resultados indican que es bastante factible incorporar MALDI-TOF MS para la identificación rutinaria de micobacterias en el flujo de trabajo del laboratorio de microbiología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 075

SENSIBILIDAD ANTIMICROBIANA DE NEISSERIA GONORRHOEAE AISLADOS EN EL AREA SUR DE SEVILLA Y EN UN CENTRO DE ITS.

Autor/a/s: Morales Galán Pilar, Sierra Atienza Celestina, Corrales García Araceli, García López Jose Luis, Pueyo Rodríguez Isabel, Martín Mazuelos Estrella.

Centro de trabajo: Hospital de Valme

Localidad: Sevilla

Correo electrónico del primer firmante: pilarmoralesgalan@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Las infecciones de transmisión sexual siguen siendo un problema importante de salud pública. Las infecciones producidas por Neisseria gonorrhoeae son de difícil control en la mayoría de los países y constituyen un ejemplo de la influencia de los factores socioeconómicos y de los hábitos sexuales sobre la epidemiología de una infección. En este trabajo exponemos los resultados obtenidos a partir de las muestras remitidas del Área sur de Sevilla y del Centro de ITS de Sevilla en los últimos 3 años

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras procedentes del Área sur de Sevilla y de un centro de ITS (2014-2016) se sembraron en agar chocolate (Becton Dickinson) y en agar Thayer Martín (bioMerieux). Las procedentes del centro de ITS se sembraron e incubaron in situ remitiéndose a nuestro laboratorio solo en caso de crecimiento, para su identificación y estudio de sensibilidad. La identificación se realizó mediante tarjetas de Vittek-2 (bioMerieux) o bien por MALDI TOF (BRUKER). La sensibilidad a penicilina, ceftriaxona, ciprofloxacino, espectinomocina, tetraciclina y azitromicina se realizó mediante el sistema de difusión con discos siguiendo las recomendaciones del CLSI, y la detección de β -lactamasas mediante discos de nitrocefina (Becton Dickinson)

RESULTADOS:

Durante el periodo de estudio se aislaron 291 cepas de N gonorrhoeae (88 en 2014, 94 en 2015 y 109 en 2016): 223 procedentes del centro de ITS y las 68 restantes de otras localizaciones del área Sanitaria Sur de Sevilla. 228 cepas se aislaron a partir de muestras de Ex uretrales, 37 de Ex rectales, 10 de Ex cervicales y 9 de Ex faríngeos. La sensibilidad de estas cepas se muestra en la siguiente tabla.

	Sensible		Intermedio		Resistente		Total
	n	%	n	%	n	%	
Penicilina	98	33.5	123	42.4	70	24.1	291
Ceftriaxona	291	100	0	0	0	0	291
Ciprofloxacino	147	50.5	143	49.2	1	0.3	291
Espectinomocina	291	100	0	0	0	0	291
Tetraciclina	252	87.2	1	0.3	36	12.5	291
Azitromicina	288	99.0	0	0	3	0.1	291

Producción de β -lactamasas	2014	2015	2016	Total
	31.8%	23.4%	18.5%	291

CONCLUSIONES:

Durante el tiempo de estudio se aprecia un aumento del número de cepas aisladas. 2. La mayoría de los aislados proceden del centro de ITS y de ex uretrales. 3. Aproximadamente la mitad de las cepas fueron intermedias y resistentes a ciprofloxacino. 4. Durante el tiempo de estudio se aprecia una disminución de cepas productoras de β -lactamasas

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 077

ANALISIS COMPARATIVO DE UNA TECNICA INMUNOCROMATOGRAFICA PARA VRS FRENTE A UNA TECNICA DE DETECCION MOLECULAR DE VRS Y OTROS VIRUS RESPIRATORIOS

Autor/a/s: SANCHEZ HERNADEZ M. DE LA PAZ, LOPEZ CABO ANA M. GARCIA GARCIA M. CARMEN, RAMOS PEREZ JULIA, ROJO RELLO SILVIA, SANZ MUÑOZ IVAN

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE VALLADOLID

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: pazsahe@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección por VRS en los niños es una viriasis de fácil diagnóstico en los servicios de Microbiología de los hospitales de cualquier nivel. Debido a la gran excreción de virus las técnicas de inmunocromatografía ofrecen una alta sensibilidad; no obstante las técnicas moleculares de virus respiratorios permiten evidenciar otros virus que pueden coinfectar a los pacientes en edad pediátrica. El objetivo del estudio es comparar ambas técnicas y poner de manifiesto los VRS rescatados por técnicas moleculares a la vez que diagnosticamos las coinfecciones.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo observacional y analítico en el que se obtuvieron 480 muestras respiratorias altas y bajas, de pacientes del área sanitaria de Castilla y León durante los años 2014, 2015 y

2016. El análisis microbiológico se realizó en el Servicio de Microbiología del Hospital Clínico Universitario de Valladolid. Para ello se utilizó como Gold Estándar, las tarjeta Alere BinaxNOW VRS, que es un inmunoanálisis cromatográfico rápido para detección cualitativa del antígeno de la proteína de fusión del virus respiratorio sincitial (VRS). Todas estas muestras se ensayaron en paralelo con la plataforma MagPix (Luminex) y los reactivos NxTAG-RespiratoryPathogenPanel. Esta técnica es capaz de identificar de forma simultánea un total de 19 patógenos virales (Gripe A, H1N1pdm09, A/H3, A/H1N1, gripe B, VRS A y B, Coronavirus 229E, OC43, NL63 y HKU1, Metapneumovirus, Rhino/Enterovirus Adenovirus, Parainfluenzae 1,2,3,4 y Bocavirus) y 3 bacterianos (*M. pneumoniae*, *C.pneumoniae*, y *L.pneumophila*) en una sola reacción y en un tiempo de aproximado de 4-5 horas. Se analizaron los valores de Sensibilidad, Especificidad, Valor predictivo Positivo (VPP), Valor Predictivo Negativo (VPN) e índice de Kappa (K). Se fijó un valor K= 0.05.

RESULTADOS:

En la técnica rápida de VSR mostro un total de 370 negativas (77 %) y 110 positivas (23 %). La técnica molecular de Luminex detecto un total de 136 muestras negativas (38 %), 85 positivas (24 %) y se detectaron un total de 138 coinfecciones (38 %). Los resultados de Sensibilidad, Especificidad, VPP, VPN, e índice de K se muestra en la Tabla 1. El análisis del coeficiente K mostro un valor de 0.740 y un p=0.000. La Sensibilidad y Especificidad de la técnica Molecular MagPix (Luminex) fue más elevada con respecto a la técnica Gold Estándar prueba rápida de RSV utilizada en este estudio, aunque la concordancia entre ambas técnicas fue elevada.

Tabla 1: Valor de Sensibilidad, Especificidad, VPP,VPN, K

	Valores (IC95%)
Sensibilidad	90,9% (83,9-95,6)
Especificidad	89,7% (86,2-92,6)
VPP	72,5% (65,9-78,2)
VPN	97,1% (94,8-98,4)
Coefficiente Kappa	0,740 (0,669-0,803)

CONCLUSIONES:

La prueba rápida de VRS es una buena prueba de cribado, ya que es un método sencillo y rápido de diagnosticar el VRS y puede proporcionar en los lavados nasales y muestras nasofaríngeas información muy valiosa para ayudar al tratamiento

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 080

PCR-TIEMPO REAL PARA EL DIAGNÓSTICO RÁPIDO DE LA INFECCIÓN POR CLOSTRIDIUM DIFFICILE

Autor/a/s: Rodríguez Y., Vilardebó M., González N., Ortíz V., Castillo T., Alvarado D., Sánchez M., Guimerá F., González-Moreno O., Huguet J.

Centro de trabajo: Labco-Synlab. Laboratorio Central de Barcelona, Departamento de Microbiología y Parasitología

Localidad: C/Mestre Joan Corrales, 99, Esplugues de Llobregat 08950.

Correo electrónico del primer firmante: yolanda.rodriguez@labco.eu

RESUMEN:

Antecedentes. *Clostridium difficile* es un bacilo gram positivo esporulado, anaerobio estricto que forma parte de la flora fecal normal en 1-3% de la población y en más del 20% en pacientes adultos hospitalizados. La infección por *C. difficile* es la principal causa de diarrea nosocomial asociada al consumo de antibióticos siendo cada vez más frecuente episodios de infección comunitaria. La infección se produce por la ingestión de esporas de *C. difficile* toxigénico que germinan en el intestino delgado y colonizan el colon donde elaboran las toxinas que actúan sobre las células intestinales impidiendo que realicen su función de barrera, apareciendo el cuadro diarreico y la formación de pseudomembranas. Todas las cepas de *C. difficile* toxigénico presentan un locus de patogenidad formado por 5 genes. Los genes *tcdA* y *tcdB* codifican dos toxinas *TcdA* y *TcdB*, responsables de la patogenidad de *C. difficile* al causar la interrupción de las fibras de

actina del citoesqueleto, la desestructuración de las células y con ello la destrucción del epitelio intestinal. La detección de cepas toxigénicas que solamente producían *TcdB*, ha supuesto que las principales técnicas diagnósticas rápidas incluyan específicamente la detección de *TcdB* o de su gen.

OBJETIVOS:

Analizar la importancia de la utilización de la PCR como método rápido de diagnóstico de la infección por *C. difficile* frente a la utilización de técnicas tradicionales de inmunoensayo para glutamato deshidrogenasa (GCH) y toxinas A y B.

Material y métodos. Desde julio a diciembre de 2016, fueron analizadas un total de 420 muestras de heces de pacientes hospitalizados y ambulatorios. Las heces eran mayoritariamente deposiciones sueltas, de 5 a 7 en la escala de Bristol mantenidas sin fijar en condiciones de refrigeración. Las muestras se analizaron mediante el analizador BDmax con el kit BD Max Cdiff. Este ensayo permite la detección cualitativa de la toxina B de *C. difficile* mediante PCR tiempo real.

RESULTADOS:

Un total de 420 muestras fueron analizadas durante el segundo semestre de 2016 según la técnica de PCR a tiempo real, resultando 82 positivas para la toxina *TcdB* de *Clostridium difficile* (19.52%). El análisis se realizó dentro de las 2 a 24 h posteriores a la deposición, mediante la técnica de PCR tiempo Real, generando un resultado dentro de este periodo. Los resultados positivos fueron comunicados inmediatamente al centro emisor. El análisis estadístico de los resultados mostró que el 62.2% de las muestras positivas fueron de pacientes hospitalizados, siendo el 68.3% de estas, pertenecientes al grupo de edad >66 años (p<0.007, Odds ratio=7.33 p<0.026 IC 1.27-42.29). No fueron detectadas muestras positivas en niños (<15 años). La distribución por sexos no indicó diferencias significativas (p<0.137). El análisis por centros, mostró que un 54.6% de las muestras procedieron de centros hospitalarios de Barcelona donde se aplicó el protocolo de aislamiento del paciente en las horas siguientes a la recepción del resultado.

CONCLUSIONES:

La alta sensibilidad y especificidad de las técnicas de amplificación de ácidos nucleicos (PCR) hace que esta técnica resulte la idónea para el diagnóstico rápido de la infección por *Clostridium difficile*. La facilidad técnica que ofrecen los analizadores como BDmax y su rapidez hacen que sean muy útiles para el diagnóstico de la infección clínica evitando tratamientos innecesarios a pacientes que no presenten la infección (aislamiento innecesario del paciente hasta la confirmación del diagnóstico) y la diseminación nosocomial en aquellos casos que el paciente resulta positivo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 095

CONTROL DE CALIDAD DEL MÉTODO DE DIFUSIÓN PARA LA DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA

Autor/a/s: Vázquez Barba Isabel Dolores, Duran Jimenez Rosario Dolores, Marquez Patiño María Natividad.

Centro de trabajo: H. U. Virgen del Rocío

Localidad: Sevilla

Correo electrónico del primer firmante: belyvb@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El objetivo de este estudio es evaluar los resultados de control de calidad, de los medios de cultivo y tiras antibióticas para la determinación de la CMI mediante el método de gradiente difusión, realizados según normas CLSI (Clinical and Laboratory Standards Institute).

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio se realizó en el periodo 2015-2016 y se controlaron los medios de cultivo sólido: Müller Hinton agar, Müller Hinton agar con 5% de sangre de carnero y Haemophilus Test médium (Difco).

El control de calidad de las tiras de antibióticos (Liofilchen) para la determinación de la CMI mediante el método de gradiente difusión incluyó a los siguientes antibióticos : ampicilina frente a E. coli (ATCC 25922), imipenem, ciprofloxacino y ceftazidima, frente a Pseudomonas aeruginosa (ATCC 27853), ampicilina, vancomicina frente a Enterococcus faecalis (ATCC 29212), cefotaxima y ampicilina frente a Streptococcus pneumoniae (ATCC 49619) y ampicilina y cotrimoxazol frente a Haemophilus influenzae (ATCC 49247).

El criterio de evaluación (conformidades y no conformidades) se basó en lo descrito para las cepas ATCC empleadas y en el PNT (procedimiento normalizado de trabajo) de Calidad del Servicio de Microbiología.

RESULTADOS:

Se realizaron 24 controles de estabilidad de medios de cultivos utilizados para antibiogramas y de las tiras de gradiente difusión.

Los medios de cultivo empleados se ajustaron a los controles realizados durante todo el estudio.

En el caso de E. coli tuvimos en dos ocasiones una mezcla de bacterias, por contaminación de la cepa ATCC por lo que hubo que repetir el control y desechar dicha cepa, obteniendo entonces resultados correctos.

Los resultados de CMI de los distintos antimicrobianos frente a las cepas probadas estaban en el rango contemplado en el PNT de calidad, con la excepción de los obtenidos con imipenem y Pseudomonas aeruginosa.

En este caso, tuvimos 3 no conformidades, en las que el valor de CMI de imipenem fue en 2 ocasiones de 8 mg/l y en la tercera de 6 mg/l, estando los tres valores por encima del rango establecido de 1ml/l a 4 mg/l.

Al analizar las causas, se comprobó que el exceso de humedad determinó la degradación de las tiras de imipenem, se realizó la acción correctora de utilizar un lote nuevo, y los resultados fueron correctos.

CONCLUSIÓN:

La monitorización continúa de los medios de cultivo, las cepas empleadas y tiras antibióticas establecida en Control de calidad en este proceso, garantiza la fiabilidad y reproducibilidad del mismo.

Además, permite la realización de acciones correctoras que en este caso supuso que

una mejora en la conservación de las tiras de imipenem, al solicitar al proveedor la presentación individual de las tiras suministradas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 098

ETIOLOGÍA Y SENSIBILIDAD DE LAS INFECCIONES DEL TRACTO URINARIO DE MUJERES EMBARAZADAS EN EL AREA SUR DE SEVILLA

Autor/a/s: GARCÍA JIMÉNEZ MARIBEL, SÁNCHEZ GUTIERREZ VALME, VELASCO MACÍAS CANDELA, BERNAL MARTÍNEZ SAMUEL Y MARTÍN MAZUELOS SAMUEL

Centro de trabajo: H.U. VIRGEN DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: maribelgarciajimenez@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Las infecciones del tracto urinario (ITU), son una de las complicaciones médicas más frecuentes durante la gestación, porque repercute tanto en la salud materna, como en la evolución del embarazo. Su incidencia se estima en el 5-10%. Aunque la mayor parte de las veces se trata de bacteriurias asintomáticas (2-11%), deben tratarse obligatoriamente porque acaban complicándose hasta en un 35% de los casos con pielonefritis agudas. Nuestro objetivo fue estudiar la etiología y sensibilidad de las ITU de embarazadas de nuestra área geográfica y compararlas con datos de ITU en mujeres de la población general.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Análisis de urocultivos de gestantes durante el periodo de abril a diciembre de 2016, procedentes del área sur de Sevilla. Todas las muestras (excepto las muy turbias o con poco volumen), fueron sometidas a un cribado con el equipo SYSMEX UF 1000 (Roche diagnostic). Aquellas que fueron positivas en el cribado, se sembraron (10 µl) en un medio cromogénico CPSE (bioMerièux). La identificación de los microorganismos se realizó visualmente mediante el aspecto de la colonia en el medio cromogénico y se identificó mediante espectrometría de masas con el sistema MALDI-TOF BRUKER (Soria Melguizo). El estudio de sensibilidad se realizó con el sistema VITE-K2 (bioMerièux).

RESULTADOS:

En total se realizaron 2239 urocultivos de gestantes, de los cuales el 96% fueron negativas y el 4% positivas. En la población general estudiamos 17312 urocultivos, de los cuales el 74% fueron negativos y el 14% positivos. Los principales agentes etiológicos fueron en gestantes E.coli (42%), E.faecalis (25,7%), S. Agalactiae (13,6%), K. Pneumoniae (6%), otros (6,7%) y en población general: E.coli (60,2%), K. Pneumoniae (11%), E.faecalis (8,2%), S.agalactiae (7,9%) y otros (12,7%). La sensibilidad expresada en % de resistencia del principal agente etiológico, queda reflejada en la siguiente tabla:

		Cefuro	Ampi	Amox/ clav	Cipro	SXT	Fosfo
E.coli	Población general	5%	54,5%	10,4%	20,2%	23,2%	2,5%
	Población gestante	0%	46%	3,5%	10,7%	10,7%	3,5%

CONCLUSIONES:

Hay diferencias en los agentes etiológicos y aunque E.coli es el principal en ambas poblaciones, en gestantes el segundo es E.faecalis y en la población general es K.pneumoniae

Encontramos diferencias en cuanto a la sensibilidad de E.coli, siendo en gestantes más sensibles respecto de la población general.

La fosfomicina es el antimicrobiano más sensible en ambas poblaciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 107

(PALUDISMO DURANTE 6 AÑOS EN EL HRU DE MÁLAGA)

Autor/a/s: (Encarnación Álvarez Moreno, Jezabel González Bonilla, Isabel Postigo García)

Centro de trabajo: (Hospital Regional de Málaga Carlos de Haya)

Localidad: (Málaga)

Correo electrónico del primer firmante: enkarnacion.alvarez@gmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La malaria es una enfermedad infecciosa que afecta de 200 a 300 millones de personas anualmente y por la que fallecen 2.500.000 al año. Actualmente no es una enfermedad infrecuente en países no endémicos. Este hecho se debe al incremento del número de viajeros e inmigrantes que hace cada vez más necesaria la disponibilidad de métodos diagnósticos adecuados en hospitales generales de nuestro país, ya que la rapidez en el diagnóstico y tratamiento de esta enfermedad es fundamental para su pronóstico.

OBJETIVOS:

Conocer la situación de dicha enfermedad en el HRU de Málaga en los últimos 6 años.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de 178 muestras con sospecha de paludismo en el periodo 2010-2015 en el HRU de Málaga. El diagnóstico de

paludismo se realizó a partir de sangre (recogida en el tubo con EDTA) mediante los siguientes métodos: extensión fina, gota gruesa y el test inmunocromatográfico para la detección de antígenos de Plasmodium (BinaxNOW® malaria Test). En caso de diagnóstico positivo se realiza el grado de parasitemia (porcentaje de hemátios parasitados) y el recuento absoluto (trofozoito/microlitro).

RESULTADOS:

Desde enero de 2010 a diciembre de 2015 se analizaron 178 muestras de sangre con sospecha de paludismo correspondientes a 142 pacientes. Se diagnosticó paludismo en 42 pacientes (tabla). Del total de 42, 61.9% (26) eran adultos menores de 40 años y 38.1% (5) menores de 16 años. La distribución según sexo: 64.3% (27) varones, 35.7% (15) mujeres. Procedencia geográfica: 36 de África occidental, principalmente Nigeria (38%), Guinea ecuatorial (14.3%) y Costa de marfil (16.7%) todos eran inmigrantes residentes en España que viajaron a su país de origen en los últimos 3 meses, y 6 eran viajeros españoles (4 de ellos por motivos de trabajo). El dato de profilaxis Lo obtuvimos en 27 pacientes, de los cuales 2 la habían realizado correctamente (con doxiciclina), 2 de forma incompleta o inadecuada y 23 no la habían realizado.

Las especies detectadas fueron: *P. falciparum* 92.85 % (39); *P. vivax* 4.76%(2) (varón de 47 años procedente de Marruecos; mujer de 37 años procedente de Togo) y *P. malariae* 2.38%(1) (varón de 58 años, inmigrante residente en España procedente de Nigeria).

CONCLUSIONES:

La mayoría de los pacientes procedían o habían viajado a África y la especie más frecuentemente detectada fue *Plasmodium falciparum*. La combinación de dos técnicas rápidas (inmunocromatografía BinaxNOW® y Giemsa) fue útil para diagnosticar o descartar la enfermedad.

Se debe poner especial atención en la quimioprofilaxis, ya que es una importante herramienta para prevenir la enfermedad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 108

(CARACTERÍSTICAS CLÍNICO EPIDEMIOLÓGICAS DE LAS INFECCIONES POR SALMONELLA SSP EN EL HRU DE MÁLAGA)

Autor/a/s: (Encarnación Álvarez Moreno, Jezabel González, Bonilla, Isabel Postigo García)

Centro de trabajo: (Hospital Regional de Málaga Carlos De Haya)

Localidad: Málaga)

Correo electrónico del primer firmante: enkarnacion.alvarez@gmail.com

RESUMEN:

Introducción La infección por *Salmonella* spp. Es una de las principales causas de gastroenteritis bacteriana en España. Se transmite a través de alimentos y aguas contaminadas, siendo el tracto gastrointestinal la principal vía de entrada. Se han descrito más de 2.500 serotipos de *Salmonella* entérica subespecie entérica, siendo los más frecuentes *Salmonella enteritidis* y *Salmonella typhimurium*.

OBJETIVOS:

Describir las características epidemiológicas y clínicas de las cepas de *Salmonella* spp. aisladas en el laboratorio de Microbiología del HRU de Málaga en el periodo 2011-2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo de todos los casos en los que se aisló *Salmonella* spp. en muestras clínicas de adultos hospitalizados o atendidos en urgencias desde enero de 2011 a diciembre de 2016. La identificación se realizó mediante sistema automático Vitek® (BioMérieux) y desde el 2013 mediante espectrometría de masas MALDI-TOF Microflex Bruker Daltonics, Bremen-Alemania. Las cepas de *Salmonella* spp. con identificación bioquímica se enviaron al Centro Nacional de Microbiología para realizar el serotipado y fagotipado. Se incluyó un solo aislado por paciente.

RESULTADOS:

Desde enero de 2011 a diciembre de 2016 se aislaron un total de 179 cepas de *Salmonella* spp procedentes de: 158 heces, 14 hemocultivos, 5 orinas, 1 bilis y 1 líquido pleural. El 72.62% (130) de las muestras eran de origen comunitario y el 27.37% (49) hospitalario. La distribución por grupos de edad de los pacientes fue 65.90% [15-64], y 30.23% [65+] y por sexo 99 (55.30%) hombres y 80(44.69%) mujeres. Se identificaron 16 serotipos diferentes, siendo los más frecuentes enteritidis (41.86%) y typhimurium (37.98%). Los fagotipos más frecuentes en *Salmonella enteritidis* fueron 1, 21, 55, 56 y 59 y en *Salmonella typhimurium* 104B, 193, 120, U311 y 138, respectivamente. La combinación de serotipo y fagotipo más hallada fue *S. enteritidis* fagotipo 1.

CONCLUSIONES:

El 88.26% de *Salmonella* spp. fueron aisladas en coprocultivos.

Los serotipos más frecuentes en nuestra área fueron enteritidis y typhimurium.

La combinación de serotipo y fagotipo más frecuente fue *S. enteritidis* fagotipo 1.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 109

PREVALENCIA DEL CITOMEGALOVIRUS EN EL CHUAC

Autor/a/s: María José Muñio Andrade, María Luisa Fafián Ares

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario A Coruña (CHUAC)

Localidad: A Coruña

Correo electrónico del primer firmante: ramalleiran25@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Citomegalovirus (CMV) es un virus de la familia del Herpesvirus, que incluye el virus Herpes Simple tipo I-II, el virus Varicela-Zoster y el virus de Epstein-Barr. Todos estos virus comparten la habilidad característica de permanecer latentes en el interior del cuerpo durante largos periodos de tiempo. El CMV se transmite por la sangre, saliva, excreciones cervicales y vaginales, esperma, leche materna, lágrimas y heces.

Normalmente, en individuos inmunocompetentes la infección es asintomática y pocos casos desarrollan enfermedad. No obstante, este virus produce infecciones latentes con recurrencias periódicas en pacientes con debilidad inmunológica, tales como pacientes con SIDA, cáncer o que han recibido un trasplante de órgano, la infección por CMV es causa importante de enfermedad y mortandad. La detección de una infección activa por CMV es crucial para el correspondiente diagnóstico y tratamiento.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es determinar la prevalencia de la infección por CMV en el CHUAC en un periodo de los últimos cuatro años (2013-2016), así como las unidades peticionarias.

MATERIALES Y METODOS:

Magnapure Compact (Roche) }Extracción ADN de CMV.

LighCycler® 2.0 (Roche) } Termociclador

Cobas® AmpliPre (Roche) } Extracción ADN de CMV

Cobas® TaqMan (Roche) }Termociclador

LighCycler® CMV Quant Kit (Roche) } PCR cuantitativa a tiempo real CMV (Utilizamos en muestras de escaso volumen)

COBAS® AmpliPre/COBAS TaqMan CMV Test } PCR cuantitativa a tiempo real CMV

La PCR a tiempo real cuantitativa es una herramienta importante para la estrategia de la gestión preventiva de la enfermedad, es decir, diagnóstico temprano, elección de tratamiento correspondiente y monitorización continuada de la presencia de infecciones invasivas en pacientes con riesgo de desarrollo de enfermedad.

RESULTADOS:

En el periodo 2013-2016 se procesaron un total de 13132 muestras de CMV, de las cuales fueron positivas para el virus un total de 3464. El tipo de muestra analizada mayoritariamente fue Plasma (12214) seguido de BAS/BAL (318), Orina (287) y muestras varias: LCR, heces, humor acuoso, etc. (313). La edad media es de 52 años siendo mayoritariamente varones (8773).

C M V (Citomegalovirus)										
AÑOS	CMV			EDAD MEDIA	SEXO		TIPO DE MUESTRAS			
	NEGATIVOS	POSITIVOS	TOTAL		M	F	PLASMA	ORINA	BAS-BAL	VARIOS
2013	2128	796	2924	55	1895	1029	2744	62	71	47
2014	2195	810	3005	47	1999	1006	2794	72	68	71
2015	2414	774	3188	51	2119	1069	2928	71	91	98
2016	2931	1084	4015	54	2760	1255	3748	82	88	97
TOTAL	9668	3464	13132	X=52	8773	4359	12214	287	318	313

CONCLUSIONES:

Destacar que en el periodo estudiado (2013-2016) de un total de 3464 CMV positivos, el año 2016 es el de mayor prevalencia alcanzando un total de 1084 positivos. La mayor unidad peticionaria es Cirugía (2504 peticiones) seguidas de Cardiología (1762), Nefrología (1387), Hematología (1196), UCI (845), Digestivo (758), Medicina interna (384) y el resto servicios varios.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 111

IDENTIFICACIÓN DEL GRUPO STREPTOCOCCUS BOVIS MEDIANTE MÉTODOS BIOQUÍMICOS, ESPECTROMETRÍA DE MASAS DE DESORCIÓN/IONIZACIÓN MEDIANTE LÁSER ASISTIDA POR MATRIZ ACOPLADA A UN ANALIZADOR DE TIEMPO DE VUELO (MALDI-TOF MS) Y SECUENCIACIÓN.

Autor/a/s: GUADALUPE ABAL MORRAZO / MARIA DEL CARMEN RODRIGUEZ MANSILLA / MANUELA HERNANDEZ BLANCO / JOSE JAVIER COSTA ALCALDE / JOSEFA ISABEL GARCIA IGLESIAS

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico primer firmante: guadalupe.abal.morrazo2@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Streptococcus bovis agrupa un conjunto de microorganismos cocos grampositivos anaerobios facultativos del grupo D de Lancefield. Forman parte de la microbiota gastrointestinal en humanos pero pueden causar bacteriemia y endocarditis infecciosa, y además se conoce su asociación con el cáncer de colon. En los últimos años se ha observado que *S. bovis* incluye varias subespecies y que hay una clara relación entre algunas de ellas y diferentes cuadros patológicos.

El objetivo de este trabajo es valorar los diferentes métodos de identificación disponibles en nuestro laboratorio clínico para diferenciar las distintas subespecies del grupo *S. bovis*.

MATERIALES Y METODOS:

Entre los años 2015 y 2016 en el Servicio de Microbiología de nuestro hospital se recogieron, a partir de hemocultivos, un total de 30 cepas del grupo *S. bovis*.

Para la identificación por pruebas bioquímicas se utilizaron paneles M32 de MicroScan Walkaway (Beckman Coulter). Para la identificación mediante espectrometría de masas se utilizó un MALDI-TOF MS microflex LT (Brucker Daltonics GmbH, Bremen, Germany) siguiendo las instrucciones del fabricante. Para la identificación mediante secuenciación se utilizó un fragmento del gen 16S rRNA.

RESULTADOS:

Con los paneles M32 de MicroScan todos fueron identificados como *S. bovis* sin poder diferenciar a nivel de subespecie. Con MADI-TOF se obtuvieron 23 (77%) *S. gallolyticus* subsp *gallolyticus*, 6 (20%) *S. lutetiensis* y 1 (3%) *S. gallolyticus* subsp *pasteurianus*. Se secuenciaron 27 de estas muestras y se obtuvieron 21 *S. gallolyticus* subsp

gallolyticus, 5 *S. lutetiensis* y 1 *S. gallolyticus* subsp *pasteurianus*. Las identificaciones de MALDI-TOF y secuenciación coincidieron en todos los casos.

DISCUSIÓN:

Los resultados más recientes señalan la importancia de identificar el grupo *S. bovis* a nivel de subespecie debido a la asociación con patologías específicas de cada una de las subespecies. Así, la relación entre bacteriemia y endocarditis por *S. gallolyticus* subsp *gallolyticus* es del 94% mientras que con el biotipo II (*S. infantarius*, *S. gallolyticus* subsp. *pasteurianus*) es de un 18%. En nuestro trabajo se observó que el panel M32 no era suficiente para diferenciar a nivel de subespecie. Para ello pensamos que sería necesario actualizar el panel. En la base de datos de MALDI-TOF utilizada figuran espectros de las subespecies del grupo *S. bovis*, y en todos los casos se obtuvo un resultado acorde con el obtenido mediante secuenciación. Hay trabajos donde indican como posible la identificación con MALDI-TOF, aunque se señala que la capacidad para discriminar de esta tecnología es muy dependiente del instrumento, la metodología utilizada en el procesamiento de las muestras y la base de datos disponible. Por último, la capacidad de identificar la especie mediante secuenciación es algo que no está a disposición de todos los laboratorios clínicos.

Como conclusiones, para la identificación de los miembros del grupo *S. bovis* sería necesario disponer de un panel más actualizado de pruebas bioquímicas que los facilitados en los paneles de MicroScan, la tecnología MALDI-TOF tiene el potencial para lograr esta identificación y los métodos de secuenciación, además de ser laboriosos, no se encuentran a disposición de todos los laboratorios clínicos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 112

IDENTIFICACIÓN DE COCOS GRAM POSITIVOS STAPHYLOCOCCUS CON MÉTODOS BIOQUÍMICOS Y ESPECTROMETRÍA DE MASAS DE DESORCIÓN/IONIZACIÓN MEDIANTE LASER ASISTIDA POR MATRIZ ACOPLADA A UN ANALIZADOR DE TIEMPO DE VUELO (MALDI-TOF MS)

Autor/a/s: MARIA DEL CARMEN RODRIGUEZ MANSILLA / GUADALUPE ABAL MORRAZO / JOSE JAVIER COSTA ALCALDE / MANUELA HERNANDEZ BLANCO / PILAR ALONSO ALONSO

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: maicarodman@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La identificación rápida de los microorganismos aislados en hemocultivos es un gran avance para el diagnóstico y tratamiento de las bacteriemias. Los métodos más habituales de identificación de estos microorganismos se basan en pruebas bioquímicas que requieren un periodo de incubación cercano a las 18 horas. En los últimos años la aparición de métodos de espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) ha demostrado ser una tecnología rápida y eficaz para la identificación de microorganismos. En este sentido, algunos trabajos demuestran que la tecnología MALDI-TOF MS es capaz de alcanzar resultados equivalentes a la secuenciación del genoma bacteriano.

El objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad de identificación de cocos gram positivos *Staphylococcus* mediante un método comercial basado en pruebas bioquímicas con respecto a la tecnología MALDI-TOF MS. Ambos métodos están a disposición en nuestro laboratorio clínico.

MATERIALES Y METODOS:

Entre marzo a junio de 2016 en el Servicio de Microbiología de nuestro hospital se recogieron, a partir de hemocultivos, un total de 135 cepas de cocos gram positivos *Staphylococcus*. Para la identificación por pruebas bioquímicas se utilizaron paneles M42 de MicroScan Walkaway (Beckman Coulter). Para la identificación mediante espectrometría de masas se utilizó un MALDI-TOF MS microflex LT (Brucker

Daltonics GmbH, Bremen, Germany) siguiendo las instrucciones del fabricante.

RESULTADOS:

Con MADI-TOF se obtuvieron 21 (16%) *S. aureus* y 114 (84%) estafilococos coagulasa negativo (STCN) (5 -4% de STCN- *S. capitis*, 2 *S. caprae*, 70 -61%- *S. epidermidis*, 6 -5%- *S. haemolyticus*, 25 -22%- *S. hominis*, 2 *S. pettenkoferi*, 2 *S. saprophyticus*, 1 *S. schleiferi* y 1 *S. warnerii*). Las identificaciones de MicroScan fueron concordantes con las de MALDI-TOF en 90 (67%) cepas. Los paneles M42 de MicroScan no identificaron 25 cepas (18%) en las primeras 18 h de incubación, todas STCN. Con MALDI-TOF los resultados se obtuvieron en la misma mañana. Los resultados fueron discordantes en 20 (15%) cepas. De los 21 *S. aureus* identificados por MALDI-TOF, MicroScan dio la misma identificación en 19 (90%). En cuanto a los STCN, las identificaciones fueron distintas en 18 (16%) de los STCN. Para los *S. epidermidis* las identificaciones coincidieron en 55 (79%) cepas, para *S. hominis* en 9 (36%) y para *S. haemolyticus* en 5 (83%). En los STCN restantes, 13 cepas, MicroScan sólo coincide con MALDI-TOF en dos cepas, 1 *S. saprophyticus* y 1 *S. warnerii*.

DISCUSIÓN:

Los paneles de MicroScan M42 no lograron identificar correctamente en las primeras 18 horas 45 (33%) de las cepas. Para los *S. aureus* la identificación fue acorde con la de MALDI-TOF en el 90% de las cepas (19/21). Para los STCN, MicroScan no da identificación a las 18 horas o da una identificación diferente a MALDI-TOF en 43 (38%) -25 más 18- cepas. En nuestro trabajo MicroScan no reconoció ningún *S. capitis*, *S. caprae*, *S. pettenkoferi* o *S. schleiferi*.

MALDI-TOF MS demostró ser una herramienta rápida y eficaz para la identificación de cocos gram positivos *Staphylococcus*, capaz de reemplazar a los métodos bioquímicos pues logra una identificación fiable poco después del crecimiento de los microorganismos en los medio de cultivo, a diferencia de los métodos bioquímicos que precisan al menos 18 horas y no lo consiguen en todos los casos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 114

ESTUDIO DESCRIPTIVO DE LAS COINFECCIONES VIRICAS EN MUESTRAS RESPIRATORIAS DE PACIENTES EN EDAD PEDIATRICA MENORES DE 2 AÑOS

Autor/a/s: GARCIA GARCIA M. CARMEN, SANCHEZ HERNANDEZ M. DE LA PAZ, LOPEZ CABO ANA M. RAMOS PEREZ JULIA, DEL VALLE MUNICIO MARGARITA, SANZ MUÑOZ IVAN, ROJO RELLO SILVIA

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE VALLADOLID

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: mcarmeng58@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección respiratoria es la infección más frecuente a lo largo de la vida, también en la edad pediátrica, y la implicación de la etiología viral supone un porcentaje muy elevado. Los niños pueden presentar al año entre seis y ocho episodios de infecciones respiratorias y en los niños menores de dos años las coinfecciones víricas suponen la causa más frecuente de hospitalización y gravedad; de ahí la importancia de su rápido diagnóstico para su tratamiento y curación. El objetivo del estudio es describir el porcentaje de codetecciones en pacientes en edad pediátrica.

MATERIALES Y METODOS:

Se realizó un estudio retrospectivo observacional y descriptivo en el que se analizaron 480 muestras respiratorias altas y bajas de pacientes en edad pediátrica del área sanitaria de Castilla y León durante el periodo comprendido entre 2014 y 2016. El análisis microbiológico se realizó en el Servicio de Microbiología del Hospital Clínico Universitario de Valladolid utilizando la plataforma MagPix (Luminex®) y los reactivos NxTAG-Respiratory Pathogen Panel (Rafer®). Esta tecnología es capaz de identificar de forma simultánea un total de 19

patógenos virales (Gripe A, H1Npdm09, A/H3, A/H1N1, Gripe B, VRS A y B, Coronavirus 229E, OC43, NL63 y NKU1, Metapneumovirus, Rhino/Enterovirus, Adenovirus, Parainfluenza 1, 2, 3, 4 y Bocavirus) y 3 bacterianos (*M. pneumoniae*, *C. pneumoniae*, *L. Pneumophila*) en una sola reacción y en un tiempo aproximado de 4-5 horas.

RESULTADOS:

La técnica Luminex detectó un total de 375 muestras positivas (78.12 %) y 105 negativas (21.87 %). De las cuales en el año 2014 fueron negativas 61 (30.8%), mono infecciones 58 (29.3 %), infecciones dobles 50 (25.3 %), e infecciones triples o más 29 (14.6 %). En el año 2015 fueron negativas 37 (25.9 %), mono infecciones 34 (23.8 %), infecciones dobles 51 (35.7 %), e infecciones triples 21 (14.7 %). En el año 2016 las negativas fueron 38 (27.3 %), mono infecciones 41 (29.5 %) infecciones dobles 37 (26.6 %), y las triples 23 (16.5 %).

	2014		2015		2016	
	N	%	N	%	N	%
Negativo	61	30,8	37	25,9	38	27,3
Mono infección	58	29,3	34	23,8	41	29,5
Infección Doble	50	25,3	51	35,7	37	26,6
Infección triple o más	29	14,6	21	14,7	23	16,5
Total	198	100,0	143	100,0	139	100,0

CONCLUSION:

A la vista de los resultados, podemos concluir que nuestros pacientes presentan a lo largo de los años una rentabilidad diagnóstica similar, tanto en mono infección como coinfecciones, siguiendo la misma tendencia. Deberíamos estudiar a los pacientes clínicamente para saber la implicación de la detección viral única o múltiple.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 122

CAMBIOS EPIDEMIOLÓGICOS DE LA CANDIDEMIA EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL

Autor/a/s: Fernández Santiago María del Rosario, Templado Barroso Amparo Justa, Pérez García Ana, Fernández Fernández María Elena, Patallo García Yaiza.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias

Localidad: Oviedo

Correo electrónico del primer firmante: chafesa3@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección invasiva por *Candida* spp. es una complicación cada vez más frecuente en el paciente adulto hospitalizado. En los últimos años se han evidenciando cambios epidemiológicos en las candidemias que condicionan cambios en el manejo terapéutico.

OBJETIVO:

Evaluar la epidemiología de las candidemias en el Hospital Universitario Central de Asturias durante 5 años.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron todos los pacientes con hemocultivos positivos con crecimiento de *Candida* spp desde el 1 de enero de 2012 hasta el 31 diciembre de 2016. Los hemocultivos se procesaron con el sistema BACTEC FX (Becton Dickinson Biosciences). La identificación se realizó mediante los métodos bioquímicos ID 32 C (Biomérieux) y/o espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker).

RESULTADOS:

Durante el periodo de estudio se aisló *Candida* spp. en 88 pacientes, de los cuales el 54% eran varones cuya media de edad era 61 años. La incidencia media anual fue de 0,53 episodios por 1.000 ingresos. El 44,8% de los aislados correspondieron a *Candida albicans* (46,2% en 2012, 54,6% en 2013, 37,5% en 2014, 58,7% en 2015 y 26,3% en 2016) y el 55,2% a *Candida no albicans* (53,8% en 2012, 45,5% en 2013, 62,5% en 2014, 41,2% en 2015 y 73,7% en 2016). La distribución de especies por año y por tipo de unidad de hospitalización observada se muestra en las siguientes tablas:

Tabla 1. Distribución de las especies de Candida spp por año.

Especies	2012 N (%)	2013 N (%)	2014 N (%)	2015 N (%)	2016 N (%)	Total N (%)
Candida albicans	6(46,2)	12 (54,6)	6 (37,5)	10 (58,7)	5 (26,3)	39 (44,8)
Candida parapsilosis	3(23,1)	6 (27,3)	4 (25)	2 (11,8)	7 (36,8)	22 (25,3)
Candida glabrata	3(23,1)	1 (4,6)	2 (12,5)	3 (17,7)	5 (26,3)	14 (16,1)
Candida krusei	0	3 (13,6)	0	1 (5,9)	2 (10,6)	6 (6,9)
Otras candidas	1(7,7)	0	4 (25)	1 (5,9)	0	6 (6,9)

Tabla 2. Distribución de las especies por unidad de hospitalización.

Especies	Médico N (%)	Quirúrgicos N (%)	Alto riesgo N (%)	Oncohematológicos N (%)	Total N (%)
Candida albicans	16 (53,33)	11 (52,38)	10 (45,45)	2(14,3)	39(44,83)
Candida parapsilosis	8 (26,67)	5 (23,81)	6 (27,27)	3 (21,43)	22(25,29)
Candida glabrata	4 (13,33)	3 (14,29)	4 (18,18)	3 (21,43)	14(16,09)
Candida krusei	0	2 (9,52)	1 (4,55)	3(21,43)	6(6,90)
Otras candidas	2(6,67)	0	1(4,54)	3(21,43)	6(6,90)

CONCLUSIONES:

Durante el periodo de estudio *C. albicans* fue la especie predominante en las candidemias de nuestro hospital, le siguen en importancia *C. parapsilosis* y *C. glabrata*. Sin embargo en la evolución anual a lo largo del estudio se produjo un cambio en la epidemiología de la candidemia, siendo durante el último año *C. parapsilosis* la especie aislada con mayor frecuencia. En cuanto a la distribución de candidemias por unidad de hospitalización, en pacientes oncohematológicos observamos mayoritariamente Candidas no albicans y en los servicios de cirugía y alto riesgo mayor número de *C. glabrata* y *C. krusei*. Por todo lo anterior, es necesario seguir realizando un seguimiento de la epidemiología y sensibilidad antifúngica local.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 129

EPIDEMIOLOGÍA DE LA CANDIDIASIS VAGINAL EN EL ÁREA SANITARIA IV DEL PRINCIPADO DE ASTURIAS

Autor/a/s: Templado Barroso Amparo Justa, Sánchez Araujo Martina, Patallo García Yaiza, Antomil Antuña Natalia, Pérez García Ana

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: amparojtempladobarroso@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La candidiasis vaginal es una infección de la vagina y la vulva causada por el hongo del género *Candida*, motivo frecuente de consulta médica. Existen más de 100 especies de *Candida* que son patógenas para los seres humanos. Está presente de forma natural en nuestra flora biológica, siendo un germen oportunista que puede vivir en nuestro cuerpo sin causar enfermedad o que se hace evidente cuando se rompe el 160 equilibrio o se altera por algún factor, pudiendo multiplicarse y causar infecciones. La candidiasis vaginal suele tratarse con medicamentos antifúngicos.

OBJETIVO:

Conocer la epidemiología de la candidiasis vaginal en el área sanitaria IV del Principado de Asturias que da cobertura a una población de 333.539 habitantes.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Todos los exudados vaginales recibidos entre el 1 de enero de 2016 y 31 diciembre 2016 se sembraron en placa de Sabouraud con gentamicina y cloranfenicol (Difco®) según protocolo del laboratorio de microbiología. De todas las placas con crecimiento para *Candida* sp se realiza identificación mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker®) y lectura con el software MALDI Biotyper.

RESULTADOS:

Durante el periodo de estudio se aisló *Candida* sp en 1325 exudados vaginales de 1129 pacientes con una edad media de 35 años. 186 pacientes (16,5%) presentaron al menos dos episodios de candidiasis vaginal (entre dos y ocho) durante el año 2016. Las peticiones fueron solicitadas en 750 casos desde Atención Primaria, 458 desde Atención Especializada, y 117 desde una consulta específica de infecciones de transmisión sexual (ITS). El 86,26% de los aislamientos correspondieron a *Candida albicans* y el 13,74% a especies de *Candida* sp no albicans. La distribución de especies observada en nuestro estudio se muestra en la siguiente tabla:

Especie	Atención Primaria N (%)	Atención Especializada N (%)	Consulta ITS N (%)	Total N (%)
Candida albicans	648 (86,40)	391 (85,37)	104 (88,89)	1143 (86,26)
Candida glabrata	57 (7,60)	42 (9,17)	8 (6,84)	107 (8,08)
Candida parapsilosis	27 (3,60)	9 (1,97)	2 (1,71)	38 (2,87)
Candida tropicalis	5 (0,67)	6 (1,31)	0	11 (0,83)
Candida dubliniensis	4 (0,53)	5 (1,09)	2 (1,71)	11 (0,83)
Candida krusei	6 (0,80)	2 (0,44)	0	8 (0,60)
Candida lusitanae	1 (0,13)	2 (0,44)	1 (0,85)	4 (0,30)
Candida guilliermondii	2 (0,27)	1 (0,21)	0	3 (0,23)

CONCLUSIONES:

Candida albicans es la especie predominante en nuestro área sanitaria y le siguen en importancia *Candida glabrata* y *Candida parapsilosis*. No se observan diferencias significativas en la distribución de las distintas especies de *Candida* sp según la procedencia de las muestras (Atención primaria, Atención especializada y consulta específica de ITS).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 145

INVASIÓN DE STREPTOCOCCUS AGALACTIAE GRUPO B (EGB) EN EMBARAZADAS

Autor/a/s: Gómez hoyos, Olga María; Landi Moreno, Alicia; Gil Macías, Celia; Rico Rodríguez, Marta

Centro de trabajo: Hospital Universitario Puerta del Mar

Localidad: Cádiz

Provincia: Cádiz

Correo electrónico del primer firmante: haziel21@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El EGB es el principal agente bacteriano responsable de la sepsis neonatal. Tiene una frecuencia entre 1 a 4 mil nacidos vivos y una letalidad estimada entre 5 a 20%, siendo uno de los microorganismos más frecuentes involucrados en complicaciones infecciosas del em-

barazo, parto y puerperio, como infección urinaria, corioamnionitis y endometritis puerperal. El medio diferencial es el granada.

OBJETIVO:

Comparar los estudios de prevalencia de SGB en embarazadas de nuestro área con las publicadas en poblaciones similares y conocer la tasa de colonización de las embarazadas de nuestra área.

Material y método: Se estudia 2000 embarazadas recogiendo a todas ellas una muestra vagino-rectal en la semana 35-37. Se siembran en un medio agar granada incubándose 48 horas en atmósfera anaerobia. Aparecen colonias de EGB con un color rojo anaranjado (granadina) las cuales se consideran positivas. Se recoge al azar en 20 pacientes una muestra de orina y un exudado vagino-rectal. Se siembra en un medio agar cromogénico para urocultivo creciendo diferentes cepas (hemolíticas y no hemolíticas). Se le realiza aglutinación en las colonias sospechosas y así determinaron el serogrupo. Se confirman por resiembra en CNA los resultados discrepantes.

RESULTADOS:

Estudiamos 1000 muestras de los cuales son positivas 280 y 720 negativas. Dos muestras de las 20 estudiadas al azar resultaron discrepantes aunque la muestra de orina salió positiva.

CONCLUSIÓN:

Seguramente se incrementarían las tasas de positividad si se recuperan las cepas no hemolíticas. Los resultados de la tasa de colonización de nuestra área fue de un 20%.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 146

CARACTERÍSTICAS CLÍNICO-EPIDEMIOLÓGICAS Y MICROBIOLÓGICAS DE LOS HEMOCULTIVOS SOLICITADOS DESDE EL SERVICIO DE URGENCIAS DE NUESTRO HOSPITAL.

Autor/a/s: DIAZ ZAYAS, M^a DOLORES; DOMINGUEZ LOPEZ, M^a TERESA; LOPEZ GUTIERREZ MONTSERRAT

Centro de trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: jmyonte@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN/OBJETIVOS:

La realización de hemocultivos en el servicio de urgencias es una práctica común pero discutida porque requieren el doble de tiempo para la extracción que otras muestras y una técnica adecuada para evitar contaminaciones, careciendo de utilidad diagnóstica inmediata. Nuestro objetivo es conocer las características clínico-epidemiológicas y microbiológicas de los hemocultivos solicitados desde el Servicio de Urgencias de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio descriptivo, retrospectivo y unicéntrico (Servicio de Urgencias del Hospital Comarcal de la Axarquía). Se revisaron los resultados de los hemocultivos solicitados desde urgencias a pacientes mayores de catorce años durante el periodo 2013-2015. Se analizaron variables demográficas, solicitante de las pruebas, incidencia por mes, nivel de contaminación y microorganismos aislados. La identificación y estudio de sensibilidad se realizaron con el sistema Vitek®2 (bioMérieux).

RESULTADOS:

Se analizaron 3115 muestras (media 2,84/día, 13 muestras/1000 pacientes atendidos en urgencias), provenientes de hombres en un 56,24%, solicitadas en un 89,53% por médicos residentes, 9,02% por adjuntos de urgencias, 1,12% por adjunto de otras especialidades y 0,32% con solicitante no identificado. Durante el periodo de estudio se repite anualmente que los meses donde más hemocultivos se registran son enero, julio y agosto, siendo el mes de noviembre el de menor registro.

Las bacterias predominantes fueron bacilos gramnegativos aerobios (48,24%, 203), Estafilococos (33,54%, 141) y estreptococos (8,99%, 38).

De los cuales 12 aislamientos de E. coli (8,05%) presentaron fenotipo BLEA (Betalactamasa de espectro ampliado), no apareciendo ningún aislamiento de K. pneumoniae con este fenotipo de resistencia. 9 aislamientos de S. aureus (32,14%) fueron meticilín-resistentes (SARM)

CONCLUSIONES:

Los hemocultivos tramitados desde urgencias se solicitan mayoritariamente a hombres, pedidos por médicos residentes, presentando una rentabilidad baja en nuestra serie. Las bacterias gramnegativas son la etiología predominante (Escherichia coli). Un aspecto a mejorar son los niveles de contaminación. Elevado nivel de resistencia a Ciprofloxacin en E. coli, sobre todo en aislamientos BLEA. Elevado nivel de resistencia a meticilina en S. aureus.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 147

ESTUDIO DE LA SENSIBILIDAD ANTIMICROBIANA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS PROCEDENTES DE PACIENTES HOSPITALIZADOS.

Autor/a/s: LOPEZ GUTIERREZ, MONTSERRAT; DIAZ ZAYAS, M^a DOLORES; DOMINGUEZ LOPEZ, M^a TERESA

Centro de trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: montse-mami@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

En España Staphylococcus aureus y las cepas resistentes a meticilina (SARM) constituyen una de las principales causas de brotes de infección nosocomial. Algunos estudios realizados en determinados periodos elevan al 40% la detección de SARM, que se asocia con frecuencia a multiresistencia y elevada morbi-mortalidad. Nuestro objetivo es estudiar la tendencia de sensibilidad a los antimicrobianos de los aislamientos de S.aureus procedentes de los pacientes ingresados en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron los aislamientos de S.aureus procedentes de muestras clínicas de los pacientes ingresados durante el periodo 01/01/2009-31/10/2016, considerando un solo aislado por paciente. La identificación de los aislamientos y su sensibilidad a los antimicrobianos se realizaron mediante el sistema Vitek®2 (bioMérieux). Los resultados se agruparon según procedieran de plantas de hospitalización o UCI.

RESULTADOS:

Se aislaron 397 cepas de S. aureus, 89 de ellos resistentes a meticilina (SARM) (22,42%). De los aislamientos sensibles a meticilina (SASM) (308), 282 (91,56%) procedieron de hospitalización mientras que sólo 26 (8,44%) procedieron de la UCI; de los aislamientos SARM (89), 83 procedieron de hospitalización (93,26%) y sólo 6 (6,74%) de UCI.

La sensibilidad (%S) de los aislamientos, que se realizó globalmente debido al bajo número de aislamientos en UCI, a Oxacilina (OXA), Eritromicina (E), Clindamicina (CC), Levofloxacin (LEV) y Rifampicina (RIF) se muestra en las siguientes tablas:

	S. aureus (%S)							
	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016
OXA	82,22	70,45	76,00	66,67	73,61	76,19	71,84	73,21
E	78,43	72,50	78,67	44,93	34,72	4,76	64,42	62,5
CC	78,85	93,55	92,00	78,26	80,56	75,00	78,85	73,21
LEV	74,00	70,00	80,00	73,91	80,56	78,57	73,08	78,57
RIF	95,92	90,91	78,67	100,00	95,38	96,43	83,65	100

La CMI a Vancomicina de las cepas de S. aureus fue la siguiente:

CMI (mg/L)	SASM (308)		SARM (89)	
	HOSPITAL (282)	UCI (26)	HOSPITAL (83)	UCI (6)
≤ 0,5	165 (58,51%)	19 (73,08%)	42 (50,60%)	1 (16,67%)
1	102 (36,17%)	6 (23,08%)	36 (43,37%)	3 (50%)
2	15 (5,32%)	1 (3,84%)	5 (6,03%)	2 (33,34%)

CONCLUSIONES:

La sensibilidad a oxacilina ha descendido desde el año 2009 con algún ascenso en años intermedios. Las mejores opciones terapéuticas son rifampicina, levofloxacino y clindamicina (en SARM), además de vancomicina, linezolid y daptomicina en infecciones graves. Se observa una corresponsabilidad de las cepas SARM, especialmente con levofloxacino y eritromicina. Las cepas SARM presentan en un porcentaje mayor una CMI a vancomicina superior que las cepas SASM.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 148

ESTUDIO SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS MICROBIOLÓGICAS DE LOS UROCULTIVOS SOLICITADOS DESDE UN SERVICIO DE URGENCIAS

Autor/a/s: DIAZ ZAYAS, M^a DOLORES; LOPEZ GUTIERREZ, MONTSE-RRAT; DOMINGUEZ LOPEZ, M^a TERESA

Centro de trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUÍA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: jmyonte@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las infecciones del tracto urinario son de las patologías más prevalentes en urgencias. El urocultivo nos permite realizar el diagnóstico de certeza identificando al microorganismo casual, formas de resistencia y su patrón de sensibilidad antibiótica.

OBJETIVOS:

Estudiar las características microbiológicas de los urocultivos solicitados desde el Servicio de Urgencias.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio descriptivo y retrospectivo de los urocultivos solicitados desde el Servicio de Urgencias del Hospital de la Axarquía. Se revisaron los informes remitidos desde el Servicio de Microbiología de los urocultivos solicitados desde urgencias a pacientes mayores de catorce años durante el periodo 2013-2015. Se analizaron variables demográficas, solicitante de las pruebas, incidencia por mes, positividad, nivel de contaminación, identificación microbiológica con perfil de resistencia y sensibilidad antibiótica.

RESULTADOS:

Se analizaron 5161 muestras (media 4,71/día. 22 muestras por cada 1.000 pacientes atendidos en urgencias médicas), provenientes de mujeres en un 59,23% (3057) y de hombres en un 40,77% (2104), solicitadas en un 77,25% por médicos residentes, 12,09% por adjuntos de urgencias, 8,31% por adjuntos de otras especialidades y 2,34% solicitante no identificado, siendo los meses de julio agosto donde más pruebas se registraron (11,60% cada mes). De las muestras estudiadas, el 54,66% resultaron negativas (Micción espontánea 76,78% / Sondaje 23,22%) y contaminadas un 8,58% (Micción espontánea 81,04% / Sondaje 19,86%). El 36,76% fueron positivas (Micción espontánea 72,90% / Sondaje 27,10%), identificándose bacterias en el 98,3% y hongos en el 1,63% (12 de 25, 48% aislados de sondajes). La cistitis (82%) y pielonefritis (16,47%) fueron los principales focos infecciosos. Las bacterias predominantes fueron gramnegativas (85,61%). Destacaron *Escherichia coli* (67,32%), *Klebsiella pneumoniae* (10,23%), *Enterococcus faecalis* (7,75%), *Proteus mirabilis* (5,69%), *Staphylococcus saprophyticus* (2,11%), *Pseudomonas aeruginosa* (1,53%) y *S. agalactiae* (1,37%). Entre los hongos sobresalieron *Candida albicans* (80,65%) y *C. glabrata* (6,45%). El 5,90% de los urocultivos positivos presentaron formas resistentes, destacando las enterobacterias productoras de b-lactamasas de espectro extendido -BLEE-(83,93% de las resistencias), seguidos de bacterias con beta-lactamasa plasmídica tipo Amp C (6,7%) y estafilococos meticilín-resistentes SAMR- (0,95%). En contraste por sexos, las formas resistentes inciden en hombres sondados y en urocultivos procedentes de micción espontánea en las mujeres. El perfil de sensibilidad antibiótica de los microorganismos más frecuentes se muestra en la

tabla siguiente. Los antibióticos empíricos más usados fueron ciprofloxacino (20,3%), ceftriaxona (13,3%), cefuroxima (12,8%) y amoxicilina-clavulánico (11,8%).

CONCLUSIONES:

Los urocultivos gestionados desde urgencias se solicitan mayoritariamente a mujeres, presentando una alta rentabilidad en nuestra serie. Los microorganismos aislados son principalmente bacilos gramnegativos (*Escherichia coli*) con un estimable porcentaje de BLEE. Fosfomicina y ertapenem parecen ser las mejores antibióterapias empíricas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 149

MICROBIOLOGÍA Y EPIDEMIOLOGÍA CLÍNICA DE LAS BACTERIEMIAS POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS EN EL HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUÍA.

Autor/a/s: DIAZ ZAYAS, M^a DOLORES; DOMINGUEZ LOPEZ, M^a TERESA; LOPEZ GUTIERREZ MONTSERRAT

Centro de trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUÍA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: jmyonte@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN/OBJETIVOS:

Las bacteriemias por *Staphylococcus aureus* han sido siempre uno de los problemas principales de la patología infecciosa, aumentando su incidencia en las últimas décadas, tanto en el ámbito nosocomial como en la comunidad. Nuestro objetivo ha sido conocer los factores clínico-epidemiológicos asociados a las bacteriemias por *S. aureus*, así como la evolución de la resistencia a oxacilina.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de las bacteriemias por *S. aureus* durante cuatro años consecutivos en el H. de la Axarquía. Los hemocultivos se procesaron por el sistema BacT/ALERT[®]3D (bioMérieux). La identificación y estudios de sensibilidad se realizaron con el sistema automatizado Vitek[®]2 (bioMérieux) y E-test.

RESULTADOS:

Durante este periodo presentaron bacteriemia por *S. aureus* 125 pacientes, un 65,6% varones, con una edad media de 66,2 años (0-93 años). El 60,2% fueron intrahospitalarias, con un ingreso medio de 29 días (29,2% habían estado ingresados los 6 meses previos). La media de días desde el ingreso al aislamiento fue de 8,1 días. Los servicios de procedencia fueron: 84,6% de Medicina Interna, 12,1% Urgencias y el 3,3% Servicios quirúrgicos. El 100% presentaron bacteriemias monomicrobianas. Los cuadros clínicos más frecuentes fueron: bacteriemia asociada a catéter (49,6%), sepsis y/o shock séptico (22,4%), bacteriemia primaria (18,4%), neumonía (3,2%), infección de herida (3,2%), endocarditis (1,6%) y absceso (1,6%). La mortalidad bruta fue del 28%, en el 40% de los casos en los 10 primeros días de ingreso, siendo más frecuente tras 48 horas del ingreso (85%). En cuanto a la sensibilidad, 95,87% de las cepas aisladas fueron sensibles a trimetoprim/ sulfametoxazol (SXT), 100% al ácido fusídico (FA), 96,69% a gentamicina (GM), 82,64% a clindamicina (CC), el 72,8% a la oxacilina (OX), 77,69% a levofloxacino (LEV) y 54,55% a eritromicina (E). Al analizar la resistencia a oxacilina se observó un aumento con la edad (de 10,4% en menores de 50 años a 48,8% en mayores de 70 años) y días de ingreso (29,5% en ingresos de menos de 10 días y 41% en más de 30 días). El 32% de las cepas MRSA pertenecieron a pacientes que habían sido ingresados los 6 meses previos. Los fenotipos de resistencia asociados a oxacilina más frecuentes fueron: LEV 67,74%, E 67,74%, CC 22,58% y GM 6,45%. En el 45,16% de los casos asociados a más de dos antibióticos (OX+LEV+E).

CONCLUSIONES:

La bacteriemia por *S. aureus* en nuestro medio, es más frecuente en hombres con una edad media de 66 años, de origen intrahospitalario, monomicrobianas y procedentes de Servicios Médicos. La manifestación clínica más frecuente fue la bacteriemia asociada a catéter

seguida de la sepsis y/o shock séptico. La mortalidad fue del 28%, en los 10 primeros días de ingreso. El fenotipo de resistencia más frecuente asociado a oxacilina fue a levofloxacin y de eritromicina y en un 45,16% de los casos asociados a tres antibióticos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 150

UTILIDAD MICROBIOLÓGICA DEL TIEMPO DE POSITIVIDAD EN EL DIAGNÓSTICO DE BACTERIEMIAS POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS Y OTROS STAPHYLOCOCCUS COAGULASA NEGATIVOS

Autor/a/s: DOMINGUEZ LOPEZ, M^a TERESA; LOPEZ GUTIERREZ, MONT-SERRAT; DIAZ ZAYAS, M^a DOLORES

Centro de trabajo: HOSPITAL COMARCAL DE LA AXARQUIA

Localidad: VÉLEZ-MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: dominguezmaite@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN/OBJETIVOS:

La concordancia entre el tiempo de positividad de los hemocultivos y la evolución clínica de las bacteriemiás ha sido sugerida por diferentes estudios realizados hasta la fecha. El objetivo de este estudio es evaluar el tiempo de positividad (TP) de las bacteriemiás por *S. aureus* (sensibles o resistentes a metilicina) y compararlo con el TP de bacteriemiás por otros *Staphylococcus* en nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogieron los episodios de bacteriemiás por *Staphylococcus* durante el periodo 2011-2015. Se analizó el tiempo que tardaron en detectarse como positivos los frascos incubados en el sistema automatizado de lectura BacT/ALERT[®]3D (bioMérieux), definiéndose el Tiempo de Positividad (TP) como el tiempo desde el inicio de su incubación hasta la detección del primer frasco positivo. La identificación del microorganismo se realizó mediante cultivo convencional y se identificó a nivel de especie con el sistema Vitek[®]2 (bioMérieux) cuando se consideró bacteriemia real (aislamiento en más de una extracción). Se consideraron 4 grupos: 1) Bacteriemia por *S. aureus*; 2) Bacteriemia por *S. aureus* resistente a metilicina (MRSA); 3) Bacteriemia por otros *Staphylococcus* (*S. epidermidis*, *S. hominis* y *S. lugdunensis*) y 4) aislamientos de *Staphylococcus coagulasa negativo* (SCN); éstos últimos considerados como contaminantes al aparecer en una sola extracción.

RESULTADOS:

Se estudiaron un total de 445 bacteriemiás por *Staphylococcus*, de las que 91 fueron por *S. aureus*, 34 por MRSA, 206 fueron causadas por otros *Staphylococcus* (156 por *S. epidermidis*, 48 por *S. hominis* y 2 por *S. lugdunensis*) y 114 por SCN. La media expresada en horas de TD +/- desviación estándar en cada grupo se muestra en la tabla siguiente.

	S. aureus	MRSA	Staphylococcus spp.	SCN
Nº aislamientos	91	34	206	114
TP	10,59 +/- 5,68	11,98 +/- 6,87	22,63 +/- 10,75	29,64 +/- 13,76

CONCLUSIONES:

El TP es un factor importante con respecto al agente causal y al pronóstico de las bacteriemiás. Las producidas por especies más virulentas como *S. aureus* y MRSA se detectaron casi en la mitad de tiempo que las producidas por *Staphylococcus* spp menos patógenos. Las contaminaciones de los hemocultivos por SCN tienen como media un TP de casi 30 horas, constituyendo este parámetro un posible agente diferencial con las bacteriemiás reales. En las bacteriemiás por *Staphylococcus* el tiempo de positividad puede ser útil como marcador en la determinación de la especie causante y en la distinción entre bacteriemiás verdaderas y contaminaciones.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 151

MICROORGANISMOS MÁS FRECUENTES QUE CAUSAN INFECCIONES OSTEOARTICULARES EN EL ÁREA IV DEL PRINCIPADO DE ASTURIAS

Autor/a/s: VALLINA MARTINEZ ESTEFANIA; MARTINEZ FERNANDEZ SANDRA; ROMAY MOLINER ROCIO; ROSETE URIA ROCIO; ORVIZ ALVAREZ MERCEDES; GARCIA MARTINEZ LAURA.

Centro de trabajo: LABORATORIO DE MICROBIOLOGIA DEL HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: estefaniv05@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las infecciones osteoarticulares (osteomielitis, artritis e infecciones asociadas a implantes) son procesos poco frecuentes en comparación con otros tipos de infecciones, pero son importantes al estar asociadas a un difícil manejo médico-quirúrgico y a numerosas complicaciones. Podemos distinguir entre la artritis séptica que representa la invasión directa del espacio articular por diversos microorganismos que incluyen bacterias, virus y hongos, la osteomielitis considerada como la infección de la cortical, la médula o ambas estructuras del hueso y por último las infecciones asociadas con implantes de prótesis articulares.

OBJETIVOS:

Evaluar la etiología bacteriana de las infecciones osteoarticulares y determinar los microorganismos más frecuentes que causan las mismas así como la sensibilidad de los mismos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron las muestras de líquidos articulares recogidas desde junio del 2014 hasta diciembre del 2016. Los métodos utilizados han sido la PCR bacteriana y el estudio microbiológico mediante tinción de gram y la siembra en medios de cultivo convencionales, además de la inoculación en botellas de hemocultivos (BACTEC).

RESULTADOS:

Se analizan 666 muestras de las cuales 157 resultaron positivas para diferentes microorganismos (Tabla 1):

Tabla 1: Microorganismos aislados en infecciones articulares

MICROORGANISMOS	Nº	%
<i>Staphylococcus aureus</i>	44	28,03%
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	30	19,11%
Otros <i>Staphylococcus coagulasa negativa</i>	26	16,56%
<i>Propionibacterium sp</i>	19	12,10%
<i>Streptococcus sp</i>	10	6,37%
<i>Enterococcus faecalis</i>	8	5,10%
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	4	2,55%
Otros microorganismos	16	10,19%

De los 44 *Staphylococcus aureus* positivos se ha hecho la sensibilidad a 28 de ellos, de los cuales 24 fueron resistentes a penicilina y sensibles a oxacilina, 3 han sido MRSA (metilicin-resistente *S. aureus*) y 1 sensible a penicilina.

CONCLUSIONES:

El *Staphylococcus aureus* es el microorganismo más frecuente causante de infecciones osteoarticulares, seguido del *S. epidermidis*. Se detectan escasas infecciones por MRSA, como era esperable.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 155

ESTUDIO DE LA SENSIBILIDAD ANTIBIÓTICA DE CLOSTRIDIUM DIFFICILE

Autor/a/s: ALONSO, Isabel, BAENA, M^a Carmen, SANCHO, M^a Luisa, SAMPÍE-TRO, Miguel, XERCAVINS, Mariona.

Centro de trabajo: CATLAB. Microbiología. Hospital Universitari Mútua de Terrassa.

Localidad: Terrassa

Correo electrónico del primer firmante: isaalonsoch@gmail.com

RESUMEN:

ESTUDIO DE LA SENSIBILIDAD ANTIBIÓTICA DE CEPAS DE *Clostridium difficile*

Isabel Alonso, M^a Carmen Baena, M^a Luisa Sancho, Miguel Sampietro, M. Xercavins

Catlab. Microbiología. Hospital Universitari Mútua Terrassa

INTRODUCCIÓN:

Clostridium difficile (CD) es el agente etiológico más frecuente de diarrea nosocomial y colitis pseudomembranosa asociada al consumo de antibióticos de amplio espectro. El incremento de este consumo puede tener un impacto en la aparición de nuevas resistencias.

OBJETIVO:

Determinar la sensibilidad antibiótica a vancomicina, metronidazol de cepas de *Clostridium difficile* en el Hospital Universitari Mútua de Terrassa, Barcelona. Así mismo determinar la presencia del fenómeno de heteroresistencia a metronidazol.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Período: 2014-2016. Estudio de 148 cepas de *Clostridium difficile*.

Diagnóstico de *Clostridium difficile*: Detección de antígeno Glutamato deshidrogenasa y toxinas mediante el kit de Quick-check (TECHLAB,ALERE) en heces no formes. Si ambas pruebas son positivas se realizó cultivo.

Método de cultivo: se realizó en medio selectivo de Gélose *Clostridium difficile* (bioMérieux) e incubación durante 48 horas en atmósfera anaerobia a 37°C.

Identificación: Se realizó mediante Quick-Check (TECHLAB,ALERE) de las colonias sospechosas y con olor característico.

Antibiograma: la CMI de vancomicina y metronidazol se realizó mediante método E-test (bioMérieux) en placa de Brucella agar con un inóculo McFarland 1 e incubación en anaerobiosis durante 48h. Se calcula la CMI 90 para ambos antibióticos.

Los puntos de corte son los definidos por EUCAST (sensibilidad vancomicina: ≤ 2 mg/L y metronidazol: ≤ 2 mg/L).

Para la detección del fenómeno de heteroresistencia a metronidazol (crecimiento de colonias más pequeñas dentro del halo de inhibición) se dispensa un disco de metronidazol en placa de Brucella agar y se incuba en atmósfera anaeróbica 5 días.

RESULTADOS:

Las 148 cepas son sensibles a los dos antibióticos estudiados.

	% Resistencia	Rango (mg/L)	CMI90 (mg/L)
Metronidazol	0	<0,016 1	0,25
Vancomicina	0	0,032 1,5	0,75

No se observa ninguna cepa con heteroresistencia al metronidazol.

CONCLUSIONES:

Metronidazol y vancomicina siguen siendo el tratamiento de elección para la infección por *Clostridium difficile* al mantener siempre su sensibilidad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 157

UTILIDAD DE MUESTRAS RESPIRATORIAS DE VIAS BAJAS EN PACIENTES CON PROCESOS RESPIRATORIOS Y SINDROMES FEBRILES.

Autor/a/s: Maria Jose Ferrero Fernández, Maria Lana Fernández, Lucía Sanjurjo Abad, Sarai Martín Villalón, Amparo Justa Templado Barroso.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias

Localidad: Oviedo

Correo electrónico del primer firmante: Mariajoseferrerofernandez@gmail.com

RESUMEN:

Objetivo: Comparar la utilidad y rendimiento diagnóstico de las muestras obtenidas de vías altas y bajas en los procesos respiratorios.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Entre Julio 2014-Octubre 2016 se enviaron al laboratorio de Virología del HUCA 233 muestras respiratorias (120 vías altas y 113 vías bajas) pertenecientes a 108 pacientes con procesos respiratorios (tabla 1): 67 varones (59.3 \pm 15.3;rango:18-85 años) y 41 mujeres (64.4 \pm 16.9;rango:28-93 años). Se enviaron al menos 2 muestras por paciente (Tabla1), con una diferencia máxima de 3 días: en 51 pacientes recogidas simultáneamente, en 27 con 1 día de diferencia, en 19 con 2 días y en 11 con 3 días.

Tabla1.

		Simultáneamente	1º muestra VA	1º muestra VB	Total
Clínica	Pacientes	51	46	11	108
IRVB(n:56)	Neumonía	18	24	8	50
	Insuficiencia respiratoria	3	3	0	6
IRVA(n:52)	IVA/SF	20	12	4	36
	Sospecha infección	9	7	0	16

VA: exudados nasofaríngeos, faríngeos, nasales y lavado nasal profundo. VB: aspirados traqueales, lavado broncoalveolar, esputo, cepillado broncoalveolar

Las muestras se procesaron para cultivo viral, detección de antígenos y cuantificación genómica para Influenza A y B(IA/IB)/Virus respiratorio sincitial(VRS)/Adenovirus(ADV)/Parainfluenza1-4(PIV1-4)/Metapneumovirus(MPVh)/Coronavirus(CoV)/Rhinovirus(RV)/Enterovirus(ETV). La carga viral se determinó en muestras de vías altas (M.VA) relacionando los Ct de los virus por PCR TR múltiple con el Ct de la betaglobina, informándose copias(log)/10³células; las muestras de vías bajas (M.VB) se expresaron en copias(log)/ml.

RESULTADOS:

Fueron positivos 62(57.4%) pacientes:29(51.2%) de los 56 con IRVB y 33(63.4%) de los 52 con IRVA (p:n.s). En 7(10.6%) se detectó coinfección (4 en M.VA y 3 en M.VB).

La sensibilidad diagnóstica de las muestras según la clínica se observa en las Tablas 2 y 3.

Tabla 2.

IRVB		Muestras.VA		
		P	N	Total
Muestras.VB	P	9	15	24
	N	5	27	32
Total		14	42	56

sensibilidad Muestras.VB:82.7%,

sensibilidad MmuestrasVA:48.3% (p:0.011)

Tabla 3.

IRVA		Muestras.VA		
		P	N	Total
Muestras VB	P	15	8	23
	N	10	19	29
Total		25	27	52

sensibilidad muestras VB 69.7%,

sensibilidad muestras VA 75.7% (p:ns)

Se aíslan virus en muestras únicamente de vías bajas en 15(51.7%) pacientes con IRVB y en 8(24.2%) pacientes con IRVA. Por otro lado, se detectan virus únicamente en muestras de vías altas en 5(17.2%) casos de IRVB y 10(30.3%) casos de IRVA.

Los virus detectados según la clínica se muestran en la Tabla4.

Tabla 4.

	IA	IB	ICA	ICB	ICD	ICF	ICG	ICH	ICI	ICJ	ICK	ICL
IRVA	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
IRVB	55,20%	46,50%	34,00%	66,70%	33,30%	10,00%	80,00%	94,50%	33,30%	33,30%	33,30%	10,00%

*p:0.0006/**p:0.004

IA fue el virus más frecuente. Según la clínica, en IRVA no hubo predominio de ningún virus mientras que en los cuadros de IRVB IA fue el más frecuente (55.2%).

CONCLUSIONES:

- Debido a la baja sensibilidad de las muestras de VA en el diagnóstico de IRVB, es recomendable, ante un resultado negativo, enviar una muestra de VB en un corto periodo de tiempo, permitiendo así el correcto y temprano manejo del paciente.

- En más de la mitad de los episodios de IRVB se detectó IA, siendo reseñable la variedad de virus implicados en este cuadro clínico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 159

LA FRECUENCIA DE MUTANTES EN ENTEROBACTERIAS EN LA DISCREPANCIA DE CMI DE FOSFOMICINA POR DILUCIÓN DE AGAR Y MICRODILUCIÓN

Autor/a/s: RONCERO GARCÍA, YOLANDA; RAMOS GUELFO, MARÍA SALUD; PÉREZ NAVARRO, ELISABET; ORTIZ ARIZA, ESTEFANÍA; DOCOBO FERNÁNDEZ, FERNANDO.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: yolanda2323@hotmail.com

RESUMEN:

Antecedentes y Objetivo: La fosfomicina es un antiguo antibiótico que actualmente se reevalúa para el tratamiento de infecciones causadas por enterobacterias multirresistentes. Se han descrito importantes discrepancias en su CMI según la metodología utilizada. La dilución en agar (método de referencia para el CLSI) utiliza 2-8 veces menos inóculo que la microdilución (104 UFC/pocillo frente a 2-8x104 UFC/pocillo). El objetivo de este estudio es comprender el papel del efecto inóculo en la actividad de la fosfomicina in vitro.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Microorganismos 220 aislados de E. coli y K. pneumoniae de orina, sangre, bilis o abdominales (Hospital Universitario Virgen Macarena, enero a julio de 2013). Identificación: MicroScan (Siemens, West sacramento, CA) y MALDI-TOF MS (Bruker Daltonics, Alemania).

Pruebas de susceptibilidad CMI determinada por dilución en agar y microdilución en caldo (según CLSI).

Inóculos iniciales se cuantificaron por dilución 1:100 en placas MHA.

Se calcularon acuerdos categóricos (CA), errores muy graves (VME), mayores (ME) y menores (mE). Los denominadores para el cálculo de las tasas de error fueron: número de aislamientos resistentes (VME), número de aislamientos susceptibles (tasa ME) y número total de aislamientos ensayados (CA y mE). El acuerdo esencial se calculó determinando el número de resultados de la prueba que estaban dentro de ± 1 dilución de duplicación de la CMI (método de referencia) (Tabla 1). El acuerdo entre dilución en agar y microdilución en caldo se evaluó mediante un diagrama de Bland-Altman.

Frecuencias mutantes de 21 aislados de E. coli (CMI = 1 mg/L) y 21 K. pneumoniae (CMI = 16 mg/L). La frecuencia para fosfomicina se determinó por dilución 1:107 de un cultivo aproximadamente 109 UFC/ml. Se incubó el inóculo inicial de ~ 102 UFC/ml durante la noche en MHB y se sembró en placas MHA II libres de fármaco (UFC total) o con fármacos (frecuencia de mutantes).

Los mutantes se recuperaron en placas MHA II suplementadas con 25 mg/l de glucosa-6-fosfato y un intervalo de concentraciones de fosfomicina (4, 16, 64 y 256x CMI para E. coli, y 4 y 16x CMI para K. pneumoniae). Después de 48 h a 37°C, se recogieron hasta cinco colonias y se confirmaron cambios en la CMI por dilución en agar.

Crecimiento de la subpoblación resistente todas las subpoblaciones fueron monitoreadas para 6 cepas de E. coli. Las cepas se seleccionaron con una CMI de fosfomicina de 1 mg/L y una frecuencia de mutantes en fosfomicina de 10⁻⁴ a 10⁻⁷.

Curvas de crecimiento: densidad óptica a 595nm cada 60min durante 24 h a 37°C. Los aislados se cultivaron en placas de 96 pocillos (Greiner BIO-ONE GmbH, Alemania Frickenhausen) con MHB II con 25 mg/L de G6P y fosfomicina a 0, 4 y 8mg/l. Se utilizaron ocho inóculos diferentes en cada ensayo. Se utilizó una dilución $\sim 5 \times 10^5$ UFC/pocillo como inóculo de partida. Las concentraciones finales oscilaron entre 5x10⁵ y 3.91x10³ UFC/pocillo.

RESULTADOS:

Utilizando la dilución en agar como referencia, 149 aislamientos fueron susceptibles, 9 intermedios y 62 resistentes a fosfomicina de acuerdo con CLSI. Para E. coli, se encontraron 86,4% de concordancia categórica (CA), 9,1% de errores muy grandes (VME), 3,3% de errores mayores (ME) y 9,9% de errores menores (mE). Para K. pneumoniae, CA 51,1%, VME 15,7%, ME 28,4% y mE 25,2%. El acuerdo esencial (+/- 1-log) se observó en el 55,45%. Por microdilución, sin embargo, el 35,9% de los aislamientos mostraron discrepancia mayor a 2 diluciones en comparación con el método de dilución en agar. El conteo inicial del inóculo (media) fue 5,63 veces mayor en el método de microdilución. Las frecuencias de mutantes FosfomicinaR fueron en E. coli: 6.05x10⁻⁵ (4xCMI), 5.21x10⁻⁶ (16xCMI), 4.37x10⁻⁶ (64xCMI) y 5.59x10⁻⁷ (256xCMI). K. pneumoniae: 1,49x10⁻⁴ (4xCMI), y 1,58x10⁻⁵ (16xCMI). Subpoblaciones con aumento de la CMI aparecieron principalmente después de 8 horas de incubación con inóculo superior a 3,13x10⁴ UFC/pocillo.

CONCLUSIONES:

Dilución en agar y microdilución presentan discrepancias en la CMI de fosfomicina.

Las diferencias en el inóculo pueden explicar estas discrepancias por la presencia de mutantes.

Estas diferencias en el inóculo permiten observar subpoblaciones con una CMI aumentada.

Estudios in vivo podrán evaluar el impacto clínico de la heterorresistencia a fosfomicina.

La susceptibilidad debe ensayarse con mayor inóculo que refleje la resistencia poblacional.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 160

MODELO DE SEPSIS PERITONEAL: ACTIVACIÓN DEL SISTEMA SOS COMO DIANA TERAPEÚTICA EN E.COLI RESISTENTE A QUINOLONAS.

Autor/a/s: RAMOS GUELFO, MARÍA SALUD; PÉREZ NAVARRO, ELISABET; RONCERO GARCÍA, YOLANDA; ORTIZ ARIZA, ESTEFANÍA; RODRÍGUEZ MARTÍNEZ, JOSE MANUEL.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: mariasaludguelfo@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

La inhibición del sistema SOS se ha postulado como una estrategia de interés para la sensibilización y el control de la emergencia de resistencia a los antimicrobianos y, en especial, a quinolonas. En un reciente trabajo de nuestro grupo describimos, in vitro, como tanto la delección de recA como la modificación de lexA a lexA1 provocan disminución de la CMI de ciprofloxacino (en torno a 4-8 veces) en bacterias con mecanismos adquiridos de resistencia a quinolonas. En este trabajo realizamos un modelo murino de sepsis peritoneal para valorar el impacto in vivo de la delección de recA en cepas con sensibilidad disminuida a estos antimicrobianos

MATERIALES Y MÉTODOS:

La cepa *E. coli* ATCC 25922 fue utilizada como microorganismo modelo. Se deletó el gen *recA* mediante una técnica de inactivación cromosómica basada en la PCR. Las cepas isogénicas derivadas del *E. coli* ATCC 25922 utilizadas en este estudio y sus CMI frente a ciprofloxacino fueron las siguientes: EC08 (doble mutante en *GyrA* (S83L+D87N) más mutación en *ParC* (S80R), CMI 2 mg/L) y EC08 Δ *recA* (doble mutante en *GyrA* (S83L+D87N) más mutación en *ParC* (S80R) que presenta una deleción en *recA*, CMI 0.5 mg/L). Estas cepas se seleccionaron ya que la inactivación del sistema SOS sensibiliza produciendo un cambio de categoría clínica desde resistencia a sensibilidad de acuerdo a las normas EUCAST.

Modelo experimental

Se realizó un modelo de sepsis peritoneal de 24h de duración, en ratones C57BL/6 inmunocompetentes. En primer lugar, se caracterizó la dosis mínima letal (DML) de cada una de las cepas durante 72h de seguimiento. Para ello, grupos de 5 ratones recibieron intraperitonealmente, 500 μ l de cultivos bacterianos con concentraciones bacterianas de 7, 6 y 5 Log₁₀ ufc/ml.

Farmacocinética/farmacodinamia

Utilizando datos farmacocinéticos previos de ciprofloxacino en ratones (Dominguez-Herrera J et al. JAC 2013), se ajustó un modelo bicompartimental (espacio intraperitoneal y sangre) empleando el programa ADAPT5.

Posteriormente se simuló un rango de dosificaciones capaces de alcanzar un parámetro farmacodinámico favorable de AUC_{0-24h}/CMI ~ 50 y 100, ajustado a la cepa sensible del par isogénico EC08/EC08 Δ *recA* EC08 Δ *recA*, CMI=0.5 mg/L).

Grupos de tratamiento

Se establecieron 2 grupos de tratamiento con 50 mg/Kg y 100 mg/Kg de ciprofloxacino cada 12h, para obtener una AUC_{0-24h}/CMI (para la cepa EC08 Δ *recA*) de 48.74 y 97.48, respectivamente. A los ratones exitos o sacrificados a las 24h se les extrajo el bazo asépticamente y se procedió al recuento bacteriano tras homogenización, dilución y siembra en placas de MHB.

RESULTADOS:

La DML fue de 5x10⁷ ufc/ml, sin existir diferencias para cada una de las cepas.

El ajuste del modelo a los valores séricos en el ratón fue aceptable (R²=0.968). Los parámetros estimados fueron los siguientes: C_{lsangre}= 0.38x10⁻¹ L/h, V_{sangre}=0.95x10⁻² L, k₁₂=4.03, k₂₁=0.44 x10⁻⁷ (Figura 1).

En la figura 2 se muestran los recuentos bacterianos de los grupos controles (sin tratamiento) y tras 24h de tratamiento con ciprofloxacino.

CONCLUSIONES:

La supresión del sistema SOS en *E. coli* resistente a quinolonas por modificaciones cromosómicas en las topoisomerasas de tipo II produce una sensibilización frente a estos antimicrobianos la cual supone un aumento de la eficacia terapéutica de ciprofloxacino en un modelo murino de sepsis peritoneal

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 161

RESISTENCIA A FOSFOMICINA Y VIRULENCIA EN ESCHERICHIA COLI

Autor/a/s: RAMOS GUELFO, MARÍA SALUD; RONCERO GARCÍA, YOLANDA; PÉREZ NAVARRO, ELISABET; ORTIZ ARIZA, ESTEFANÍA; DOCOBO PÉREZ, FERNANDO.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: mariasaludguelfo@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

La baja prevalencia de aislados clínicos de *E. coli* resistentes a fosfomicina contrasta con la alta frecuencia de aparición de resistentes observada in vitro. Esto podría relacionarse con la disminución de la virulencia o al incremento del coste biológico causado por las mutaciones en genes que producen resistencia a fosfomicina. Estos mecanismos de resistencia están implicados en el transporte intracelular de hexosas-6-fosfato (*uhpT*), glicerol-3-fosfato (*glpT*), el sistema de transporte de glucosa dependiente de fosfotransferasa y fosfoenolpiruvato (PTS:glucosa:PEP, *ptsI*) o la síntesis del cAMP (*cyaA*). Hasta la fecha, la hipótesis de la pérdida de virulencia no se ha estudiado in vivo.

El objetivo de este estudio es conocer la contribución de cada uno de estos genes y combinaciones de los mismos en la virulencia de *E. coli* en modelo experimental murino.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Se seleccionaron los mutantes "glpT", "uhpT", "ptsI", y "cyaA" de la colección KEIO de mutantes (sustitución por un casete de resistencia a kanamicina). Se construyeron dobles mutantes ("glpT-uhpT", "glpT-cyaA", "glpT-ptsI", "uhpT-cyaA", "FuhpT-ptsI", "cyaA-ptsI") a partir de los mutantes simples. Se eliminó la resistencia a kanamicina, mediante el plásmido pCP20 y transducción con el bacteriófago P1 vir. Todos los mutantes fueron confirmados mediante PCR y secuenciación.

MODELO ANIMAL: Sepsis peritoneal de 72h, en ratones C57BL/6 inmunocompetentes. Se establecieron grupos de 10 ratones que fueron infectados con cada uno de los mutantes y la cepa BW25113, empleando un inóculo equivalente a la dosis mínima letal. Los animales fueron monitorizados durante 72h. La mortalidad se analizó mediante la estimación de la función de supervivencia (método de Kaplan-Meier) y test de Log-rank (Mantel-Cox).

RESULTADOS:

La dosis mínima letal empleada en el modelo experimental fue de 9,23±0,46 Log₁₀ ufc/ml.

La mortalidad en todos los grupos a las 48h fue del 100%.

No se encontraron diferencias significativas en el tiempo hasta el exitus entre los mutantes simples y la cepa parental.

Únicamente se encontraron diferencias significativas, en el tiempo hasta el exitus entre los mutantes dobles y la cepa parental, con las cepas "glpT-ptsI" y "uhpT-ptsI".

CONCLUSIONES:

Las cepas de *E. coli* con deleción de los principales genes relacionados con la resistencia a fosfomicina son capaces de producir, a las 48 horas, una mortalidad similar a la cepa sin mutaciones (BW25113) en un modelo murino de infección intraperitoneal.

Solo las combinaciones de mutaciones "glpT-ptsI" y "uhpT-ptsI" aumentaron significativamente el tiempo de mortalidad con respecto a la cepa salvaje.

En nuestras condiciones experimentales, la resistencia a fosfomicina no está directamente relacionada con una menor virulencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 162

EFFECTO DE LA TOPOLOGÍA MOLECULAR EN LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA

Autor/a/s: PÉREZ NAVARRO, ELISABET; RAMOS GUELFO, MARÍA SALUD; RONCERO GARCÍA, YOLANDA; ORTIZ ARIZA, ESTEFANÍA; GALVEZ, JORGE; RODRÍGUEZ MARTÍNEZ, JOSÉ MANUEL.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: elisabetpn@gmail.com

RESUMEN:

Antecedentes y Objetivos: La topología molecular permite, mediante

modelos matemáticos, el descubrimiento de nuevas moléculas a partir de otras ya conocidas. Esta estrategia se ha postulado como una herramienta útil para la búsqueda de nuevos fármacos. El objetivo de este estudio fue analizar la actividad antimicrobiana de moléculas seleccionadas mediante topología molecular.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se utilizaron 3 características para la selección de las moléculas: capacidad de inhibición de biofilms, capacidad de inhibición de la epimerasa y poder como ionóforo. Se utilizaron para los diferentes ensayos las cepas patrón *Escherichia coli* ATCC 25922, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *S. aureus* ATCC 29213 y *S. aureus* ATCC 33591 (resistente a meticilina). Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) mediante microdilución. Se realizaron curvas de crecimiento en medio LB en presencia y ausencia de las moléculas seleccionadas, testando diferentes concentraciones de dichas moléculas, en el sistema Infinite2000. Se realizaron curvas de tiempo-muerte en Mueller-Hinton con una concentración equivalente a 2 veces la CMI de las moléculas seleccionadas. Se realizaron ensayos de viabilidad celular midiendo la producción de ATP en las mismas condiciones en que se realizaron las curvas de tiempo-muerte.

RESULTADOS:

Se seleccionaron 15 moléculas con posible actividad antimicrobiana, sin embargo 4 moléculas fueron descartadas por problemas de solubilidad. De las otras 11 moléculas testadas, ninguna molécula presentó actividad frente a *E. coli* ATCC 25922; 6 de las 11 presentaron actividad frente a *S. aureus*. El rango de CMI osciló entre 16 y 250 mg/l. Las curvas de crecimiento mostraron que la presencia de las 6 moléculas con actividad a concentraciones equivalentes a su CMI y concentraciones subinhibitorias (un medio y un cuarto de su CMI) producía una reducción del crecimiento en *S. aureus* ATCC 25923. Se realizaron curvas de tiempo muerte con dos moléculas seleccionadas. Una molécula no mostró ningún efecto sobre la supervivencia de *S. aureus* ATCC 25923; la otra molécula mostró un efecto bacteriostático sobre *S. aureus* ATCC 29213. Este efecto se confirmó en los ensayos de producción de ATP.

CONCLUSIONES:

La búsqueda de nuevas propiedades antimicrobianas de moléculas conocidas mediante topología molecular es una herramienta potencial para el desarrollo de nuevos fármacos. Una de las moléculas ensayadas mostró actividad antimicrobiana frente a cocos Gram-positivos, aunque presentó valores de CMI elevados. Son necesarios nuevos estudios, in vitro e in vivo, así como determinar la toxicidad de dicha molécula para valorar la utilidad de estos resultados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 163

INACTIVACIÓN DEL SISTEMA SOS EN ESCHERICHIA COLI RESISTENTE A QUINOLONAS: PRODUCCIÓN DE ATP E INTEGRIDAD DE MEMBRANA REDUCIDA

Autor/a/s: RONCERO GARCÍA, YOLANDA; RAMOS GUELFO, MARÍA SALUD; PÉREZ NAVARRO, ELISABET; ORTIZ ARIZA; ESTEFANÍA; RODRÍGUEZ MARTÍNEZ, JOSE MAUEL.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: yolanda2323@hotmail.com

RESUMEN:

Antecedentes: El sistema SOS se ha postulado como diana por su posible impacto tanto en la resistencia a quinolonas como en la aparición de mutantes resistentes.

El objetivo de este estudio fue evaluar el impacto del sistema SOS en la supresión de resistencia en una colección de cepas de *Escherichia coli* isogénicas resistentes a quinolonas utilizando técnicas bioquímicas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se utilizaron seis cepas isogénicas: ATCC 25922 (cepa silvestre),

EC02 (ATCC 25922 GyrA Ser83Leu), EC04 (EC02 ParC Ser80Arg), EC08 (EC04 GyrA Asp87Asn), EC09 (EC08 DõmarR) y EC59 (EC09 pBK-qnrS1).

Para desactivar el sistema SOS, recA fue inactivado en todas las cepas y lexA fue reemplazado por lexA1 (silvestre, EC04 y EC09). Las concentraciones de ciprofloxacino ensayadas fueron: 1 mg/l (breakpoint para susceptibilidad reducida), 2,5 mg/l (Cmax del suero humano), 1xCMI para cada grupo isogénico (sistema SOS activado/desactivado) y 0,5xCMI del silvestre en el sistema SOS para cada grupo isogénico.

La actividad metabólica y la viabilidad se ensayaron usando el Ensayo de Viabilidad Celular Microbiana de BacTiter-Glo Luminescente (Promega) (producción de ATP) y el Kit de Viabilidad Bacteriana LIVE/DEAD® BacLight™ (Life Technologies) (integridad de membrana), respectivamente. Además se utilizó microscopía de fluorescencia y un vector con una fusión transcripcional fluorescente recA.

RESULTADOS:

la fusión recA evidenció la falta de activación del sistema SOS en mutantes Δ recA o lexA1 (al menos 10 veces inferior en comparación con el sistema SOS silvestre). La inactivación del SOS produjo una clara reducción en la producción de ATP (aproximadamente 100 veces después de 24 horas) en todas las condiciones ensayadas. La monitorización de la viabilidad de las poblaciones bacterianas en función de la integridad de la membrana de la célula mostró una clara reducción (hasta 95 veces después de 4 horas de exposición antimicrobiana) en bacterias supervivientes cuando el sistema SOS fue inactivado. Estos datos fueron evidenciados por microscopía de fluorescencia.

CONCLUSIONES:

Este trabajo mostró la sensibilización de *E. coli* resistente a quinolonas (incluyendo cepas de baja y alta resistencia) al inactivar los genes recA o lexA. Esta estrategia podría tener un papel potencial como adyuvante del tratamiento antimicrobiano.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 164

PRINCIPALES MICROORGANISMOS AISLADOS EN ORINAS DE PERROS Y GATOS Y SUS RESISTENCIAS ANTIMICROBIANAS

Autor/a/s: Torres Velardo Almudena, Varela Fernández Elisa, Gil Molino María

Centro de trabajo: Hospital Clínico Veterinario de la Universidad de Extremadura

Localidad: Cáceres

Correo electrónico del primer firmante: almudenatv@unex.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los animales, al igual que sucede con las personas, son susceptibles a sufrir infecciones urinarias y ésta es una de las patologías más frecuentes encontradas en la clínica de pequeños animales. Es importante tratar esta enfermedad rápidamente para prevenir que esta infección se complique y pase a otros órganos, además de proporcionarle un alivio al animal. Para ello es fundamental el análisis de orina mediante múltiples estudios: tira reactiva, sedimento de orina, análisis fisicoquímico o análisis microbiológico. La realización del urocultivo nos permitirá identificar que bacteria está implicada, además de realizar un antibiograma específico del agente implicado, que nos proporcionará el antibiótico más adecuado para su posterior tratamiento.

OBJETIVOS:

Determinar los tipos de microorganismos presentes en muestras de orina canina y felina, su frecuencia de aparición, así como los patrones de resistencia antimicrobiana en dichos patógenos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En la Unidad de Patología Infecciosa del Hospital Clínico Veterinario de Cáceres se analizaron un total de 106 muestras de orina correspondientes al año 2016. Estas muestras pertenecían a 83 perros y 23

gatos atendidos en las consultas del Hospital. Las muestras se sembraron en medios de cultivos no selectivos (Agar Sangre), y selectivos y diferenciales como Agar MacConkey, incubándose 24-48h/37°C en condiciones de aerobiosis. A las colonias de los cultivos en lo que hubo crecimiento bacteriano, se les realizaron diferentes técnicas (tinción de Gram, Catalasa y Oxidasa). A todos los microorganismos aislados se les realizó un antibiograma, para ello se utilizó la metodología de difusión de discos en Agar recomendada por la NCCLS de los EEUU (M100-S21), testándose diversos antibióticos de distintos grupos.

RESULTADOS:

De un total de 106 muestras, 83 eran pertenecientes a canidos y 23 a felinos, registrándose un crecimiento bacteriano en el 37% y 30% de los casos respectivamente. En ambos casos, las hembras presentaron un mayor porcentaje de infección que los machos, apareciendo en un 44% y 33% del total de hembras analizadas de la especie canina y felina respectivamente. Los microorganismos aislados con mayor frecuencia en perros fueron: *E.coli* (47%); *Staphylococcus* sp. y *Pseudomona* sp (12.5%); *Streptococcus* sp. y *Proteus* sp. (9.4%); *Corynebacterium* sp., *Klebsiella* sp. y *Candida* sp. (3.1%). En cuanto a los gatos, el patógeno predominante vuelve a ser *E.coli* (57%), seguido de *Pseudomona* sp, *Corynebacterium* sp. y *Staphylococcus* sp. (14.3%). Respecto a las resistencias antimicrobianas encontradas, el mayor porcentaje se encontró en Cefotaxima (66%), seguido de la Amoxicilina-clavulánico (44%), Sulfa-trimetoprim (42%), Gentamicina (28%), Ciprofloxacina (24%). Ninguna resistencia fue encontrada frente a Nitrofurantoina. En el 13% de los animales a los que le realizó el antibiograma presentaron multiresistencias.

CONCLUSIÓN:

El análisis de orina nos muestra las consecuencias de una posible infección urinaria (leucocitos, hematuria, densidad, etc), mientras que solamente el urocultivo es capaz de identificar el germen que causa la infección. En cuanto a los resultados obtenidos, se ha comprobado que las hembras son más propensas a padecer este tipo de infecciones debido a la propia anatomía de la uretra. En cuanto al germen con mayor incidencia encontrado también en ambas especies fue *E.coli*. Se ha observado la importancia de la realización de antibiogramas de los patógenos aislados por sus múltiples resistencias encontradas, siendo de gran importancia a la hora de aplicar un correcto tratamiento al animal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 165

MICROORGANISMOS AISLADOS EN EXUDADOS ÓTICOS, HOSPITAL VIRGEN DE LA VICTORIA 2016.

Autor/a/s: Morales Ibáñez María Encarnación, González Rosa Manuel, Márquez Salazar Rafael.

Centro de trabajo: H.C.U. VIRGEN DE LA VICTORIA.

Localidad: MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: memimorales78@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección del conducto auditivo externo (otitis externa) es similar a una infección de la piel y los tejidos blandos en cualquier otra parte del organismo. Generalmente está causada por humedad excesiva que permite a las bacterias multiplicarse en el canal auditivo, dando lugar a maceración e inflamación. También puede ser causada por limpiarse o rascarse la oreja y por problemas de la piel como la psoriasis o exemas. La otitis externa la pueden provocar diferentes tipos de gérmenes (bacterias y hongos). En condiciones de piel íntegra, no humedad y temperaturas normales, los gérmenes permanecen en la piel sin producir problemas. Sin embargo, en verano, al aumentar la temperatura y la humedad, junto con la frecuencia de baños en piscinas y playas, aumentan también las condiciones óptimas para la infección. El exudado ótico es el tipo de muestra que generalmente llega al laboratorio para un cultivo y posterior diagnóstico de una infección ótica.

OBJETIVOS:

Detectar los microorganismos más frecuentes causantes de otitis externa en nuestro hospital y su distribución a lo largo del año 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se toma la muestra utilizando una torunda estéril, rotándola suavemente por el canal del oído externo e introduciéndola en un medio de transporte Stuart. En el laboratorio, cada muestra se siembra en placas de los siguientes medios de cultivo: Agar sangre, Agar chocolate, Mackonkey y Sabouraud. La técnica se realiza frotando la torunda por 1/3 de la placa de siembra y estriando posteriormente con asa estéril, quedando la placa sembrada en 4 cuadrantes. Las placas de Agar sangre y chocolate se incuban durante 48 horas a 35°C en atmósfera de CO₂, la placa de Mckonkey durante 48 horas a 35°C y la placa Sabouraud también a 35°C pero su incubación es de 5 días. Para la identificación y sensibilidad utilizamos el sistema automatizado Walk-Away (siemens), usando los paneles Pc31, Pc32, Nc53 y Nc54.

RESULTADOS:

De los 641 pacientes del estudio, 240 cultivos han resultado ser negativos (37,44%) y 401 positivos (62,55%). *Pseudomonas aeruginosa* es el germen más aislado con 96 casos (23,94%), seguido de *Cándida* sp. con 87 (21,69%), *Staphylococcus aureus* con 85 (21,19%), *Haemophilus influenzae* con 18 (4.48%), *Streptococcus pyogenes* con 12 (2.99%), *Pseudomonas putida* con 8 (1.99%) y el 23,69% restante corresponde a otros microorganismos minoritarios causantes de infección. En los meses de verano aumentan los aislamientos de los tres primeros microorganismos mencionados anteriormente en un 43,75%, un 34,4% y un 36,4% respectivamente.

CONCLUSIÓN:

Los principales agentes infecciosos causantes de la otitis externa tienen un aumento considerable en los meses de julio, agosto y septiembre, confirmando que la temperatura y la humedad son factores determinantes en las infecciones de otitis externas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 171

RENTABILIDAD EN LA IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS POR EL SISTEMA MALDI-TOF

Autor/a/s: A. M GUERRERO CRESPILO, R. MÁRQUEZ SALAZAR, C. GARCÍA PÉREZ

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA VICTORIA

Localidad: MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: aguecres75@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La espectrometría de masas (EM) es una técnica de análisis que permite caracterizar la identificación de una molécula mediante la medición de su masa en relación a su carga (relación masa/carga), así como la de los fragmentos generados a partir de ella. El resultado es un espectro de masas; un gráfico en el que se representan los fragmentos obtenidos por orden creciente de masas. La identificación se realiza a través de la comparación del resultado de una bacteria con todos los espectros de masas que contiene el archivo comercial proporcionado por el fabricante.

OBJETIVO:

Evaluar los resultados de las identificaciones bacterianas obtenidas con espectrometría de masas (MALDI-TOF, Bruker) comparando dos métodos, la transferencia directa a partir de los subcultivos de hemocultivos positivos y extracción directa del frasco.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron un total de 51 hemocultivos positivos detectados por el sistema automatizado Bactec FX en los que la tinción de Gram mostrase cocos grampositivos, bacilos gramnegativos o levaduras. Se procesaron mediante ambos métodos:

1. Extracción directa del frasco de hemocultivo:

- Extraer 4 ml de sangre del frasco de hemocultivo positivo
- Centrifugar durante 10 minutos a 700 rpm
- Pasar el sobrenadante a un tubo nuevo y centrifugar durante 15 minutos a 6.000 rpm
- Desechar el sobrenadante y resuspender el sedimento con 1ml de H₂O HPLC
- Transferir a un tubo eppendorf y centrifugar 15 minutos a 6.000 rpm
- Eliminar el sobrenadante con pipeta automática
- Analizar el sedimento

2. Transferencia directa del subcultivo tras cuatro horas de incubación de los medios de cultivo en sus atmósferas adecuadas.

RESULTADOS:

Los 51 microorganismos identificados fueron: enterobacterias (16), BGNNF (4), Staphylococcus spp (13), Streptococcus spp (7), Enterococcus spp (7), anaerobios (1), Candida spp (2).

El 98% de identificaciones se correlacionaron con los resultados por métodos convencionales, excepto 1 (K. varicola por MALDI-TOF y K. pneumoniae por WalkAway MicroScan).

La extracción identificó el 43,1% de los microorganismos y en el 74,5% de los casos con el subcultivo y el 21,6% de los casos no se identificaron por ningún método. La identificación por grupo de microorganismos se recoge en la tabla 1.

Tabla 1. Identificación mediante dos métodos por MALDI-TOF

Microorganismos	Extracción frasco	Subcultivo
BGN (21)	80,9%	85,7%
CGP (27)	18,5%	70,3%
Anaerobios (1)	0	100%
Levaduras (2)	0	0

De los no identificados por extracción, un 62% se identificó mediante subcultivo (enterobacterias (2), anaerobios (1) y cocos grampositivos (15)).

El 100% de las enterobacterias se identificaron mediante subcultivo y con la extracción solamente el 87,5%. En el caso de Staphylococcus spp. el 61,5% se identificaron mediante subcultivo y solamente el 15,4% por extracción.

CONCLUSIÓN:

En nuestro medio el método más adecuado para la identificación rápida de microorganismos a partir del hemocultivo ha sido el subcultivo, tanto para enterobacterias (100%) como para Staphylococcus spp. (61,5%).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 173

PREVALENCIA DE GRIPE EN LOS DOS ÚLTIMOS AÑOS

Autor/a/s: A. M GUERRERO CRESPILO, R. MÁRQUEZ SALAZAR, M. GONZÁLEZ ROSA

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA VICTORIA

Localidad: MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: aguecres75@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La gripe representa un importante problema de salud pública. Las epidemias estacionales de gripe se relacionan con altas tasas de hospitalización y mortalidad en poblaciones de alto riesgo, además de ejercer gran presión sobre los servicios de salud y tener importantes repercusiones económicas. Es imprescindible una adecuada vigilancia epidemiológica de la enfermedad que permita detectar y caracterizar los virus circulantes.

OBJETIVOS:

Conocer la incidencia de infección por gripe en nuestro medio así como la prevalencia durante los años 2015 y 2016 en el Hospital Virgen de la Victoria de Málaga.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio ha incluido todas las muestras respiratorias remitidas a nuestro Servicio para detección de virus gripales. La técnica realizada fue mediante PCR múltiple a tiempo real que detecta Virus influenza A, influenza B y Virus Respiratorio Sincitial (VRS). Las muestras estudiadas fueron exudados nasofaríngeos y aspirados bronquiales de pacientes con criterios clínicos de gripe durante los años 2015-2016.

RESULTADOS:

Se realizaron 272 determinaciones durante el año 2015, siendo positivas 69 25,4% para los virus gripales. El 58% de los casos fue gripe A. El 32% de los positivos fue origen hospitalario y 68% de urgencias. La mayoría eran hombres 54,6% y 45,4% mujeres. El 66,7% eran pacientes mayores a 60 años 66,7% y el 33,3% menores a 60 años. El 85% de los casos sucedieron en febrero, 7,2% en enero y el 5,8% en marzo y la prevalencia 13,2/100.000, 1.1/100.000 y 0.9/100.000 casos respectivamente.

En el año 2016 procesamos 770 muestras siendo positivas 232 (30.1%), mujeres un (49%) y hombres (51%). El 78,8% de los casos fue gripe A. El 21,5% de origen hospitalario y 78,5% del área de urgencias. El 57,3% menores de 60 años, 42,7% en mayores a 60 años. El 59% de los casos en marzo, 25% en Abril, 6% Febrero 2.1% en Enero y la prevalencia 31,1/100.000 habitantes 13,2/100.000, 3,2/100.000 habitantes y 1,1/100.000 habitantes respectivamente.

Se detectó VRS en 6 pacientes en 2015 (2.2%) y 13 en 2016 (1.7%).

CONCLUSIONES:

La gripe más frecuente en nuestro medio durante el período 2015-2016 ha sido la A y el pico epidémico en 2015, fue en Febrero, con una incidencia 13,2/100.000 habitantes, sin embargo, en 2016 el pico epidémico se desplazó al mes de Marzo, aumentando más del doble su incidencia 31,1/100.000/ habitantes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 185

CAMPYLOBACTER JEJUNI Y RESISTENCIA A MACRÓLIDOS

Autor/a/s: Rabaza Garrido, Núria; Bernadó Cardús, Eva; Pérez Jové, Josefa; Rubio Casino, Rosa; Padilla Esteban, Emma

Centro de trabajo: CATLAB

Localidad: Viladecavalls

Correo electrónico del primer firmante: nuria.rabaza@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La campylobacteriosis es la zoonosis más frecuente en Europa. Se puede transmitir a las personas a través del contacto directo con animales o por el consumo de alimentos y agua contaminados. La principal especie de Campylobacter spp asociada a gastroenteritis es C. jejuni. La principal vía de transmisión de C. jejuni es la carne de pollo. En general la infección cursa con dolor abdominal, diarrea y fiebre. El periodo de incubación va de 1 a 10 días, con una duración media de 3 a 4 días. En la mayoría de los casos la curación es espontánea, pero puede crear complicaciones especialmente en personas vulnerables (inmunodeprimidos, gente mayor o niños de corta edad), como la artritis reactiva y otras más graves como sepsis, colecistitis, peritonitis, apendicitis, etc. y en un 1% de los casos cursa con secuelas crónicas como el síndrome de Guillen-Barré. El tratamiento de elección es un macrólido, y, a pesar de que no deben tratarse, la tendencia es a hacerlo. La introducción en el mercado de la azitromicina, ha facilitado la adhesión al tratamiento antibiótico dado la facilidad de su posología, pero también ha favorecido su uso indiscriminado, por lo que la preocupación por la aparición de cepas resistentes ha ido en aumento.

OBJETIVO:

Analizar la incidencia de gastroenteritis por Campylobacter sp. en los últimos años, en una área de Barcelona que abarca unos 900.000 habitantes (Vallés Occidental). Observar la evolución de la resistencia de Campylobacter sp. a eritromicina.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron retrospectivamente los aislados de *Campylobacter* en muestras de heces, provenientes en un 90% del ámbito de la atención primaria, desde el año 2009 hasta el 2016, tanto en el número de aislados, como en su sensibilidad antibiótica.

Las heces remitidas al laboratorio para estudio de *Campylobacter*, se siembran en medio selectivo, se incuban a 42°C en atmósfera microaerofílica, durante 48 horas. La identificación del microorganismo se realizó mediante observación de la morfología con tinción de Gram e hipurato para especie de *C. jejuni*. El antibiograma se realizó mediante disco difusión; eritromicina, ciprofloxacino y amoxicilina/clavulánico (AMC), fueron los antibióticos testados, valorando sensibilidad según normas CLSI hasta 2012 y EUCAST posteriormente.

RESULTADOS:

En el año 2009 se aislaron un total de 580 cepas de 9753 coprocultivos solicitados, la tasa de incidencia (TI) fue 7,34%; 694/9452 en 2010 (TI=7,34%); 647/8834 en 2011 (TI=7,32%); 667/8635 en 2012 (TI=7,7%); 681/8995 en 2013 (TI=7,57%); 638/9120 en 2014 (TI=6,99%); 726/9888 en 2015 (TI=7,34%) y 836/9997 en 2016 (TI=8,36%). Un 70% de media eran pacientes pediátricos, siendo más frecuente en niños de 0-4 años.

Respecto a la sensibilidad a la eritromicina, se observó un 5% de cepas de *Campylobacter* resistente en 2009 y un 3% en el 2016, no detectándose grandes variaciones en el resto de años observados. La resistencia a ciprofloxacino varió entre un 92% y un 95%. La resistencia a amoxicilina/ácido clavulánico se encuentra entre un 1-5%.

CONCLUSIONES:

La presencia de *C. jejuni* se ha mantenido alta y sin cambios, entre los años 2009 y 2014. Sin embargo, se observa una ligera tendencia al aumento desde 2015.

Esta alta presencia de *C. jejuni* podría relacionarse con el alto porcentaje de este microorganismo en granjas de pollos (44-75%) y en canales (86%), según un estudio realizado por la Agencia de Salud Pública de Catalunya (2014).

Alta tasa de resistencia a ciprofloxacino, ya conocida, que imposibilita su uso como tratamiento empírico en casos de gastroenteritis aguda por *Campylobacter* resistente a macrólidos.

A pesar del uso extendido de la azitromicina, para tratar diferentes procesos infecciosos (respiratorios, infecciones de transmisión sexual, etc.) no se evidencia un aumento de la resistencia en *Campylobacter* sp.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 186

AISLAMIENTO DE CITOMEGALOVIRUS Y VIRUS HERPES SIMPLE EN LAVADOS BRONCOALVEOLARES.

Autor/a/s: Ruiz Pérez María Josefa, Algar Romero Ana Isabel, Duro Olivas Yolanda, Vega Vargas María Concepción, Torres Carrasco Elena.

Centro de trabajo: Hospital Virgen de las Nieves

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: cotton.2000@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El citomegalovirus (CMV) y el virus del herpes simple (VHS) son virus ubicuos que permanecen latentes después de la primoinfección. Pueden causar infección en las vías respiratorias bajas, tanto en pacientes inmunodeprimidos como inmunocompetentes.

OBJETIVO:

Estudiar el número de aislamientos por CMV y VHS en muestras de lavado broncoalveolar (LBA) en pacientes con infiltrados broncopulmonares difusos o mucosa broncoalveolar alterada.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Desde septiembre de 2008 a diciembre de 2015 se han estudiado

465 muestras de LBA de pacientes ingresados en UCI, pacientes inmunodeprimidos (VIH, oncológicos y hematológicos) y pacientes con EPOC. El método empleado fue el cultivo centrifugación (shell-vial) con monocapa de células MRC-5 (fibroblastos de pulmón fetal). Previamente a la inoculación de las muestras en los cultivos celulares, éstas se homogeneizaron y se descontaminaron con una mezcla de antibióticos (penicilina, estreptomina y anfotericina B). Tras un periodo de incubación de 24-48h a 37°C y humedad del 95%, las monocapas celulares se fijaron con metanol (acetona para VHS) durante 10 min. La monocapa se visualizó mediante IFD, empleando anticuerpos monoclonales específicos (Vircell SL).

RESULTADOS:

Se hallaron 403 muestras negativas y 62 positivas (13.3%). El CMV se aisló más frecuentemente en pacientes VIH+ (25%), asociado a infección por *Pneumocystis jirovecii*. Se diagnosticaron 3 casos de broncoespasmos persistentes por VHS en pacientes con EPOC y disnea que requirieron ingreso en UCI. Tras iniciar tratamiento con aciclovir estos pacientes evolucionaron favorablemente.

CONCLUSIONES:

El aislamiento de CMV y VHS en vías respiratorias bajas debe interpretarse con cautela. Puede deberse a contaminación con la flora oral, colonización o infección pulmonar. La infección debe sospecharse en pacientes inmunodeprimidos y en los ingresados en UCI con ventilación mecánica >48h. El VHS puede causar broncoespasmos en algunos pacientes con EPOC.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 187

LA ESPECTROMETRÍA DE MASAS APLICADA AL LABORATORIO CLÍNICO

Autor/a/s: Bernadó Cardús, Eva; Rabaza Garrido, Núria; Pérez Jové, Josefa; Rubio Casino, Rosa; Padilla Esteban, Emma

Centro de trabajo: CATLAB

Localidad: Viladecavalls

Correo electrónico del primer firmante: e.bernado@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Una identificación correcta y rápida de las bacterias es esencial para un diagnóstico y un tratamiento adecuado de los pacientes con infecciones. Hasta hace pocos años se utilizaban pruebas bioquímicas, pero las principales limitaciones de estos métodos son el tiempo necesario para su realización y la dificultad para diferenciar microorganismos poco reactivos, muy parecidos entre ellos o de difícil crecimiento. En la última década se ha producido una gran revolución en los laboratorios de microbiología clínica gracias a la espectrometría de masas mediante la técnica de MALDI-TOF (matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight). Su uso se ha extendido enormemente. Este nuevo método supone una magnífica herramienta para la innovación no solamente desde el punto de vista tecnológico, sino también de los procesos en los que se integra, que redundan en una reducción de los tiempos de respuesta y añade valor a los resultados microbiológicos por el claro beneficio clínico derivado de su implantación.

OBJETIVO:

La descripción de la implantación del MALDI-TOF como primera línea de identificación en un laboratorio de Microbiología Clínica, en Cataluña.

MATERIALES Y MÉTODOS:

En agosto de 2016 se implantó el sistema VITEK-MS (Biomérieux) como método primario de identificación de los aislados microbianos (bacterias y levaduras) generados en la lectura de los cultivos microbiológicos clínicos. El sistema VITEK-MS está integrado en un software de gestión de datos, llamado MYLA. El Sistema Informático de Laboratorio (SIL) y el sistema automatizado de antibiogramas (VITEK 2 Compact, Biomérieux) también están conectados online con

MYLA. De tal forma que los datos generados por VITEK-MS y VITEK 2 Compact se integran en MYLA para generar un informe único con identificación y antibiograma, que es visible en el SIL.

A los aislados no identificados por VITEK-MS, se les realiza otro sistema de identificación alternativo.

RESULTADOS:

Desde agosto de 2016 a diciembre de 2016 se han realizado 8628 identificaciones por VITEK-MS. Una media de 57 identificaciones/día. En un 3,5 % (2 aislados/día) no se consiguió identificación y se utilizó otro sistema.

La carga de trabajo diaria, supone 30 minutos de trabajo técnico y 2 horas de lectura por VITEK-MS.

CONCLUSIONES:

Disminución de la carga de trabajo técnico, permitiendo la realización de otras actividades dentro del laboratorio.

Rapidez en la identificación de los microorganismos, que permite optimizar el tiempo de respuesta.

Identificación de microorganismos de difícil filiación.

Esta técnica requiere personal formado.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 190

ESTUDIO COMPARATIVO DEL CULTIVO CONVENCIONAL Y UNA PCR MÚLTIPLE PARA LA DETECCIÓN DE NEISSERIA GONORRHOEAE EN MUESTRAS DE ORINA Y EXUDADOS URETRALES MASCULINOS

Autor/a/s: SANCHEZ ARAUJO MARTINA; TEMPLADO BARROSO AMPARO JUSTA; RIESGO ÁLVAREZ ÁNGELA EMMA; ABREU SALINAS FÁTIMA; AN-TOMIL ANTUÑA NATALIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS (HUCA)

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: masara6@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Neisseria gonorrhoeae es un diplococo Gram negativo, no móvil, oxidasa positivo, muy susceptible a los cambios ambientales que no sobrevive por largos periodos fuera del huésped. Es muy exigente a nivel nutricional y requiere medios enriquecidos para su aislamiento e identificación. Debido a la importancia diagnóstica de la infección gonocócica es importante establecer un método diagnóstico preciso.

OBJETIVOS:

Comparar la detección de *Neisseria gonorrhoeae* mediante cultivo convencional, con la detección genómica de PCR en muestras recibidas de enero a diciembre de 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante el periodo comprendido del 1 de enero al 31 de diciembre de 2016, se revisaron los cultivos de muestras uretrales masculinas y las detecciones genómicas mediante PCR de muestras uretrales y orina de los mismos pacientes. Se evaluaron los resultados de 223 muestras de un total de 962 muestras de pacientes varones pertenecientes al área IV del Principado de Asturias. Las muestras fueron cultivadas en placas agar Thayer Martin de 48-72 horas en atmósfera de CO₂, y, además, se realizó una PCR múltiple Anyplex II-STI-7 de Seegene, específica para su detección. Todas las muestras positivas por PCR fueron confirmadas por Xpert CT/NG de Cepheid.

RESULTADOS:

Del total de 223 muestras, solo un 1.34% de los resultados presentaron disparidad; identificando mediante PCR un 100% de las infecciones gonocócicas.

	PCR+	PCR-	TOTAL
CULTIVO +	24	0	24
CULTIVO -	3	196	199
	27	196	223

CONCLUSIONES:

Según los datos obtenidos en este estudio, la detección de *Neisseria gonorrhoeae* fue superior mediante PCR lo que confirma la fragilidad del microorganismo debido a sus exigencias nutricionales.

El método PCR ofrece un resultado rápido y fiable.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 191

INCIDENCIA DE LA INFECCIÓN POR VIRUS SINCICIAL RESPIRATORIO EN EL HOSPITAL SAN AGUSTIN DE LINARES. TEMPORADA 2014-2015 Y 2015-2016

Autor/a/s: Martínez Palacios Gregorio, Martínez Balbín Elena, Gallardo Godoy Antonia, Balbín Aranega María Catalina, Castillo López María, Cantudo Muñoz Purificación, Gonzalez Gallardo Ana.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN AGUSTIN

Localidad: LINARES

Correo electrónico del primer firmante: grmapa001@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Virus Sincicial Respiratorio (VSR) (virus perteneciente a la familia Paramyxoviridae y subfamilia Pneumoviridae) es una de las causas más importantes de reacciones respiratorias agudas (IRA) y principal problema de salud, especialmente en niños entre 0 y 4 años (los de mayor riesgo), de ellos los lactantes son los más vulnerables.

OBJETIVOS:

Evaluar la frecuencia de infección, conocer la distribución estacional durante estos dos periodos 01/10/2014 a 31/05/2015 y 01/10/2015 a 31/05/2016 en nuestro medio así como la incidencia por sexo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Recibimos 191 peticiones de RSV en aspirados nasofaríngeos, pertenecientes a niños entre 0 y 4 años con patología respiratoria.

Para la determinación utilizamos el test rápido Infectcheck RSV (con-cilé).

Es un test inmunocromatográfico para la detección cualitativa de antígenos RSV.

RESULTADOS:

Hemos evaluado dos periodos: 1º del 01/10/2014 a 31/05/2015 en el que recibimos 99 peticiones de las cuales 42 (42.4%) fueron positivos. En el 2º periodo 01/10/2015 a 31/05/2016 recibimos 92 peticiones siendo positivos 34 (37%).

El total de resultados positivos en los dos periodos 76 (40%).

En cuanto al porcentaje por sexos en mujeres 35(46%) y en hombres 41 (54%).

	01/10/2014 a 31/05/2015	01/10/2015 a 31/05/2016
Diciembre	05 (12%)	06 (17,6%)
Enero	15 (35,7%)	08 (23,5%)
Febrero	07 (16,6%)	09 (26,5%)
Marzo	13 (31%)	06 (17,6%)
Abril	02 (4,7%)	05 (14,7%)

De Junio a Octubre no recibimos peticiones, en Noviembre y Mayo no hubo resultados positivos.

CONCLUSIONES:

En base a nuestros datos concluimos que la distribución de los casos de infección por RSV es estacional principalmente desde Diciembre a Abril.

Que en 2015 hubo mayor incidencia que en 2016, que en Enero de 2015 fue el año de mayor número de casos 35,7%.

Esto nos permite anticipar y prever la carga de trabajo a la hora de planificar el personal y disponibilidad de reactivos.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 194

IDENTIFICACIÓN RÁPIDA Y ANTIBIOGRAMA DE HEMOCULTIVOS POSITIVOS EMPLEANDO MALDI-TOF MS MICROFLEX BRUKER Y VITEK-2

Autor/a/s: Figuerao Lamas, Pilar ; Prieto González, M^a Trinidad

Centro de trabajo: Hospital Álvaro Cunqueiro

Localidad: Vigo

Correo electrónico del primer firmante: pilarfiguea@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La identificación y el antibiograma constituyen la base del tratamiento óptimo de las bacteriemias, y su pronta determinación supone una mejora del pronóstico de las mismas; especialmente en las sepsis.

OBJETIVOS:

Determinar el tiempo óptimo de incubación necesario que permita la traslación eficiente de la identificación y antibiograma bacterianos a la clínica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante un período de seis meses, hemos estudiado los hemocultivos inoculados en el sistema Bactec (Becton Dickinson) .

Todos los hemocultivos positivos que se consideraron significativos después de haber visto el Gram, fueron subcultivados siguiendo el protocolo estándar del laboratorio incubando, en unos casos, las placas de agar chocolate a 37°, durante 2, 3 y 4 horas respectivamente, y en otros se procesaron de forma directa empleando el sistema de extracción Maldi septityper kit 50 siguiendo las recomendaciones del fabricante.

En todos los casos, los ensayos se identificaron por duplicado en un MALDI-TOF MS (Bruker) Microflex LT versión MBT Compass, y los antibiogramas se realizaron en el sistema Vitek 2 (Biomérieux) siguiendo, en cada caso, las instrucciones del fabricante.

RESULTADOS:

Se han estudiado un total de 508 muestras, de las cuales 25 no han sido válidas para el estudio ya que en algunos casos había crecimiento de varios gérmenes, y en otros se consideraron contaminantes.

Incubación de bacilos Gram negativos durante 2 horas (N=98), 3 horas (N=91) y extracción directa (N=62).

Incubación de cocos y bacilos Gram positivos durante 3 horas (N=90), 4 horas (N=91) y extracción directa (N=51).

Bacilos Gram-Negativos identificados a las 2 horas/3 horas/HD en (%) con un valor ≥ 2 : E. coli 65/96/90, K. Pneumoniae 68/77/60, otras enterobacterias 53/100/50, P.aeruginosa 25/75/0. En el total de Gram-negativos estudiados los resultados fueron 59/90/62. Si las puntuaciones aceptadas para la identificación se reducen a $\geq 1,8$ los resultados globales fueron 76/96/83. El tiempo medio en horas para obtener resultados interpretados en el antibiograma fue de 9/10/9 para cada subcultivo a 2/3 horas y HD.

Cocos y bacilos Gram-positivos identificados a las 3 horas/4 horas/HD en (%) con un valor ≥ 2 : S. aureus 88/83/25, S. epidermidis 5/6/0, otros Staphylococcus coagulasa negativos 5/9/27, S. pneumoniae 100/75/0, Streptococcus spp 57/25/0, Enterococcus spp 83/66/41, otros Gram-positivos 16/0/0. En el total de Gram-positivos estudiados los resultados fueron 40/26/21. Si las puntuaciones aceptadas para la identificación se reduce a $\geq 1,8$ los resultados globales fueron 57/49/43. El tiempo medio en horas para obtener resultados interpretados en el antibiograma fue de 10/13/10 para cada subcultivo a 2/3 horas y HD

CONCLUSIONES:

1- La identificación de especies bacterianas empleando MALDI-TOF MS Microflex (Bruker) puede realizarse a partir de los subcultivos de hemocultivos positivos tras una incubación de 3 horas.

2- En bacilos Gram-negativos fue posible identificar el 90% de los aislamientos a nivel de especie empleando una puntuación de lectura ≥ 2 y el 96% empleando $\geq 1,8$.

3- En Gram-positivos los mejores resultados se obtuvieron en S. aureus (88%), S. pneumoniae (100%), E. faecalis y E. faecium (83%).

4 -La técnica de extracción directa es eficaz para la identificación de bacterias Gram negativas . En el caso de los microorganismos Gram positivos se mostró menos resolutivo; otro inconveniente que presentó fue la laboriosidad y el tiempo que requiere su preparación.

5- El tiempo medio para obtener un antibiograma interpretado se reduce en más de 24 horas.

6- Implantando esta metodología es posible obtener la identificación de género y especie en 3 horas y el antibiograma en una media de 10 horas desde que el hemocultivo es positivo.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 202

DIFERENCIAS EN LOS PRIMEROS MESES DE LAS DOS ÚLTIMAS TEMPORADAS DE VIGILANCIA DE LA GRIPE Y VIRUS RESPIRATORIOS (2015-2016 Y 2016-2017)

Autor/a/s: María Jose Junquera González, María Elena Iglesias Alas, María Jose Ménéndez Díaz, Roberto Prada Pacho, Amparo Justa Templado Barroso.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: Junquera.mj@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Aunque la finalidad de la Vigilancia de la Gripe es detectar el conocimiento de la onda epidémica e identificar las cepas circulantes, tiene el valor añadido de diagnosticar infecciones por otros virus respiratorios que son frecuentes y causan una elevada morbilidad.

OBJETIVOS:

Comparar los cuatro primeros meses de las 2 últimas temporadas de Vigilancia de la Gripe y valorar las diferencias encontradas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras recibidas de la Unidad de Virología del HUCA desde septiembre al 7 de enero de las dos últimas temporadas de Vigilancia de la Gripe se muestran en la Tabla 1. Se extrajo el genoma de las muestras (MagnaPure Roche) y se realizaron tres PCR a tiempo Real múltiples:

(Influenza A y B, Virus Respiratorio Sincital; Beta Globina, Adenovirus y Picornavirus; Metapneumovirus, Parainfluenza y Coronavirus). Los resultados positivos se expresaron en copias/ 1000 células teniendo en cuenta las Ct y copias de Betaglobina que tuvieron las muestras (mediante curva estándar realizada previamente el laboratorio. También se realizó un cultivo convencional en células MDCK Y MRC-5.

	Muestra Total	Muestra Niños	Niños edad	Muestras adultos	Adultos edad
2015-2016	1841	1259	1144 2.8±3(0-14)	571	456
2016-2017	4086	2309	2041 3.4±3.4(0-14)	2491	2146 64.5±0(15-100)

RESULTADOS:

En la temporada actual se recibieron significativamente más muestras de adultos (571 vs 2491 p<0.001). En 2015-2016 se detectaron virus en 1231 (66.7%) muestras (1039P/220n en niños, 192P/379N en adultos) y en 2016-2017 fueron positivas 3330 (69.3%) muestras (1763P/546N en niños y 1567P/923N en adultos), aumentando las muestras positivas en adultos (p<0.0001)

Tabla 2: IA y Virus Respiratorios (IB, VRS, Parainfluenzavirus, Coronavirus, Rhinovirus, Enterovirus y Metapneumovirus) detectados entre las semanas 35-1 de las temporadas estudiadas.

Semanas	IA		Resto de Virus Respiratorios	
	NIÑOS	ADULTOS	NIÑOS	ADULTOS
	T1-T2	T1-T2	T1-T2	T1-T2
35		2-7	1-4	
36		7-13	1-7	
37		6-11	2-3	
38	0-1		3-27	1-2
39		13-17	8-3	
40	0-1	36-35	5-23	
41	0-1	26-40	7-14	
42	0-1	36-33	2-8	
43	0-3	0-1	36-36	4-12
44	0-3	0-1	47-37	7-15
45	1-14	0-5	77-47	16-13
46	0-27	0-16	100-78	13-31
47	0-51	0-20	94-91	14-14
48	2-81	0-66	101-78	16-29
49	4-123	0-134	116-111	15-45
50	3-127	0-184	96-95	20-46
51	10-156	0-227	76-97	28-58
52	5-101	2-300	93-84	23-69
1	4-57	0-170	45-79	7-47
Total	29-747	2-1124	1010-1016	190-443

T1: 1 de septiembre de 2015 7 de Enero 2016; T2: 1 de Septiembre de 2016 7 Enero de 2017.

En la temporada actual la IA se detectó antes en los niños, pero en la máxima incidencia en la gripe, su detección fue significativamente mayor en los adultos (527/323 vs 257/266 $p < (0.0001)$). El resto de los virus respiratorios aunque se detectan más frecuentemente en niños también se detectan en un nº elevado de adultos.

CONCLUSIONES:

Esta temporada la demanda de diagnóstico viral aumentó, fundamentalmente en adultos, al adelantarse la circulación de la Gripe. 2. La incidencia de la Gripe y otros Virus Respiratorios es muy alta en otoño-invierno, por lo que realizar más diagnósticos virales en adultos virales evitaría la utilización inadecuada de antibióticos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 207

AISLAMIENTO DE SHEWANELLA ALGAE EN COPROCULTIVO DE PACIENTE CIRRÓTICO

Autor/a/s: INMACULADA CONCEPCIÓN SAMPEDRO DE LA TORRE, MARIA DEL CARMEN LIÉBANA MARTOS, LAURA CAMPAÑA MARTIN, JOSÉ GUTIÉRREZ FERNÁNDEZ

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Granada (H. Virgen de las Nieves)

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: inmasamp@gmail.com

RESUMEN:

Shewanella algae es un bacilo gramnegativo halófilo, que habita en el suelo, animales y en el agua salada y dulce. Este microorganismo puede comportarse como un oportunista en infecciones en el ser humano. Se han descrito infecciones de piel y partes blandas, bacteriemias, etc causadas por este microorganismo.

CASO CLÍNICO:

Paciente de 69 años con cirrosis hepática criptogenética, que ingresa en UCI por un cuadro de enteritis, con fracaso renal oligoanúrico, acidosis metabólica e hiperpotasemia. Tras 48 horas de estancia en UCI pasa a planta en el servicio de Digestivo donde se consigue un buen control del cuadro diarreico. Durante la estancia se solicitó coprocultivo y determinación de toxina A+B de Clostridium difficile que fue positiva. En el coprocultivo se aisló Shewanella algae. El paciente fue tratado con ciprofloxacino y metronidazol con buena respuesta clínica. Fue dado de alta tras 10 días de ingreso hospitalario.

En el coprocultivo S. algae se aisló en cultivo puro tras enriquecimien-

to en medio selenito. Este microorganismo creció como una colonia no fermentadora de la lactosa en medio Hektoen. Para la realización de identificación y antibiograma se utilizó la galería API 20NE, que identificó el aislado como perteneciente al grupo de Shewanella putrefaciens. Para la confirmación de la identificación y el antibiograma se utilizó el sistema automatizado MicroScan Walkaway (Beckman Coulter). El aislamiento resultó bastante inerte, dando positiva las pruebas de nitrato, producción de sulfhídrico y oxidasa, por lo que se identificó como S. putrefaciens/algae. A la identificación definitiva como Shewanella algae se llegó mediante la técnica de Espectrometría de Masas MALDITOF (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization, Bruker Daltonics). En cuanto al antibiograma la cepa resultó sensible a Ampicilina, Cefotaxima, Trimetoprim-Sulfametoxazol y Gentamicina. La colonia de S. algae crece en todos los medios habituales que se utilizan en el aislamiento de enteropatógenos y en medios ricos como agar sangre, así como en medios cromogénicos específicos para aislamiento de uropatógenos.

DISCUSIÓN:

El género Shewanella se encuentra principalmente, en el ambiente marino, por lo que la vía de infección humana más probable es la exposición al agua de mar. Las infecciones por S. algae, en humanos, son poco frecuentes y localizadas principalmente en áreas con climas cálidos. Las infecciones más comunes asociadas a estas bacterias son las de piel y tejidos blandos como úlceras y heridas traumáticas, así como otitis agudas, infecciones óseas u otras de mayor gravedad como meningitis o bacteriemias. Esta bacteria, con frecuencia, se diagnostica como causa de infecciones oportunistas por ejemplo, en pacientes con diálisis peritoneal, tuberculosis o cáncer así como en pacientes con enfermedad hepatoiliar como el caso presentado. Se han descrito también casos de diarrea crónica, sin embargo la mayoría en contextos relacionados con el agua marina.

Aunque los casos de enfermedad causada por S. algae son poco frecuentes en nuestro medio, es importante conocer que esta especie puede ser causante de enfermedad gastrointestinal potencialmente grave en pacientes inmunodeprimidos o con enfermedad hepatoiliar para poder realizar su correcta identificación.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 226

INFECCIÓN POR CHLAMYDIA TRACHOMATIS EN EL HRU DE MÁLAGA EN UN PERIODO DE CUATRO AÑOS 2012-2016

Autor/a/s: Encarnación Álvarez Moreno, Jezabel González Bonilla, Isabel Postigo García)

Centro de trabajo: Hospital Regional de Málaga Carlos de Haya

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: enkarnacion.alvarez@gmail.com

RESUMEN:

OBJETIVOS:

Chlamydia trachomatis (CT) es una de las causas bacterianas más frecuente de enfermedad de transmisión sexual. En las mujeres la infección genital por CT puede producir un elevado número de secuelas entre las que se incluyen enfermedad pélvica inflamatoria, infertilidad y embarazo ectópico. En el hombre produce uretritis, epididimitis, prostatitis, proctocolitis y conjuntivitis.

Nuestro objetivo es evaluar las características epidemiológicas de pacientes atendidos en nuestro hospital desde enero de 2012 hasta octubre de 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante este periodo se analizaron un total de 3738 muestras, correspondientes a 3272 pacientes. Para el diagnóstico se utilizó un sistema de PCR a tiempo real para la detección de CT/NG (Cobas 4800, Roche Diagnostics)

RESULTADOS:

Se recibieron 3738 muestras de ellas 1472 eran Exudados endocervicales, 1375 Exudados uretrales, 438 E. rectal, 350 orinas, 52 E. fa-

ríngenos, 33 E de úlcera genital y 18 líquidos amnióticos.

Durante este periodo fueron positivas 339 muestras (9,06%). El 60,5% de los pacientes eran hombres con una edad media de 29 años ($\pm 9,6$). La distribución por años fue la siguiente:

	2012	2013	2014	2015	2016(9 meses)	Total
NºMuestras	206	784	901	1041	806	3738
Positivas	27 (13,1%)	85 (10,8%)	66 (7,3%)	96 (9,2%)	65 (8%)	339 (9,06%)

las peticiones se realizaron 2621 (70,1%) desde consultas específicas de enfermedades de transmisión sexual (ETS), 635 desde la consulta de Ginecología, 295 desde urgencias, 107 de las consultas de atención primaria y 80 desde la consulta de urología.

CONCLUSIONES:

Las muestras recibidas son con mayor frecuencia pertenecientes a hombres de una edad media de 29 años.

La muestra más enviada fue el E. endocervical, seguido del E. uretral y los pacientes procedían en mayor número de la consulta específica de ETS.

El número de muestras recibida ha ido aumentando a lo largo de los años, aunque el tanto % de positividad se mantiene en torno al 9%.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 229

SEROPREVALENCIA DE ANTICUERPOS FRENTE AL VIRUS DE LA HEPATITIS E EN ADULTOS SANOS EN EL ÁREA DE SALUD DE SALAMANCA

Autor/a/s: Salvador Lorenzo, María Jose, María Domínguez, Bernardina, Blanco del Pozo, Manuela, Corral Vicente, María Soledad

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: majosal19@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El virus de la hepatitis E (VHE), descrito en 1983, se ha asociado durante años a transmisión fecal oral en países con escaso desarrollo sanitario. Posteriormente se ha descrito que, mientras este patrón epidemiológico puede ser correcto para los genotipos 1 y 2, los genotipos 3 y 4 se encuentran en humanos y en ganado porcino, y la transmisión parece seguir un patrón zoonótico. Al tiempo la prevalencia en países occidentales, con alto desarrollo sanitario, es mayor de lo que se venía pensando.

OBJETIVOS:

Determinar mediante este estudio la prevalencia de anticuerpos frente al VHE y la presencia de viremia por VHE en individuos adultos sanos en el Área de Salud de Salamanca.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se determinó la prevalencia de anticuerpos de tipo IgG e IgM frente al VHE en 224 donantes de sangre (59% varones, 41% mujeres), mediante un ELISA en microplaca (DIA. PRO Diagnostic Bioprobes Srl, Milán, Italia). Cuando la IgM fue positiva, se realizó una PCR para comprobar la presencia de viremia. Todos los donantes tenían cifras de transaminasas normales.

RESULTADOS:

Se detectó la presencia de IgG frente al VHE en 32 individuos (14%), 23 pacientes IgG positivos fueron varones (71,9%) y 9 fueron mujeres (28,1%) ($p=0.054$). La IgM fue positiva en sólo 2 pacientes, y la PCR fue negativa en ambos. La mayoría de los donantes estaban en el grupo de edad entre 35 y 45 años (40%). En conjunto, la seroprevalencia aumentó con la edad, desde un 5% en pacientes <35 años, hasta 32,1% en pacientes con 46-55 años.

CONCLUSIONES:

La hepatitis E es una causa importante de hepatitis vírica aguda en países con bajo nivel de desarrollo sanitario, donde causa tanto casos esporádicos con brotes epidémicos. El VHE sería la causa del 3-5% de los casos de hepatitis aguda en Holanda y el Reino Unido, y de alrededor del 10% en Finlandia, Hungría y España. La prevalencia en este estudio ha sido discretamente superior que en estudios anteriores realizados en España, probablemente en relación con la importante actividad de cría de ganado porcino e industria charcutera. La mayor prevalencia en varones y en los grupos de mayor edad sugieren asimismo una asociación con actividades laborales.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 232

IDENTIFICACION RAPIDA DE LEVADURAS Y BACTERIAS A PARTIR DE FRASCOS DE HEMOCULTIVO POSITIVOS MEDIANTE MALDI TOF (VITEK-MS®) PREVIA EXTRACCION DE PROTEINAS

Autor/a/s: MARTINEZ HUGUET MIGUEL., RAMOS FRESNEDA CARMEN., CALAFORRA CAPILLA JUANA MARIA., GINER ALMARAZ SALVADOR

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO Y POLITECNICO LA FE

Localidad: VALENCIA

Correo electrónico del primer firmante: maykel1319@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El inicio de la terapia antimicrobiana es un punto crítico en el resultado clínico de los pacientes con bacteriemia y candidemia. Por esta razón, el desarrollo de métodos rápidos de identificación microbiana a partir de hemocultivos positivos, podría permitir a los clínicos la elección del tratamiento más adecuado, con una reducción significativa en la morbilidad y mortalidad y de costes sanitarios asociados a los tratamientos inadecuados, principalmente en aquellos pacientes de alto riesgo. La espectrofotometría de masas conocida como matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF) podría permitir la identificación directa microorganismos desde botellas de hemocultivos positivos en forma rápida y sencilla.

OBJETIVOS:

Evaluar el sistema Vitek®MS (bioMérieux) para la identificación directa de microorganismos en sangre a partir de frascos de hemocultivo positivo BacT/Alert® (bioMérieux) entre mayo y diciembre de 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron los frascos positivos (aerobio, anaerobio y pediátrico) de hemocultivos positivos que fueron remitidos a nuestro laboratorio durante el periodo mayo y diciembre de 2016. Se consideró un episodio por paciente y se incluyeron los hemocultivos positivos confirmados por la presencia de bacterias o levaduras en la tinción de Gram. Para este trabajo se incluyeron también los hemocultivos polimicrobianos. El método de extracción utilizado en este estudio fue una adaptación del protocolo descrito por Lavergne y colaboradores para la identificación de especies del género Candida. Los análisis se realizaron en el instrumento MALDI-TOF Vitek MS de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La identificación de especies se llevó a cabo utilizando el algoritmo clasificador espectro bioMérieux y la base de datos versión MS-ID 2. La identificación por MALDI TOF fue considerada correcta si por lo menos una de las dos muestras spots duplicadas tenían una puntuación > 90 % para Grampositivos y > 95 % para Gramnegativos y levaduras; así mismo fue comparado con las técnicas de laboratorio de rutina (Vitek 2, MALDI-TOF desde cultivo en placa, secuenciación 16S rRNA y pruebas bioquímicas de rutina).

RESULTADOS:

Se estudiaron un total de 257 hemocultivos, 190 (73,9%) fueron considerados clínicamente relevantes, mientras que 67(26,1%) eran probables contaminantes y 10(3,9%) presentaron más de un microorganismo. La distribución de los aislamientos fue 42,0% bacilos gramnegativos, 44,7% bacterias grampositivas y 9,3% levaduras.

Se llegó a una identificación correcta en 207(80,5%) casos por el método directo, el fallo para obtener pellet ocurrió en 35(13,6%) casos por lo que fue imposible llegar a ningún tipo de identificación. En patógenos clínicamente relevantes la identificación correcta fue mayor que en los contaminantes: 83,9% versus 72,9% de los casos a nivel global; con un porcentaje mayor en gramnegativos (94.4%) que en grampositivos (78,2%).

CONCLUSIONES:

La identificación directa de los hemocultivos positivos por técnica MALDI-TOF ofrece resultados fiables equivalentes a la identificación de microorganismos a partir de subcultivo.

Vitek MS proporciona una correcta identificación en más del 80,54% de los pacientes. Los mejores resultados se obtuvieron en el caso de bacilos gramnegativos.

Esta técnica es rápida y eficiente para la identificación de los patógenos en hemocultivos en menos de 60 minutos, tiene un bajo costo en su implementación y proporciona información útil para los médicos a la hora de ajustar la terapia antimicrobiana; por lo tanto ayudar a reducir la morbilidad y la mortalidad.

Nuestras tres principales limitaciones fueron: la dificultad para obtener el sedimento, los hemocultivos con más de un microorganismo y la identificación de *Streptococcus pneumoniae*.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 237

ESTUDIO COMPARATIVO DE 2 MÉTODOS PARA LA IDENTIFICACION SEROLÓGICA DE LOS ESTREPTOCOCOS EN EL HOSPITAL DE ANDÚJAR

Autor/a/s: Rodríguez López María del Carmen, López Vidal Antonia María, Titos Aguilera Jose, Fernandez Suarez Antonio, Fatela Cantillo Daniel y Diaz Iglesias Jose Miguel.

Centro de trabajo: Hospital Alto Guadalquivir

Localidad: Andújar

Correo electrónico del primer firmante: mrodriguezl@ephag.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los estreptococos son bacterias esféricas u oboides que crecen en pares o cadenas de diferente longitud. La mayor parte de estas bacterias son anaerobias facultativas, si bien algunas son anaerobias estrictas. La identificación de los estreptococos se basa principalmente en la naturaleza de la hemólisis en torno a las colonias aisladas en agar-sangre (\pm ,) y a la presencia de antígenos polisídicos de grupo en la pared celular.

Existen más de 30 especies identificadas que se dividen en 5 grupos A, B, C, D, F y G. Hay especies que son patógenas para el ser humano como por ejemplo el estreptococo agalactiae del grupo B, que causa importante de sepsis y meningitis neonatal y está asociada a infecciones postparto. El estreptococo anginosus corresponde a un subgrupo de estreptococo de la familia viridans, del grupo C, F y G ha sido asociado a bacteriemias e infecciones supurativas y el enterococo faecalis del grupo D, causa importantes infecciones del tracto urinario (mucho menos común que *E. coli*) y también infecciones oportunistas (incluyendo infección intra-abdominal, septicemia y endocarditis).

OBJETIVOS:

Evaluar en el Hospital de Andújar la capacidad de la prueba de aglutinación rápida que más se ajusta en el diagnóstico de infecciones por estreptococos comparando dos casas comerciales, con nuestro método de referencia (panel).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron colonias catalasa negativa, beta hemolíticas en placas de agar sangre de 20 pacientes recogidas desde el 18/05/2016 al 18/10/2016. Se recogieron muestras de pacientes con sospecha de origen infeccioso por estreptococo. Las muestras estudiadas fueron cuatro exudados vaginales, nueve urocultivos, cuatro exudados de herida, un exudado faríngeo, un cultivo de semen y un exudado ure-

tral. Se optó por la detección rápida de aglutinación de látex de estreptococo del kit de pastorex strep (Biorad) y streptococcal grouping látex kit (Pro-lab diagnostics). Ambos kits nos permiten determinar el grupo de los estreptococos según la clasificación de Lancefield. El estudio de aglutinación positiva se confirmó con panel PC42 para gram positivos (Beckman coulter).

RESULTADOS:

Se obtuvieron un total de 5 resultados para estreptococo agalactiae de los cuales 3 fueron exudados vaginales, 1 urocultivo y 1 exudado de herida que aglutinaron al grupo B tanto el kit Pro-lab como Biorad. Se obtuvo 13 resultados para enterococo faecalis de los cuales 8 fueron urocultivos, aglutinaron al grupo D 7 para la casa comercial Pro-lab y 6 aglutinaron para la casa comercial Biorad, 3 exudados de herida de los cuales 2 aglutinaron al grupo D de Pro-lab y ninguno para Biorad. 1 cultivo de semen que aglutino al D para la casa comercial Pro-lab y no aglutino en la casa comercial Biorad. Y un cultivo uretral que aglutino ambos kits al grupo D. 2 resultados para estreptococo anginosus de los cuales 1 era un exudado vaginal que aglutino al grupo F en la casa comercial Pro-lab y no aglutino para Biorad. Y 1 cultivo faríngeo que aglutino al G para ambos kits.

CONCLUSIONES:

El método de Biorad falló en 4 muestras para la detección de las aglutinaciones D y 1 de la aglutinación al F. Del método Pro-lab falló en 1 muestra para la detección de aglutinación D. Estos fallos pueden deberse probablemente por la insuficiente suspensión bacteriana si se prepara con un número insuficiente de colonias o bien por limitaciones propias de la prueba. De los dos métodos evaluados el que mejores resultados obtuvimos fue el kit (Streptococcal grouping latex kit) de Pro-lab diagnostics, ya que presentaba una mayor concordancia con el papel o método de referencia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 241

ESTUDIO DE RESISTENCIAS A LOS ANTIVIRALES DE ACCIÓN DIRECTA (AAD) PARA EL TRATAMIENTO DE LA HEPATITIS C

Autor/a/s: Susana Mocholi Moreno, Rosa Esteve Jimenez, Mari Carmen Rodríguez López, Marina Daud Picó, Josefina Panadero, José Miguel Molina Moreno, María Dolores Gómez Ruiz, José Luis López Hontangas

Centro de trabajo: Hospital La Fe

Localidad: Valencia

Correo electrónico del primer firmante: susanamocholi@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los nuevos AAD para el tratamiento de la Hepatitis C han aumentado la respuesta viral sostenida (RVS) hasta alcanzar más del 90% de los casos y con escasos efectos adversos. Esta RVS es independiente del genotipo del virus de la Hepatitis C (VHC).

Por otra parte la elevada tasa de replicación y que el VHC es un virus ARN conlleva que en el mismo paciente coexista distintas cuasiespecies y entre ellas se encuentren varias asociadas a resistencias (VAR). Si el tratamiento con AAD no elimina las VAR se producirá una recidiva viral por lo que en las distintas guías de tratamiento de la Hepatitis C ya existen recomendaciones de cuando realizar las pruebas de resistencias.

OBJETIVOS:

Conocer el estado de resistencias a los antivirales de acción directa en nuestro medio

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron un total de 30 muestras de pacientes con Hepatitis C que no tuvieron RVS con los ADD.

Para la realización de éste trabajo se amplificaron las regiones diana de los fármacos utilizados :NS3,NS5A y NS5B. Los amplificamos se visualizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2% con tinción de peqgreen (ISOGEN). Los amplificados se purificaron, cuantifi-

caron y secuenciaron mediante la técnica Sanger en un secuenciador de la electroforesis capilar (Genomelab™ GeXP, Beckman Coulter) y las secuencias se mandaron a la base de datos Geno2pheno.

Debido a que estas regiones no son pangénóticas se procedió de la siguiente manera : primero se amplificó y se secuenció la región NS5B que es pangénótica y nos proporciona el genotipo por secuenciación de todas las muestras, luego realizamos la amplificación y secuenciación de todos los genotipos para la región NS3 que utiliza un mismo perfil térmico, pero con distintos según genotipo y para finalizar se amplificó la región NS5A utilizando para cada genotipo tanto cebadores y perfiles térmicos distintos.

RESULTADOS:

GENOTIPO HCV	DISTRIBUCIÓN DE MUESTRAS POR GENOTIPO Y MUTACIONES					
	3a	4a	1a	1b	1d	Total
Nº MUESTRAS	5	5	7	12	1	30
MUT NS3	-	-	V36L(2)*N174S(3)* Q80K(1), R117H	D168G, V36G(2)*, Q41T, Q80K(2)		
MUT NS5A	-	-	Q30H, M28E, P32L	Y93H(5)*, H58S, L31M(3)*, Q80K		
MUT NS5B	-	-	-	C316N(6)*	-	

*número de muestras con esa mutación

Las mutaciones más frecuentes fueron: Y93H(daclastavir, elvasvir, ledipasvir, ombitasvir, velpatasvir), V36L/G (asunaprevir, boceprevir, simeprevir, telaprevir) N174S (telaprevir) y Q80K (telaprevir, asunaprevir).

En la región NS5B el codón 316 apareció con la sustitución C316N en 6 muestras. Según autores autores disminuye la eficacia del sofosbuvir y confiere resistencia a dasabuvir.

CONCLUSIONES:

En nuestro medio las mutaciones más frecuentes fueron :C316N (6 muestras) solo en genotipo 1b,que afectan a la región NS5B;Y93H (5 muestras) solo genotipo 1b, L31M (3 muestras) solo genotipo 1b, que afectan aNS5A yN174S (3 muestras) solo genotipo 1ª,Q80K (3 muestras) genotipos 1ª y 1b, que afectan a NS3.

La aplicación de los nuevos tratamientos al virus de la Hepatitis C está generando mutaciones de resistencia . Es importante comprobarlas en aquellos casos que no presenta RVS, y el estudio de resistencias basales sólo para casos puntuales .

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 251

CASO CLÍNICO DE ENDOCARDITIS POR COXIELLA BURNETTI

Autor/a/s: María Luisa Fafián Ares, María José Muiño Andrade

Centro de trabajo: COMPLEXO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE A CORUÑA

Localidad: A CORUÑA

Correo electrónico del primer firmante: lfare@yahoo.es

RESUMEN:

La fiebre Q está producida por la rickettsia Coxiella burnetii, que es un coco-bacilo gram-negativo, intracelular. Posee dos formas antigénicas, conocidas como fase I, que es muy contagiosa y patógena (aparece posterior a la fase II siendo diagnóstico para la enfermedad crónica), y fase II que es inocua (aparece primero de significado para la infección aguda). La endocarditis es una forma de presentación crónica, el diagnóstico es difícil se realiza por la sospecha clínica, en los que tengan hallazgos compatibles con enfermedad valvular previa, cultivos negativos para patógenos convencionales y confirmación serológica.

OBJETIVOS:

Descripción del caso clínico de un paciente con endocarditis por Coxiella burnetii.

Presentación caso clínico

Paciente @& de 82 años que desde hace siete años alimentaba los gatos que estaban en los alrededores de su huerto .Con bioprótesis aórtica desde hace 8 años, con cuadro clínico de siete meses de evolución de escalofríos, astenia, adinamia, dolores osteomusculares y pérdida de 10 kg de peso. Ingresó por síndrome general, hepatoesplenomegalia y pancitopenia con VSG y factor reumatoide elevados. Realizadas las diferentes pruebas de laboratorio se concluye que se trata de una Fiebre Q con posibles endocarditis asociadas. Tres meses después tras empeoramiento de su estado físico ,se trata de una anemia por déficits de factores de crecimiento. Se trata con Vitamina B12, ácido fólico y ferropenia oral. Durante 18 meses se realizan revisiones serológicas siendo (-). Salta la alarma de títulos en Fase I IgG +1/256. Ingresó por empeoramiento serológico para Coxiella con el fin de descartar endocarditis infecciosa y dado el empeoramiento serológico se decide inicio de tratamiento para Fiebre Q crónica.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Reactivo COXIELLA BURNETTI I+II IFA IgG/IgM/IgA -Vircell Microbiologists.

- ADVIA 120 -SIEMENS

- ADVIA 2400 Chemistry System-SIEMENS

- LECTURA POR NEFELOMETRÍA (laser) BECKMAM

RESULTADOS:

Anemia con hemoglobina 5.3 g/d, leucocitos bajos 6930x10⁹/L, recuento de plaquetas bajos con picos de 32x10⁹/L. Creatinina alta 1.19 mg/dL, GGT elevada durante todo el tratamiento con picos de hasta 77 UI/L, Factor Reumatoide al inicio con valores de 956UI/ml bajando hasta 34.6UI/ml, Gamma globulina alta 1.1g/dl y complemento C3 y C4 bajos.

Con valores altos en VSG 1ª hora 120mm, factor reumatoide de 875 UI/ml, GGT de 76UI/L y bajos en plaquetas, leucocitos hemoglobina hematocrito y neutrófilos. La serología de Coxiella burnetii por técnica de inmunofluorescencia indirecta detectó anticuerpos fase I IgG +1/1024 y fase II IgG de +1/2048, (siendo títulos positivos => de 1/128), con fase II IgM +1/48 en inicio del diagnóstico . Con evolución 12 meses de tratamiento los anticuerpos de IgG fase I e IgM fase II fueron negativos y fase II IgG (+1/512). Después de controles con resultados negativos en 3 análisis, durante 4 meses se decide suspender el tratamiento.

CONCLUSIONES:

En fase aguda se trató con dos antibióticos, Doxiciclina 100 mg cada 12 horas y Levofloxacino 500 mgr / 12 h durante 12 meses, con lo que se consigue la curación en la mayoría de los casos. En la fase crónica con Doxiciclina 100 mgr/12 horas y Hidroxicloroquina 200 mg/8 h. Disminuye la mortalidad, las recaídas y acorta el tratamiento. El pronóstico de la enfermedad aguda es bueno, y lo habitual es la curación incluso sin tratamiento. Por el contrario la enfermedad crónica, y en concreto la endocarditis, tiene mal pronóstico, con porcentajes de fallecimientos de hasta la mitad de los casos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 266

CASOS DE PALUDISMO EN EL HOSPITAL REGIONAL UNIVERSITARIO DE MÁLAGA DURANTE EL AÑO 2016

Autor/a/s: Fuentes Cuenca María Salud, Alguacil García Rosa María, Rodríguez Ruiz Yolanda

Centro de trabajo: Hospital Regional Universitario

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: saludfuentes@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El paludismo o malaria, es una enfermedad potencialmente mortal causada por parásitos que se transmiten al ser humano por la picadura de mosquitos hembra infectados del género Anopheles. Hay cinco especies de parásitos causantes del paludismo en el ser humano, pero las dos más peligrosas son Plasmodium falciparum y Plasmodium vivax.

Esta enfermedad infecciosa afecta de 200 a 300 millones de personas anualmente y fallecen 2.500.000 al año. Actualmente no es una enfermedad infrecuente en países no endémicos. Este hecho se debe al incremento del número de viajeros e inmigrantes que hace cada vez más necesaria la disponibilidad de métodos diagnósticos adecuados en hospitales generales de nuestro país, ya que la rapidez en el diagnóstico y tratamiento de esta enfermedad es fundamental para su pronóstico.

OBJETIVO:

Conocer la situación de dicha enfermedad en el Hospital Regional Universitario de Málaga durante el año 2016

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realiza el estudio de 29 muestras con sospecha de paludismo llevadas al laboratorio de Microbiología. El diagnóstico de paludismo se realizó a partir de sangre recogida en el tubo con EDTA mediante los siguientes métodos:

1. Extensión fina
2. Gota gruesa
3. Test inmunocromatográfico para la detección de antígenos de Plasmodium (BinaxNOW® malaria Test).

En caso de diagnóstico positivo se realiza el grado de parasitemia (porcentaje de hematies parasitados) y el recuento absoluto (trofozoito/microlitro).

RESULTADOS:

En el año 2016 se analizaron 29 muestras de sangre con sospecha de paludismo correspondientes a 29 pacientes. Se diagnosticó paludismo en 12 pacientes. La distribución según el sexo fue de 11 varones (91.6%) y una mujer (8.3%). La especie detectada en los 12 (100%) pacientes fue Plasmodium falciparum.

CONCLUSIONES:

La mayoría de los pacientes procedían o habían viajado a África y la especie detectada este año fue Plasmodium falciparum.

La combinación de dos técnicas rápidas (inmunocromatografía Binax-Nox® y Giemsa) fue útil para diagnosticar o descartar la enfermedad.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 272

ESTUDIO DE LA CARGA VIRAL DE VIH EN MUESTRAS CON BAJO VOLUMEN

Autor/a/s: Alarcón Romero Isabel, Rodríguez Ruíz Yolanda, Alguacil García Rosa María

Centro de trabajo: Hospital Regional Universitario

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: isialarcon@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La carga viral de HIV es la cantidad de virus circulante en una muestra biológica y hace referencia al número de copias de RNA del virus de la inmunodeficiencia humana presente en un mililitro de plasma, se expresa en copias/ml ó en log10. La determinación de la carga viral es el mejor marcador de respuesta al tratamiento antirretroviral, es una técnica sensible, rápida, fiable y muy eficaz para el clínico en el seguimiento del paciente.

OBJETIVO:

El objetivo de este trabajo es determinar si la cuantificación del número de copias de HIV en muestras con bajo volumen (es necesario diluirlas para obtener el volumen adecuado para la técnica), es reproducible con la muestra sin diluir.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La técnica que utilizamos para cuantificar la carga viral de HIV es una RT-PCR en tiempo real, VERSANT HIV-1 RNA 1.5 Assay (kPCR Siemens). Este sistema consta de 2 módulos:

1. Módulo SP: hace la extracción automática del ácido nucleico, utiliza 500ml de plasma.
2. Módulo AD: amplifica y cuantifica el virus en tiempo real.

Para evaluar la validez de la cuantificación de la carga en muestras con bajo volumen decidimos hacer diluciones, con suero negativo, de dos muestras conocidas, con baja carga viral (1.610 copias/ml) y otra con carga viral elevada (2.028.000 copias/ml). Cuantificamos 10 duplicados de diluciones al 1/7 de cada muestra.

RESULTADOS:

Hemos analizado los 10 duplicados de la muestra de concentración conocida con 2.028.000 copias/ml-6,307 log10 diluida al 1/7 y los valores obtenidos han sido muy similares a los de la muestra sin diluir, con valores entre 6.267 log10 y 6.357 log10. También hemos analizado los 10 duplicados de la muestra conocida con baja carga (1.610 copias/ml-3,206 log10) diluida al 1/7 y los resultados obtenidos con estas diluciones también han sido muy similares a los de la muestra sin diluir, con valores entre 3,160 log10 y 3.324 log10.

CONCLUSIÓN:

Creemos válido cuantificar la carga viral del HIV en muestra con bajo volumen con el sistema de Siemens (kPCR Siemens) ya que obtenemos bastante reproducibilidad en los valores, si las muestras presentan cargas superiores a 1.000 copias/ml. Los coeficientes de variación que hemos obtenido con las diluciones son inferiores a 0.20.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 284

COMPARACIÓN ENTRE UN INMUNOANÁLISIS PARA LA DETECCIÓN DEL ANTÍGENO DEL CORE DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C Y LA DETECCIÓN DEL ARN POR PCR

Autor/a/s: Elisabet O Acosta Sánchez, Inmaculada Zorio Reyes, Dolores Velázquez Miranda, Dunia Montesdeoca Molina, Rosa María Guerra Roger, María del Pino Santana Muñoz; bajo la supervisión de Melisa Hernández y María José Pena

Centro de trabajo: Hospital Universitario de Gran Canaria Dr Negrín

Localidad: Las Palmas de GC

Correo electrónico del primer firmante: elisacosan@hotmail.com

INTRODUCCIÓN:

El diagnóstico de la infección por el virus de la hepatitis C (VHC) se realiza por la detección serológica de anticuerpos específicos (anti-VHC), pero un resultado positivo no nos informa sobre la presencia o ausencia del virus. Para conocer la presencia del virus se utilizan métodos de amplificación, como la PCR, que detectan la cantidad de ARN viral en muestras de suero o plasma. Las pruebas de PCR se realizan en laboratorios especializados y bien equipados. La detección cuantitativa del antígeno del core (VHC-Ag) podría ser una alternativa a la PCR, la cual se puede

realizar en los mismos equipos utilizados para las pruebas serológicas.

OBJETIVOS:

El objetivo del estudio fue comparar una prueba de cuantificación de VHC-Ag, realizada mediante un inmunoanálisis de quimioluminiscencia con micropartículas, con la de carga viral del VHC por PCR para el diagnóstico de los pacientes con infección crónica por el VHC, con diferentes niveles de carga viral y para diferentes genotipos (1a, 1b, 2, 3 y 4).

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron en el estudio un total de 257 muestras; 218 de pacientes con anti-VHC-positivo y PCR positiva (grupo A-infección crónica), 19 de pacientes con anti-VHC positivo y PCR negativa (grupo B-infección pasada) y 20 de pacientes con anti-VHC negativo (grupo C-no infección). Las muestras positivas incluidas correspondían a pacientes sin tratamiento antiviral en seguimiento en el año 2016.

La detección del VHC-Ag se realizó con el reactivo Architect HCV Ag (Abbott), utilizando el sistema Architect i2000SR (Abbott) en muestras que se conservaron congeladas a -80°C hasta su procesamiento. La cuantificación del ARN-VHC se realizó mediante la prueba COBAS AmpliPrep/COBAS TaqMan HCV Quantitative Test, v2.0 (Roche Diagnostics). El genotipado del VHC se realizó con la prueba Versant HCV Genotype 2.0 Assay (Lipa) (Siemens) o Abbott RealTime HCV Genotype II (Abbott), previa extracción del ARN con el sistema EasyMAG (Bio-merieux).

Se calculó la sensibilidad y la especificidad de la prueba de VHC-Ag. Se calculó el coeficiente de de Pearson para ver la correlación lineal entre las dos técnicas.

RESULTADOS:

De los 218 pacientes con infección crónica (grupo A), en 217 (99,5%) se detectó VHC-Ag. El único caso en que no se detectó VHC-Ag correspondía a un paciente con genotipo 3 y carga viral de 4,0 log UI/ml. En ninguna de las 39 muestras de los pacientes con infección pasada y no infectados (grupos B y C) se detectó VHC-Ag. La sensibilidad y especificidad de la prueba fueron del 99,5 y 100% respectivamente.

La mediana de carga viral fue 5,9 log UI/ML (intervalo: 3,32-8,31) y de VHC-Ag fue 3,39 log fmol/L (intervalo: 0->4,3). La mediana de la diferencia entre la carga viral y el VHC-Ag fue 2,68 log (intervalo: 1,16-4,41).

Los niveles de VHC-Ag presentaron una correlación positiva muy alta con los niveles de ARN del VHC ($R^2=0,805$). Se encontró una buena correlación con cada uno de los genotipos estudiados: genotipo 1a ($R^2=0,928$), 1b ($R^2=0,712$), 2 ($R^2=0,877$), 3 ($R^2=0,810$) y genotipo 4 ($R^2=0,826$).

CONCLUSIONES:

La prueba Architect HCV Ag presenta una gran sensibilidad y especificidad para detectar la presencia del virus, es decir, para diagnosticar la infección crónica.

Los niveles de VHC-Ag tienen una correlación positiva muy alta con los niveles de ARN del VHC medidos con PCR, por lo que podría utilizarse para medir la carga vírica.

En comparación con la PCR, el VHC-Ag presenta un tiempo de resultados y un coste menor.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 286

RENDIMIENTO DE LAS DIFERENTES MUESTRAS DE CONTROL EPIDEMIOLÓGICO PARA LA DETECCIÓN DE KLEBSIELLA SPP PRODUCTORA DE CARBAPENEMASAS EN EL AREA SANITARIA DE TOLEDO

Autor/a/s: Natalia Ayuso López, Ana María Cívicos Martín, María de los Ángeles Sánchez Brigidano, Cristina Fuentes González, Laura Oporto López, Montserrat Conde Cañamero, Rosa María Jiménez Barrera, Ana Belén Rivas Estévez.

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Salud

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: nayusol@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Durante los últimos años se ha producido la aparición y dispersión de enterobacterias productoras de unas enzimas denominadas genéricamente carbapenemasas y que confieren resistencia a todos los antibióticos betalactámicos, incluyendo los carbapenémicos, lo cual

limita de manera muy importante el arsenal terapéutico disponible.

La aparición de enterobacterias productoras de carbapenémicos es un alarmante problema mundial, ya que se asocia a un aumento de la tasa de mortalidad, altos niveles de resistencia de otros antibióticos y a un alto potencial de diseminación. La detección de estas bacterias tiene gran importancia tanto para la elección del tratamiento adecuado como para la implantación de medidas de control de infecciones.

OBJETIVO:

Conocer la rentabilidad de las diferentes muestras de control epidemiológico que se procesan para el aislamiento de *Klebsiella Spp* productora de carbapenemasas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo donde se revisaron las muestras de pacientes con aislamiento de *klebsiella spp* productora de carbapenemasas durante el año 2016 en el servicio de Microbiología. El diagnóstico se realizó mediante la siembra de muestras en medios de cultivos selectivos: Macconkey agar (Francisco Soria Melguizo) y Brillance Cre Medium (Oxoid). Para la identificación y antibiograma se utilizó el sistema Microscan WalkAway 96 plus (Siemens), comprobando la producción de carbapenemasas mediante el Test de Hodge modificado.

RESULTADOS:

Se estudiaron un total de 2363 muestras correspondientes a 91 pacientes, en los que se obtuvieron 593 aislamientos *Klebsiella spp* productora de carbapenemasas, durante el periodo comprendido entre el 01/01/2016 - 31/12/2016, de los cuales en 88 pacientes se aisló *K.pneumoniae* y en 3 pacientes se aisló *K.oxytoca*.

La distribución de muestras recibidas fue: Ex. Inguinal 493 (20.87%), Rectal-anal 388 (14.42%), Axilar 394 (16.68%), Faringo-amigdalár 255 (10.79%), Nasal 431 (18.24%), BAS 148 (6.26%), Orina 174 (7.36%), Herida 60 (2.54%) y Aspirado gástrico 19 (0.8%).

De las muestras recibidas fueron positivas: Rectal anal 43.5%, inguinal 42.29%, axilar 23.6%, Faringo-amigdalár 20.8%, herida 13.3%, Bas 11.5%, aspirado gástrico 10.2% y orina 6.32%.

CONCLUSIONES:

En nuestro área de salud el microorganismo productor de carbapenemasas que se aísla con mayor frecuencia es *Klebsiella pneumoniae*.

Según nuestro estudio la muestra más idónea para el aislamiento de *K.pneumoniae* productora de carbapenemasas es el exudado rectal anal seguido con muy poca diferencia del inguinal.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 287

EVOLUCIÓN DEL PORCENTAJE DE GASTROENTERITIS AGUDA POR ROTAVIRUS EN EL ÁREA DE SALUD DE SALAMANCA

Autor/a/s: Martín Muñoz, María Presentación; Rico Naya, Ana María; García Camazano, Rosa María; Martín Torrero, Raul Oscar

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: presenmm@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Rotavirus se considera el agente etiológico más común de gastroenteritis aguda (GEA) en niños y lactantes. La mayoría se dan entre los 6 meses y los 2 años de edad y en invierno. La infección en adultos es habitualmente asintomática. En general, existe un periodo prodrómico de 2 a 3 días con fiebre y vómitos, seguido de diarrea no sangui-nolenta que dura entre 1-4 días y produce deshidratación.

Desde el año 2006 se encuentra comercializada una vacuna en España, RotaTeq® (Sanofi Pasteur MSD, SNC).

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio fue determinar el porcentaje de GEAs causadas por rotavirus y su evolución durante el periodo 2005-2015 en

el Área de Salud de Salamanca así como identificar la población de mayor riesgo de infección por este virus en nuestro medio y determinar el impacto de la introducción de la vacuna sobre el porcentaje de casos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio descriptivo transversal realizado a partir del archivo informático del Servicio de Microbiología del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA) de todas las muestras de heces recibidas para la determinación del antígeno de rotavirus obtenidas entre 2005-2015. Este laboratorio cubre toda la demanda de análisis del Área de Salud de la provincia de Salamanca.

Para detección cualitativa del antígeno de rotavirus en muestras de heces se empleó un test inmunocromatográfico de diagnóstico rápido (NADAL® Test Rotavirus).

El análisis estadístico se realizó con el paquete informático SPSS 1S.0, se consideró estadísticamente significativo si $p < 0,05$.

RESULTADOS:

Rotavirus se detectó en el 8,0% (641 rotavirus positivos) del total de muestras enviadas entre 2005-2015 (7998 muestras). El 76,6% de los casos ocurrieron en ≤ 5 años y, de éstos, el 89,0% fue en ≤ 2 años.

El porcentaje de rotavirus positivos por año y grupos de edad se describe en la tabla 1.

Tabla 1: Porcentaje de rotavirus positivos por grupos de edad entre 2005-2015.

Edad/ Año	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	β	p
≤ 5 años	18,9	8,7	14,7	11,4	15,7	8,1	13,1	13,1	12,5	10,3	17,6	-0,05	0,88
≤ 2 años	19,3	9,9	17,6	12,7	16,6	9,4	15,2	14,9	14,3	12,0	18,6	-0,02	0,96

CONCLUSIONES:

1. En el CAUSA, la mayor parte de las infecciones por rotavirus se produjeron en ≤ 2 años, concordando con lo reflejado en la bibliografía.
2. A pesar de la introducción de la vacuna frente al rotavirus en el año 2006, no se aprecia una disminución significativa en el porcentaje de casos ($\beta = -0,05$ y $p = 0,88$ en ≤ 5 años; $\beta = -0,02$ y $p = 0,96$ en ≤ 2 años) a lo largo del periodo estudiado, probablemente debido a que ni está financiada ni está incluida en el calendario oficial de vacunaciones sistemáticas de la infancia de la Comunidad de Castilla y León.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 288

PREVALENCIA DE PARASITOSIS EN SALAMANCA DURANTE EL PERIODO 2015- 2016

Autor/a/s: García Camazano, Rosa María; Martín Muñoz, María Presentación; Rico Naya, Ana María; Martín Torrero, Raul Oscar

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de Salamanca

Localidad: Salamanca

Correo electrónico del primer firmante: rgcamazano@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las enfermedades parasitarias constituyen un importante problema de salud pública. Con el crecimiento de los viajes internacionales y la inmigración, en España, ha aumentado el número de enfermedades infecciosas importadas, muchas de ellas desde zonas tropicales y subtropicales.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio fue describir las especies parasitarias diagnosticadas y su estacionalidad, en el Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA), en los años 2015 y 2016

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio descriptivo retrospectivo. Realizado a partir del archivo informático del Servicio de Microbiología del CAUSA. El número total de

muestras analizadas en el laboratorio de Microbiología y parasitología del (CAUSA), en 2015 y 2016 fue de 3902 y 4173, respectivamente. Incluye muestras de heces, sangre total, perianal (test de Graham), biopsias y algunos líquidos biológicos. El procesamiento de cada tipo de muestra se llevó a cabo según los protocolos específicos establecidos por la SEIMC (Sociedad Española de Enfermedades infecciosas y Microbiología Clínica).

RESULTADOS:

Del total de muestras analizadas, el 0.4% en 2015 y el 3.6% en 2016, fueron positivas para algún parásito, ya sea completo o alguna estructura perteneciente al mismo o sus huevos. En ambos años, los parásitos más frecuentemente detectados fueron Giardia intestinales, Enterobius vermicularis y Cryptosporidium parvum.

El número de porcentaje de casos de cada especie parasitaria por año respecto al total de estudios parasitológicos positivos se refleja en la tabla 1.

Tabla 1: Total de estudios y porcentaje de estudios parasitológicos positivos En 2015-2016.

PARÁSITO	2015		2016	
	CASOS	%	CASOS	%
Giardia intestinalis	84	62,7	105	70.0
Enterobius vermicularis	26	19,4	39	26.0
Criptosporidium parvum	15	11,2	0	0.0
otros	9	6,7	6	4.0

CONCLUSIONES:

Las parasitosis más frecuentes en nuestro medio son las propias de nuestra área geográfica sin influir, aparentemente, los fenómenos migratorios.

Respecto a 2015, en 2016 se observa un aumento en el porcentaje de casos por Giardia intestinales y Enterobius vermicularis. Es necesario analizar si este aumento es o no estadísticamente significativo y, en caso de serlo, analizar las posibles causas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 290

EVALUACIÓN DEL SISTEMA ACCELERATE PARA LA IDENTIFICACIÓN RÁPIDA Y ANTIBIOGRAMA EN HEMOCULTIVOS

Autor/a/s: Morales Platillero Javier, Fernandez Pittol Mariana, Campo Chaos Irene, Almela Manel, Marco Francesc, Vila Jordi, Casals-Pascual, Climent

Centro de trabajo: Servicio Microbiología-CDB. Hospital Clinic

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: javiermp81@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En los pacientes con bacteriemia, la identificación (ID) y antibiograma (ATB) de los microorganismos aislados en los hemocultivos es fundamental para su correcto manejo clínico. Se sabe que el tiempo de respuesta es crítico, ya que en pacientes sépticos se produce un aumento de la mortalidad cuanto mayor es el tiempo que se tarda en administrar el tratamiento antimicrobiano correcto. En los últimos años se han desarrollado diversas metodologías para identificar de forma rápida el agente etiológico responsable de la bacteriemia.

Objetivo. En este estudio hemos evaluado el sistema Accelerate (Tucson, EEUU) que permite identificar el microorganismo aislado en un hemocultivo positivo y al mismo tiempo determinar su sensibilidad a los antibióticos.

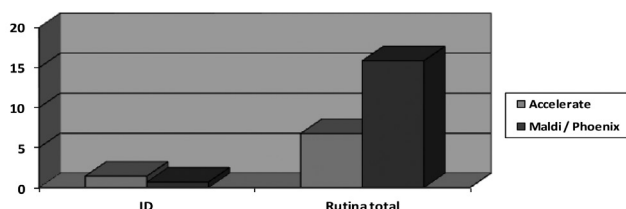
MATERIAL Y MÉTODOS:

Una vez el hemocultivo fue positivo se inició el protocolo de trabajo habitual del laboratorio y el del sistema Accelerate. Procedimiento habitual: 1. Siembra de medios de cultivo. 2. Identificación directa del microorganismo mediante el sistema Maldi-ToF: se extraen 10 ml del frasco positivo y se centrifugan a 1500 rpm durante 5 minutos. 3 ml del sobrenadante se centrifugan de nuevo a 13000 rpm durante

un minuto. El sedimento se lava dos veces con suero fisiológico y después de eliminar el sobrenadante se deposita 1 µL, por duplicado, en la tarjeta de identificación. A continuación se añade 1 µL de matriz (permite romper la pared del microorganismo) y se procede a la lectura con el sistema Maldi-ToF. Una vez conocida la ID se procede a realizar el ATB directo mediante el sistema Phoenix (Becton Dickinson), Sensititre (Thermo Fisher) o disco-placa según el microorganismo. 3. Con el sistema Accelerate se extraen 5 ml de sangre del frasco y se inoculan directamente en el contenedor correspondiente del kit. A continuación se inserta el kit en el sistema Accelerate para realizar la ID y el ATB. Se recogieron los datos sobre el tiempo de respuesta y se comparó el nivel de concordancia entre ambos métodos.

RESULTADOS:

Se han analizado, de forma prospectiva, 33 muestras procedentes de hemocultivos positivos en cuya tinción de Gram se observaron bacilos Gram negativos (10), estafilococos (9), estreptococos (11), levaduras (2) y un hemocultivo era polimicrobiano. El nivel de concordancia de ambos métodos fue del 81,82%, observando que en el Maldi-ToF el tiempo medio de identificación es de 0.7 horas (DE; 0.22), mientras que en el sistema Accelerate es de 1,43 horas (DE; 0.14). En cuanto al tiempo de rutina total, el tiempo del sistema Maldi-ToF/Phoenix es de 15.85 horas (DE; 2.57), mientras que en el sistema Accelerate es de 6.70 horas (DE; 0.12).



CONCLUSIÓN:

Hemos comprobado que el nivel de concordancia entre ambos métodos es alta (81.82%), siendo la ID más rápida en el sistema Maldi-ToF que en el Accelerate, pero el tiempo del antibiograma es mucho más rápido en el sistema Accelerate que en el Phoenix, Sensititre o disco-placa. Consideramos que el sistema Accelerate permite conocer de forma rápida el resultado de la ID y el ATB. Hacen falta más estudios para evaluar su utilidad en la rutina diaria y su posible coste económico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 291

HEMOCULTIVOS

Autor/a/s: MARIA DEL ROSARIO FIGUEROA GARCIA, MARIA LUISA RODRIGUEZ ESCRIBANO CAPILLA ORTEGA PEREA, MARIA DOLORES DIAZA MUÑOZ, JOSEFA MARTINEZ NAJERA, GREGORIO MARTINEZ PALACIOS

Centro de trabajo: HOSPITAL SAN AGUSTIN,

Localidad: LINARES, JAEN

Correo electrónico del primer firmante: rosariofg@yahoo.es

RESUMEN:

HEMOCULTIVOS

INTRODUCCIÓN:

Los hemocultivos se realizan para el estudio de la bacteriemia en individuos con fiebre sin foco aparente. Se deben de extraer dos parejas a lo largo de 24 horas si persiste la fiebre. La extracción debe de ser aséptica par evitar que se produzca contaminación, por la flora habitual existente en la piel.

OBJETIVO:

determinar el tanto % de contaminados a lo largo del año 2015 en el hospital, como consecuencia de una posible mala extracción, o por contaminación del medio de cultivo de los frascos en los que se inocula.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Agujas, jeringas, compresor, desinfectante, gasas, asas.

Los frascos de hemocultivos: En adultos se han de extraer 10 ml para cada frasco (aerobio y anaerobio) y en los niños 5 ml (pediátrico). La extracción debe de hacerse lo antes posible durante la fiebre y sus síntomas; entre la extracción de cada pareja debe de existir un mínimo de 20 minutos. Identificaremos frascos con petición.

Bacter 9120: la técnica que utiliza es fluorescencia; si existen microorganismos éstos metabolizan los nutrientes en el medio que tienen y dejan óxido de carbono. Los hemocultivos están en continua agitación a 35ª C. Si son negativos nos los dará a los cinco días máximo, si su valor es positivo en cualquier momento, no estarán identificados los positivos de los contaminados.

Medios de cultivo para identificación: Aquí si identificaremos los positivos de los contaminados.

Aerobios y pediátricos: se siembran en agar sangre y tinción de Gram

Anaerobios: se siembran en agar sangre y Scheiller y se hace tinción de Gram

RESULTADOS:

Durante el año 2015 realizamos un estudio de hemocultivos:

Adultos: 856 (76,4%) negativos, 263 (23,6%) positivos. De los positivos 110 (10%) contaminados y 153 (13,6%) verdaderos positivos

Pediátricos: 96(83,5) negativos, 19 (16,5) positivos. De los positivos 14 (12,2%) contaminados y 5 (4,3%) verdaderos positivos.

CONCLUSIÓN:

En este estudio observamos un 10% de hemocultivos contaminados en adultos y un 12, 2% en los pediátricos, siendo un porcentaje relativamente bajo. Si tenemos en cuenta que el recomendado de contaminados es de 3% sugiere que nuestro resultado es elevado implicando que se debe de reducir aumentando, en la medida de lo posible, la asepsia durante la extracción ya que la mayoría fueron Stafilococcus Epidermidis.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 293

PREVALENCIA DE COINFECCIÓN DEL VIRUS DEL HIV CON EL VIRUS DE LA HCV EN EL PERIODO 2002-2016. HOSPITAL EL BIERZO (PONFERRADA)

Autor/a/s: CENTENO SALVADORES PILAR; RODIL FERREIRO REBECCA; FERNANDEZ NUÑEZ BEGOÑA; URIA POL CONSUELO; MERAYO RODRIGUEZ IRENE; ALONSO ALVAREZ VICTORINA; PALENCIA IGARETA, ANA VICTORIA.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Correo electrónico del primer firmante: esapiluca@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Los estudios realizados revelan que la coinfección entre ambos virus (HIV-HCV) aumenta la rapidez en la evolución del daño hepático. En la infección por VIH aumenta la viremia del HCV entre 2 y 8 veces produciendo una disminución de la recuperación de la hepatitis viral aguda y acelera entre 2 y 5 veces la evolución a cirrosis.

El virus HIV ataca al sistema inmune, disminuyendo los linfocitos TD4. El código genético del virus se incorpora en las células. Cuando las células CD4 se multiplican para combatir infecciones, hacen más copias del VIH.

El control de estos virus es muy importante para mejorar el pronóstico de estos pacientes.

El estudio tiene como objetivo general contribuir al conocimiento de la coinfección HIV-HCV en el área de salud del Bierzo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Empleamos suero para la determinación del virus HCV y plasma anti-coagulado con EDTA para el virus HIV.

El genotipo se realizó a través de técnicas de PCR a tiempo real con Taqman (Roche).

RESULTADOS:

Se han estudiado 715 casos de HCV de los cuales han dado positivo al virus de HIV 100 (13,9%) pacientes procedentes de la consulta de Medicina interna y Digestivo. Diagnosticando un mayor porcentaje de casos en hombres (70) que en mujeres (30).

La distribución de los genotipos obtenidos en estos 100 pacientes coinfectados se clasifican en 1 a (37%), 1b(9%), 1 (9%), 1c (1%), 1 a/c (1%), 1ser (1%), 1 a/b (1%), 2 a/c (2%), los genotipos 3 (18%) y 4 (21%). Siendo la distribución de los subtipos de los genotipos 3 y 4, agrupados.

CONCLUSIONES:

En base a estos resultados concluimos que los casos diagnosticados por HCV coinfectados con HIV, alcanza un tercio de los pacientes estudiados en el área de Salud del Bierzo.

La mortalidad por causa hepática ocurre 10 años antes en enfermos coinfectados por estos virus.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 300

RENDIMIENTO EN EL CULTIVO DE MICOBACTERIAS DE ESPUTOS RECHAZADOS PARA CULTIVO CONVENCIONAL EN UN PERÍODO DE 5 AÑOS.

Autor/a/s: Ana María González Fernández, Inés Román Fernández, Elena Manjón del Rincón, María Gómez López, Ana Morilla Morilla

Centro de trabajo: Hospital Universitario San Agustín

Localidad: Avilés

Correo electrónico del primer firmante: marariana@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Para cultivo convencional de esputo deben desecharse los esputos compuestos por saliva o secreciones postnasales, el esputo deber ser el resultado de un golpe de tos profunda y contener secreciones purulentas representativas del tracto respiratorio inferior. Para valorar la calidad del esputo, se realiza un conteo de las células epiteliales y polimorfonucleares presentes en la muestra. En el cultivo de micobacterias, sin embargo, se recomienda procesar todos los esputos, independientemente de su calidad.

OBJETIVO:

Conocer el rendimiento para el cultivo de micobacterias de aquellos esputos no procesados para cultivo convencional por presentar elevada contaminación orofaríngea en un período de 5 años.

MATERIAL Y MÉTODOS:

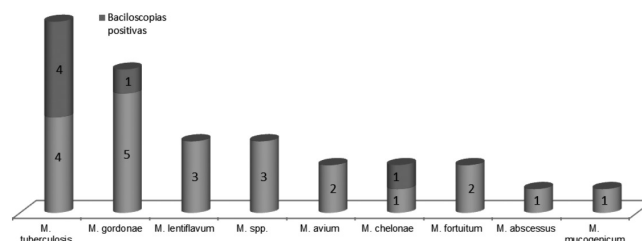
En el período comprendido entre 2012 y 2016 se estudiaron los resultados del cultivo micobacteriano de los esputos considerados no válidos para cultivo microbiológico convencional por observarse más de 10 células epiteliales por campo (aumentos x100): 937 esputos pertenecientes a 654 pacientes (edad media: 67,4 años [4-95]; 409 (63%) hombres y 245 (37%) mujeres).

Para el cultivo de micobacterias, las muestras se procesaron de la siguiente manera: descontaminación-concentración mediante la el método Kubica-Krasnow, tinción de Auramina y cultivo en medios sólido (Löwestein-Jensen) y líquido automatizado (Bact/ALERT[®] 3D, Bioré, France). La identificación a nivel de especie se hizo mediante inmunocromatografía (TB Ag MPT64, Bioline, UK) e hibridación reversa (INNO-LiPA[®] Mycobacteria V2, Fujirebio, Japón).

Las muestras estudiadas procedían de los siguientes servicios:

Tabla 1. Muestras recibidas por servicio

Servicio peticionario	N (%)
Hospitalización	566 (60,4%)
Consultas externas	300 (32,0%)
Urgencias	65 (6,9%)
Atención Primaria	6 (0,6%)



RESULTADOS:

De las 937 muestras, 28 (3%) fueron positivas para cultivo de micobacterias (edad media: 65,5 años; 15 (54%) hombres y 13 (46%) mujeres), obteniéndose los siguientes aislamientos:

Tabla 2. Aislamientos obtenidos y resultado de las baciloscopias

Aislamientos	N (%)	Baciloscopia
M. tuberculosis complex	8 (29%)	4/8 (50%)
M. gordonae	6 (21%)	1/6 (17%)
M. lentiflavum	3 (11%)	0/3 (0%)
M. spp.	3 (11%)	0/3 (0%)
M. avium complex	2 (7%)	0/2 (0%)
M. chelonae complex	2 (7%)	1/2 (50%)
M. fortuitum complex	2 (7%)	0/2 (0%)
M. abscessus	1 (4%)	0/1 (0%)
M. mucogenicum	1 (4%)	0/1 (0%)

Se observaron 6 (21%) baciloscopias positivas: 4 para Mycobacterium tuberculosis complex, 1 para Mycobacterium gordonae y 1 para Mycobacterium chelonae complex.

CONCLUSIONES:

- En muestras consideradas no válidas para cultivo bacteriológico convencional se obtiene un buen rendimiento para cultivo de micobacterias.
- Un porcentaje considerable de estas muestras proceden además de pacientes bacilíferos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 307

ESTUDIO DEL GENERO CLOSTRIDIUM EN MUESTRAS INTRAHOSPITALARIAS 2016

Autor/a/s: Manuel González Rosa, Ángela M. Guerrero Crespillo, Rafael Marquez Salazar

Centro de trabajo: H.C.U. Virgen de la Victoria

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: mangonros62@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las bacterias anaerobias las podemos definir como aquellas que para crecer necesitan una atmósfera sin oxígeno ya que este elemento es tóxico para ellas. Por esto el hábitat de las bacterias anaerobias se queda limitado a zonas corporales del hombre y animales donde la tensión de oxígeno es baja. De esta forma podemos distinguir los que son extremadamente lábiles a este gas que son anaerobios estrictos y los muy tolerantes y resistente que son los anaerobios facultativos.

Los anaerobios los clasificamos en Bacilos gramnegativos, Bacilos grampositivos. Cocos grampositivos y Cocos gramnegativos.

Los Clostridium los podemos definir como bacterias anaerobias, bacilos grampositivos, esporulados, anaerobios estrictos y móviles en general por intermedios de flagelos peritricos. Producen unas exotoxinas de efecto necrosante, hemolíticos y potencialmente letales.

OBJETIVOS:

Cuantificar el género Clostridium en las bacterias anerobias de nuestro hospital.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Procesamos en el laboratorio de microbiología del H.C.U. Virgen de la Victoria todas las muestras de exudados en el año 2016. Sacamos las muestras intrahospitalarias positivas para bacterias anaerobias. Clasificándose por orden de prevalencia.

RESULTADOS:

Se recopilaron 5.304 muestras de exudados en el año 2016 de los cuales se aíslan 230 cultivos positivos para anaerobios en muestras intrahospitalarias suponiendo un 4.15% del total. Obtenemos 123 Bacteroides (55.9%), 52 Clostridium (23.63%), 29 Peptostreptococcus (13.8%), 26 Prevotella (11.8%).

CONCLUSIONES:

El género con mayor frecuencia es el Bacteroides con 123 aislamientos siendo el más frecuente el Bacteroides Fragilis con 68 cultivos aislados.

A pesar de la importancia y gravedad del género Clostridium nos aparece en segundo lugar con 52 aislamientos, destacando el Clostridium Perfringens con 26 apariciones seguido del Clostridium clostriforme con 15

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 308

APORTACIÓN DEL ANTIGENO DE VHC EN EL DIAGNÓSTICO DE LA HEPATITIS C

Autor/a/s: PÉREZ PINAR, CARMEN. GINÉS RIVAS, FRANCISCA. LOPEZ COBOS, FRANCISCA. CASAS HIDALGO, M^a de la PAZ

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE GRANADA, HOSPITAL PTS

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: yomellamocarmen@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

En las pruebas de cribado de anticuerpos anti-VHC se aconseja la utilización de pruebas complementarias para confirmar las muestras positivas. Los algoritmos diagnósticos utilizan varias pruebas (cribado, confirmatorias, moleculares) que retrasan semanas e incluso meses el informe definitivo. Recientemente ha salido al mercado una nueva prueba de detección de Ag de VHC en muestras de suero o plasma que utiliza la misma plataforma ARCHITECT empleada para la determinación de anticuerpos anti VHC; la incorporación de esta técnica puede suponer un cambio en el enfoque diagnóstico de la infección por el VHC.

OBJETIVOS:

El objetivo del presente estudio ha sido evaluar la aportación de la prueba Architect HCV core Ag assay® (Abbott Diagnostics, Alemania) en el diagnóstico de la infección naïve por el VHC.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Durante los meses de julio a diciembre de 2016 se diagnosticaron serológicamente 143 nuevos casos de infección por VHC en pacientes procedentes de AP (Atención Primaria) y hospital. Sobre la misma muestra clínica se realizó la determinación de Ag VHC. Con el fin de establecer la especificidad y la sensibilidad de la técnica de detección de Ag VHC, a las 32 muestras procedentes de pacientes infectados que tenían el Ag VHC negativo se le realizó un LIA (Inmunoanálisis Lineal) confirmatorio de VHC (bioblot HCV)

RESULTADOS:

Del total de pacientes con anti-HCV positivos mediante Architect (n=143), la técnica de Ag VHC fue positiva (>10fmol/l) en 111 casos y negativa (<3fmol/l) en 32 casos. A estos 32 casos se les realizó la técnica confirmatoria LIA, resultando 24 positivas, 3 negativas y 5 indeterminadas.

La técnica de Ag VHC tiene una especificidad del 100%, una sensibilidad del 82,3%, un VPP (Valor Predictivo Positivo) del 100% y un VPN (Valor Predictivo Negativo) del 9%.

CONCLUSIONES:

La técnica de determinación de Ag VHC podría encajar en el algoritmo inicial del diagnóstico de hepatitis C, ofreciendo como grandes ventajas utilizar la misma muestra clínica que las pruebas serológicas y el mismo equipamiento; esto reduciría los tiempos de respuesta y evitaría, inicialmente, las técnicas confirmatorias LIA que retrasan el diagnóstico de la infección por el VHC. Desde el punto de vista asistencial mejoraría la gestión de consultas en AE (Atención Especializada) y reduciría el coste económico del diagnóstico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 309

ESTUDIO COMPARATIVO DE DOS SISTEMAS VIRCELL

Autor/a/s: PÉREZ PINAR, CARMEN. GINÉS RIVAS, FRANCISCA. LOPEZ COBOS, FRANCISCA. CASAS HIDALGO, M^a de la PAZ

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO DE GRANADA, HOSPITAL PTS

Localidad: GRANADA

Correo electrónico del primer firmante: yomellamocarmen@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las técnicas de Quimioluminiscencia están sustituyendo a las de ELISA en los laboratorios por su mayor rapidez y el ahorro que suponen al no requerir del montaje de controles y calibradores diarios, lo que permite realizar determinaciones que no tengan un alto volumen de peticiones sin tener que esperar a tener un número suficiente de muestras que justifiquen el gasto en controles y calibradores. En nuestro Servicio, contamos con dos sistemas VirClia de Vircell para realizar estas técnicas, que permite el montaje de 24 muestras de forma simultánea, en cada uno, 48 en total. Debido al alto número de pacientes de referencia que atendemos, la rutina nos obliga a montar dos veces al día estos aparatos, retrasando la entrega de los últimos resultados y aumentando la manipulación de los sueros.

OBJETIVOS:

Evaluar el sistema VirClia Plus, que permite realizar 192 determinaciones de forma simultánea, lo que permite manejar nuestro volumen de muestras en un solo ensayo, aumentando la velocidad en la entrega de resultados y permitiendo una mejor organización del trabajo.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Hemos probado en el sistema VirClia Plus 50 muestras de técnicas que de rutina se analizan en el VirClia (Helicobacter pylori IgG, Varicela IgG, Varicela IgM, Chlamydomphila pneumoniae IgG, Chlamydomphila pneumoniae IgM, Brucella IgG, Brucella IgM, Parotiditis IgG, Chlamydia trachomatis IgG, Chlamydia trachomatis IgM, Rickettsia conorii IgG, Sarampión IgG, Coxiella IgG, Coxiella IgM, Hidatidosis IgG, Mycoplasma IgM, Legionella IgG + IgM), 26 positivas y 24 negativas.

RESULTADOS:

La concordancia entre los dos sistemas fue total, resultando Positivas las 26 detectadas previamente como positivas, y Negativas las 24 detectadas como Negativas.

CONCLUSIONES:

Los resultados de ambos sistemas muestran una concordancia total. El VirClia plus permite hacer en un solo ensayo las muestras que en otras condiciones necesitan dos ensayos en dos máquinas. Esto permite adelantar los resultados en aproximadamente dos horas, además de reducir la manipulación de sueros simplificando el trabajo en el laboratorio.

ESTUDIO DE AISLAMIENTOS DE CAMPYLOBACTER SPP EN COPROCULTIVOS EN EL AREA SUR DE SEVILLA

Autor/a/s: SIERRA ATIENZA, CELESTINA; LOPEZ SANCHEZ, MANUEL; ISNARD CARO, LEONARDO MORILLA ROLDÁN, DOLORES; CORRALES GARCIA, ARACELI; MORALES GALÁN, PILAR;

GARCIA JIMENEZ, M^ª ISABEL; ALLER GARCIA, ANA ISABEL; MARTIN-MAZUELOS, ESTRELLA.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE VALME

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico del primer firmante: celestinasierra@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La enteritis por *Campylobacter* spp es una causa común de infección intestinal transmitida al ser humano por animales o por productos de origen animal, suelen ser leves pero pueden ser mortales en niños muy pequeños, personas de edad e individuos inmunodeprimidos.

Estas bacterias morfológicamente son bacilos gramnegativos con forma de coma y móviles por la

presencia de uno o dos flagelos polares, no esporulados y no fermentadores. La mayoría son

microaerófilos y termófilos con crecimiento a una temperatura entre 38-43°C.

OBJETIVOS:

Analizar la incidencia de *Campylobacter* spp en muestras de heces durante el periodo comprendido entre 2014 y 2016 en nuestra área.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las heces se sembraron en placas de Agar *Campylobacter* de la casa comercial bioMérieux (Francia) e incubadas a 42°C durante 48 horas en ambiente microaerófilo que se logra con sobres generadores de gases especiales, Campy Gen™ (Thermo Scientific, Oxoid) a 42°C.

A todas las colonias compatibles con *Campylobacter* spp se les realizó la prueba de la oxidasa de la casa comercial Remel, si fue positiva se realizó el test de hidrólisis de hipurato (diatabs™ Rosco).

RESULTADOS:

Se analizaron 11239 muestras, de estas, 1544 (13,73%) muestras fueron cultivo positivo y 749 (48,51%) lo fueron para *Campylobacter* spp.

Tabla 1. Nº de coprocultivos positivos a *Campylobacter* spp por años

AÑO 2014	TOTAL	POSITIVOS	% POSITIVOS TOTALES	CAMPYLOBACTER SPP	% POSITIVOS
		3854	550	14,27	257
AÑO 2015	TOTAL	POSITIVOS	% POSITIVOS TOTALES	CAMPYLOBACTER SPP	%
		3500	498	14,23	255
AÑO 2016	TOTAL	POSITIVOS	% POSITIVOS TOTALES	CAMPYLOBACTER SPP	%
		3885	496	12,77	237

Tabla 2. Distribución de las especies de *Campylobacter* spp por años

	AÑO 2014		AÑO 2015		AÑO 2016	
	MUESTRAS	%	MUESTRAS	%	MUESTRAS	%
C. jejuni	251	97,67	236	92,55	210	88,61
C. coli	6	2,33	18	7,06	24	10,13
C. fetus	0	0,00	1	0,39	1	0,42
C. lari	0	0,00	0	0,00	2	0,84

CONCLUSIONES:

1. *Campylobacter jejuni* es el microorganismo más frecuentemente aislado.
2. En el año 2016 descendió el Nº de aislamientos del *Campylobacter jejuni* pero aumentó el del *Campylobacter coli* y se aisló una nueva especie con 2 aislamientos (*Campylobacter lari*).

Resumen Comunicación Científica - PANEL

INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL E INFECCIONES GENITALES EN UNA CLÍNICA DE ITS DURANTE EL AÑO 2016

Autores: LÓPEZ SÁNCHEZ, MANUEL; SIERRA ATIENZA, CELESTINA; CORRALES GARCIA, ARACELI; MORALES GALAN, PILAR; VARGAS ROMERO, JULIO; PUEYO RODRÍGUEZ, ISABEL; MARTÍN MAZUELOS, ESTRELLA.

Centro de trabajo (HOSPITAL DE VALME)

Localidad: (SEVILLA)

Correo electrónico del primer firmante: mlsrae@hotmail.com

RESUMEN:

Las clínicas de infecciones de transmisión sexual (ITS) contribuyen en gran medida al diagnóstico y control de las ITS y otras infecciones genitales (IG). Las tasas de incidencia de ITS han tenido un nuevo resurgimiento en España y Andalucía desde comienzos del siglo XXI por lo que continúan siendo un grave problema de salud pública. El objetivo de este estudio es analizar la situación de los casos de éstas infecciones que han sido diagnosticadas durante el año 2016.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Hemos realizado un estudio retrospectivo y descriptivo de las ITS e IG diagnosticadas en los pacientes atendidos durante el año 2016 (1 de enero a 31 de diciembre) en el Centro de ITS de Sevilla.

Se han estudiado 4103 pacientes. La distribución por sexo ha sido de 2565 hombres y 1538 mujeres (62,51% vs 37,49%), con una edad media en ambos casos de 28 años y rangos de edad entre 15-76 años en hombres y 15-74 años en mujeres.

A todos se les abrió historial clínico y en su primera visita se les realizó un cuestionario detallado acerca de su profesión, conducta sexual, nº de parejas en el último año, uso de drogas, otras ITS anteriores, etc... Así mismo a todos los pacientes se les realizó según los datos clínicos y epidemiológicos toma de muestras (sangre, exudados, etc.) y posterior envío al laboratorio de microbiología del Hospital de Valme de Sevilla para estudio microbiológico de sífilis, Chlamydia, gonococo, herpes simple, virus papiloma humano, VIH, etc...

RESULTADOS:

De los 4103 pacientes atendidos a 2610 (1581 hombres vs 1029 mujeres) les fue diagnosticada algún tipo de infección. La conducta sexual de esta población fue: 1062 hombres heterosexuales, 1007 mujeres heterosexuales, 50 pacientes bisexuales (39 hombres y 11 mujeres) y 491 pacientes homosexuales (480 hombres (HSH) y 11 mujeres). Los diagnósticos más frecuentes han sido: condilomas acuminados (1153 casos, 44%), condilomas acuminados recidivantes (227 casos 8,7%), gonococia uretral, faríngea, rectal o cervical (224 casos, 8,6%), moluscum contagiosum genital (210 casos, 8%), infección por Chlamydia trachomatis uretral, cervical o rectal (190 casos, 7,3%), linfogranuloma venéreo (13 casos, 0,5%, todos en HSH) sífilis primaria, secundaria o latente (160 casos, 6%, el 87% en HSH), vaginosis bacteriana (91 casos, 3,5%), vulvovaginitis candidiásica (45 casos, 1,7%), herpes genital (157 casos, 6%), balanitis candidiásica (34 casos, 1,3%), uretritis/vaginitis de origen desconocido (33 casos, 1,3%), y otras (47 casos, 1,8%). Los pacientes con infección por el VIH fueron 99 de los cuales 26 fueron diagnosticados en el año 2016 (24 eran HSH).

En 511 casos se presentaron 2 infecciones al mismo tiempo siendo la asociación más frecuente la de condilomas acuminados junto con infección por Chlamydia trachomatis. En 146 casos fueron diagnosticadas 3 o más infecciones siendo las más frecuentes Chlamydia, condilomas acuminados, Moluscum contagiosum, gonococia, vaginosis bacteriana, vulvovaginitis candidiásica y balanitis candidiásica.

CONCLUSIONES:

1. Los condilomas acuminados es la ITS más frecuente en todos los grupos de riesgo.
2. El colectivo HSH es el predominante en VIH, sífilis, linfogranuloma venéreo y gonococia.
3. Es necesario insistir en el uso de medidas de protección.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 314

ARTRITIS SEPTICA EN NIÑOS POR KINGELLA KINGAE EN PERIODO 2007-2017 EN HOSPITAL UNIVERSITARIO LA PAZ.

Autor/a/s: Pablo Prieto Casado, Esther Tato Gutiérrez, Nuria Rico González, Alfonso Aranda Díaz, Montserrat Lozano Doncel.

Centro de trabajo: Hospital Universitario La Paz

Localidad: Madrid.

Correo electrónico del primer firmante: pprieto_casado@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Kingella kingae es un cocobacilo Gram negativo de crecimiento lento y exigente que se presenta en forma de parejas o de cadenas cortas. Es una bacteria de baja patogenicidad perteneciente a la flora nasofaríngea. Se transmite de niño a niño a través de secreciones respiratorias, atravesando las barreras mucosas cuando éstas se debilitan debido a infecciones respiratorias o estomatitis. Una vez en sangre tiene especial afinidad por el sistema osteoarticular.

OBJETIVOS:

Incidencia de Kingella kingae en artritis séptica en niños de 0 a 6 años en el periodo Enero 2007- Enero 2017.

Valorar los resultados de aislamiento de Kingella kingae en medios de cultivo sólidos y de enriquecimiento y técnicas de biología molecular (PCR).

Analizar la sensibilidad antibiótica de Kingella kingae.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Las muestras de líquido articular se siembran en los medios sólidos agar sangre y agar chocolate, y se recomienda inocular parte de la muestra en el momento de la toma en frasco de hemocultivo (BACTEC™) o en su defecto a la llegada al laboratorio y reservar una parte a -80°C para poder realizar posteriormente técnicas de biología molecular en caso de un resultado negativo del cultivo en medios sólidos. También se realiza Gram directo de la muestra.

RESULTADOS:

Se analizaron un total de 194 muestras de las que fueron negativas 167 (84%) y positivas 27 (14%). En las muestras positivas los microorganismos patógenos aislados fueron: Kingella kingae 13 (41%), S. aureus 4 (13%), Streptococcus pneumoniae 3 (9,6%), E. coli 2 (6,4%), Streptococcus agalactiae 2 (6,4%), Morganella morganii 1 (3,2%), Streptococcus pyogenes 1 (3,2%) y Ureaplasma urealyticum 1 (3,2%).

Kingella kingae se aisló directamente de los medios de cultivo en el 69% (9) de los casos, y en el 31% (4) que no creció, se detectó su presencia por técnicas de PCR sobre la muestra. En 12 de los 13 casos los niños tenían una edad comprendida entre 1-2 años.

En todos los casos Kingella kingae fue sensible a betalactámicos, eritromicina, cloranfenicol, tetraciclina y ciprofloxacino. En ningún caso se detectó la producción de beta-lactamasas. Todas las cepas fueron sensibles a trimetoprim-sulfametoxazol excepto 1, resistencia esporádica ya descrita en la literatura.

CONCLUSIONES:

Kingella kingae es el principal responsable de las artritis sépticas en niños en edad comprendida 0-6 años con especial incidencia en niños entre 1-2 años.

Es muy necesario contar con capacidad de realización de técnicas de biología molecular para la detección de Kingella kingae ya que en un 31% de los casos no se hubiera podido detectar su presencia tras un cultivo negativo.

Los resultados de la sensibilidad a antibióticos coincide con la ya descrita en la literatura, por lo que seguimos recomendando el tratamiento con penicilinas y cefalosporinas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 315

ANÁLISIS DE LOS MICROORGANISMOS MULTIRRESISTENTE AISLADOS EN MUESTRAS CON FLORA POLIMICROBIANA.

Autor/a/s: INMACULADA ZORIO REYES, ROSA MARIA GUERRA ROGER, DOLORES VELAZQUEZ MIRANDA, DUNIA MONTESDEOCA MOLINA, FRANCISCO CHAMIZO, RAUL GILARRANZ

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO DE GRAN CANARIA DOCTOR NEGRIN

Localidad: LAS PALMAS

Correo electrónico del primer firmante: cucazorio@gmail.com

RESUMEN:

OBJETIVOS:

Analizar los microorganismos multirresistentes aislados en muestras clínicas con flora polimicrobiana al examen microscópico en las que no se realiza identificación ni antibiograma.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se incluyeron 35 muestras de 34 pacientes, obtenidas por punción, biopsia o aspiración intraoperatoria y con flora polimicrobiana al examen microscópico (tres o más microorganismos), entre noviembre de 2015 y enero de 2016. Se investigó la presencia de Staphylococcus aureus resistente a meticilina (SARM), Enterococcus spp resistente a beta-lactámicos, enterobacterias productoras de betalactamasas (betalactamasas de espectro ampliado (BLEA), AmpC desreprimido y/o carbapenemasas) y bacilos gram negativo no fermentadores. Para ello, las muestras se sembraron en medio líquido Brain-Heart Infusion y tras 24h de incubación a 37°C se hizo un pase a agar sal-manitol suplementado con cefoxitin 30 mg/L, agar bilis-esculina suplementado con ampicilina 16 mg/L y agar MacConkey suplementado con cefotaxima 4 mg/L. La identificación se realizó mediante MALDI-TOF. Se realizó estudio de sensibilidad in vitro mediante métodos fenotípicos (difusión en agar) para confirmar los fenotipos de resistencia detectados y además descartar otros. Se revisaron factores de riesgo para la adquisición de microorganismos multirresistentes (edad, antecedentes patológicos, ingresos previos, contacto habitual con asistencia sanitaria, antibioterapia previa de amplio espectro, ingreso en unidades de riesgo (críticos) y tratamiento de los 34 pacientes con alguna muestra incluida en el estudio.

RESULTADOS:

Se incluyeron 20 muestras de origen abdominal (abscesos/colecciones 8, líquido peritoneal 7, bilis 3 y muestras quirúrgicas 2) y 15 de piel y tejidos blandos (abscesos/colecciones 6, biopsias cutáneas 7 y exudados de herida operatoria 2). En 16 (42,9%) muestras, 10 de origen abdominal y 6 de piel y tejidos blandos, se aisló algún MNC.

Los microorganismos aislados fueron: 1 SARM, 6 Enterococcus faecium resistentes a ampicilina, 6 Pseudomonas aeruginosa, 6 enterobacterias productoras de AmpC (2 Enterobacter cloacae, 2 Citrobacter freundii, 1 Enterobacter cancerogenus, 1 Morganella morganii) y 4 enterobacterias productoras de BLEA (3 Escherichia coli, 1 Klebsiella pneumoniae).

La mayoría de los aislados de enterobacterias productoras de BLEA (3 de 4), P. aeruginosa (5 de 6) y E. faecium (5 de 6) se recuperaron en muestras de origen abdominal, mientras que el único SARM y la mayoría de enterobacterias productoras de AmpC (4 de 6) se recuperaron a partir de muestras de piel y tejidos blandos.

CONCLUSIONES:

En las muestras con flora polimicrobiana al examen microscópico, sería recomendable emplear medios selectivos que permitan recuperar MNC para orientar de forma más precisa el tratamiento antibiótico y establecer, si procede, medidas de aislamiento que eviten su diseminación en las unidades de hospitalización.

FLAVIVIRUS, ALPHAVIRUS Y PHLEBOVIRUS COMO AGENTES ETIOLÓGICOS DEL SÍNDROME FEBRIL EN VIAJEROS.

Autor/a/s: DIEGO MARTINEZ MORALES, JOAQUIM RUIZ, JOAQUIM GAS-CÓN, FERNANDO MENDES, MIKEL MARTINEZ YOLDI

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINIC DE BARCELONA

Localidad: BARCELONA

Correo electrónico del primer firmante: dmartinez.morales@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Después de cada viaje, entre un 5% y un 10% de los viajeros necesitan cuidados médicos. La fiebre es, sin duda, el síndrome más importante ya que puede convertirse en una amenaza para la vida en un corto periodo de tiempo. Aunque la malaria es el síndrome febril más importante, las infecciones causadas por arbovirus son muy comunes en el diagnóstico diferencial.

OBJETIVOS:

Investigar la contribución de flavivirus, alphavirus y phlebovirus como agentes etiológicos del síndrome febril en viajeros provenientes de áreas tropicales y subtropicales en una colección de muestras recogidas entre enero de 2003 y diciembre de 2004.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En este estudio fueron incluidas 209 muestras de suero de pacientes que viajaron a zonas endémicas por arbovirus y visitaron los servicios de Medicina Tropical o Urgencias en Hospital Clínic de Barcelona (HCB). Dengue y chikungunya son rutinariamente investigados bajo sospecha clínica desde 2010. La presencia de otros arbovirus fue investigada mediante con una Reacción en Cadena de la Polimerasa con Transcriptasa Inversa (RT-PCR) Triplex genérica para la detección flavivirus, alphavirus y phlebovirus.

RESULTADOS:

De las 209 muestras analizadas, 0,48% fueron positivas. La secuenciación del amplicon obtenido reveló que se trataba de un dengue virus serotipo 1. No se detectaron otros alphavirus ni phlebovirus.

CONCLUSIÓN:

No se detectaron otros alphavirus ni phlebovirus, ni flavivirus diferentes del dengue. Esto indica que la frecuencia de otros arbovirus diferentes al dengue o al chikungunya fue muy baja en el periodo de estudio. Sin embargo, la emergencia reciente de otros arbovirus como el zika y la posibilidad de que otro arbovirus se expanda, sugieren que el uso de técnicas genéricas de detección de amplio espectro es útil para la vigilancia de las arbovirosis importadas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

BROTOS DE GASTROENTERITIS EPIDÉMICA DIAGNOSTICADOS EN EL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA DEL HOSPITAL EL BIERZO (1999-2016)S

Autor/a/s: RODIL FERREIRO REBECCA; CENTENO SALVADORES PILAR; ALONSO ÁLVAREZ VICTORINA; URÍA POL CONSUELO; FERNÁNDEZ NUÑEZ BEGOÑA; MERAYO RODRIGUEZ IRENE; LÓPEZ MEDRANO RAMIRO.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Correo electrónico del primer firmante: rebecca.rodil@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Se describen los brotes de gastroenteritis epidémica (GE) registrados en el Laboratorio de Microbiología del Hospital El Bierzo a lo largo de 17 años (1999-2016). Estos brotes tuvieron lugar en la comarca del Bierzo y su entorno, relacionados con eventos sociales o ingesta de aguas de abastecimiento.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó una toma de muestras de heces de los pacientes que acudieron al Servicio de Urgencias del hospital El Bierzo tras sufrir el episodio de gastroenteritis. En cada caso se procesaron las muestras de heces para coprocultivo y en caso de sospecha, de antígenos de Rotavirus y Adenovirus. El coprocultivo se realizó sembrando una placa de agar sangre, agar MacConkey, agar Salmonella-Shigella y Agar Campylobacter. También se sembró un caldo de enriquecimiento Salmonella- Shigella, que se subcultivó durante 48h. Se realizaron paneles de identificación y antibiograma de las colonias sospechosas (Microscan, Beckman). El serotipado se realizó mediante antisueros específicos. La confirmación de la identificación, fagotipado y lisotipado se realizó en el Centro Nacional de Referencia (Instituto de Salud Carlos III de Majadahonda). La detección de antígenos de rotavirus y adenovirus se realizó mediante inmunocromatografía por técnicas comerciales. En el brote de GE de Villafranca 2004, se envió al mismo Centro de Referencia para proceder al genotipado de los rotavirus.

RESULTADOS:

A lo largo del período estudiado se registraron al menos 10 brotes de GE, de los cuales 7 se debieron a salmonelosis, 1 a shigelosis y 2 a rotavirus. Las características de cada brote se describen en la Tabla I: año del brote, evento asociado, localización geográfica, fuente de infección, número de aislamientos en pacientes y manipuladores de alimentos, y el agente causal identificado. Predominaron los brotes de GE por Salmonella, que se relacionaron con comidas en bares, restaurantes y una residencia de ancianos. El serotipo predominante fue S. enteritidis. Se describe un brote por S. hadar, que se aisló en 3 pacientes, relacionado con la ingesta de pollo precocinado distribuido por todo el territorio nacional. Se describen 2 brotes de GE por rotavirus, uno relacionado con ingesta de aguas de distribución insuficientemente cloradas (Villafranca, 2004) y otro desarrollado en una guardería (Cacabelos, 2016). Un único brote de GE relacionado con Shigella (Corullón, 1999) también se relacionó con déficit de cloración de aguas potables de la red de distribución.

CONCLUSIÓN:

En nuestra comarca las GE han estado relacionadas con alimentos contaminados o con la ingesta de aguas potables mal cloradas. Los enteropatógenos aislados han sido los habituales y en algunos casos se han podido aislar también en los alimentos implicados y en las muestras de algunos de los manipuladores estudiados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

DISTRIBUCIÓN GENOTIPOS DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN EL HOSPITAL EL BIERZO (PONFERRADA) 2002- 2016

Autor/a/s: Rodil Ferreira, Rebecca; Centeno Salvadores, Pilar; Uría Pol, Consuelo; Merayo Rodríguez, Irene; Alonso Álvarez, Victorina; Fernández Nuñez, Begoña; Martínez García, Amor.

Centro de trabajo: Hospital El Bierzo

Localidad: Ponferrada

Correo electrónico del primer firmante: Rebecca.rodil@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

La hepatitis C (VHC) es una infección vírica de gran importancia médica y social. Es un agente de transmisión parenteral, habitualmente asintomático y suele acabar en una infección crónica representando un grave problema para la salud global.

Para su diagnóstico se emplean técnicas de cribado de electroquimioluminiscencia y enzimoimmunoensayo. Y para comprobar la actividad viral, técnicas moleculares.

El virus de la Hepatitis C, es uno de los de mayor diversidad genética, y para definir el tratamiento con los estudios Antivirales Acción Directa (AAD), es imprescindible conocer el genotipo.

Tiene como objetivo la distribución de genotipo de Hospital El Bierzo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El cribado se realizó mediante la determinación de anticuerpos Anti-VHC en suero. La confirmación de anticuerpos Anti-VHC, se lleva a cabo mediante el uso de técnica de Inmuno-blot.

La carga viral de los mismos y genotipo se realizó a través de técnicas de PCR (en tiempo real Taqman Roche).

RESULTADOS:

Entre los años 2002-2016 se han estudiado 715 pacientes, dentro de los cuales se observa, que el genotipo más frecuente es el 1b, seguido del 1 a, siendo la presencia de otros genotipos de menor frecuencia como son; 2, 3 y el 4.

Los afectados por el virus (VHC) en este estudio, proceden en su mayoría de las consulta de Medicina Interna y Digestivo. Destacando mayor número de casos positivos en hombres que en mujeres. (Ver gráfica).

Genotipo	1	1/4	1a	1a/b	1a/c	1b	1c	1ser	2	2a/c	2b	2ser	3	3a	4	4a	4c/d	4e	4ser	Total	
Casos	93	1	158	18	2	207	5	5	7	15	5	1	32	88	29	2	1	43	1	2	721
Hombres	62	0	114	15	2	119	4	4	5	8	2	1	25	69	22	2	0	28	1	2	490
Mujeres	31	1	44	3	0	88	1	1	2	7	3	0	7	19	7	0	1	15	0	0	231

	Digestivo	Medicina Interna	Total
Número Pacientes	582	139	721

CONCLUSIONES:

El genotipo VHC predominante en nuestra área fue el 1b. Se observaron diferencias en la distribución de genotipos en los diferentes grupos de población según sus antecedentes de riesgo.

Las tres infecciones más frecuentes son causados por los genotipos 1b, 1 a y 1 respectivamente. En menor número el genotipo 3, ofrece mayor resistencia a la respuesta terapéutica.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 333

ENTEROPATÓGENOS AISLADOS EN EL HOSPITAL EL BIERZO (1995-2014)

Autor/a/s: ALONSO ÁLVAREZ VICTORINA; RODIL FERREIRO REBECCA; CENTENO SALVADORES PILAR; URÍA POL CONSUELO; FERNÁNDEZ NUÑEZ BEGOÑA; MERAYO RODRIGUEZ IRENE; LÓPEZ MEDRANO RAMIRO.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Correo electrónico del primer firmante: vitalonsoalvarez12@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Los microorganismos enteropatógenos son una importante causa de morbilidad en forma de diferentes tipos de gastroenteritis, algunas de los cuales pueden ser epidémicas y en otros casos de predominio nosocomial. El objetivo de este estudio es el análisis retrospectivo de los diferentes grupos de enteropatógenos aislados el Hospital El Bierzo durante un periodo de 20 años (1995-2014).

MATERIAL Y MÉTODOS:

El aislamiento de las bacterias enteropatógenas se realizó mediante coprocultivo convencional, sembrando cada muestra de heces en medios de aislamiento sólidos (Agar Sangre, Agar McConckey, Agar Salmonella-Shigella y Medio de cultivo de Campylobacter) y medio de enriquecimiento líquido (Selenite F). La incubación específica fue de al menos 48 horas y las colonias sospechosas se identificaron mediante paneles comerciales de identificación y antibiograma. La identificación de salmonelas se completó con serotipado y envío al centro de referencia (ISCIII de Majadahonda). La detección de antígeno y/o de toxinas de Clostridium difficile (CD) se realizó mediante diferentes inmunocromatografías comerciales y en el último año también con PCR. La detección de antígenos de virus enteropatógenos se realizó por diferentes inmunocromatografías comerciales.

RESULTADOS:

A lo largo del periodo estudiado las principales bacterias enteropatógenas aisladas han sido Campylobacter y Salmonella. El número de aislamientos de Campylobacter spp empezó siendo inferior al de Salmonella spp, pero a partir de 1997 le superó alcanzando un máximo de aislamientos en 2001. A partir de entonces ambos tendieron a la baja, aunque se mantuvo una gran diferencia a favor de Campylobacter spp como primera bacteria enteropatógena a lo largo del periodo estudiado, siendo mayoritariamente C.jejuni subespecie jejuni. El número de salmonelas se ha ido reduciendo paulatinamente, pasando de superar la centena al principio del periodo hasta llegar a la treintena de aislamientos al final del mismo. El pico máximo se produjo en 2002 con 177 aislamientos comenzando con un predominio de S.enteritidis con un máximo en 2002 y a partir de 2009 se invirtió, predominando S. typhimurium. El virus enteropatógeno predominante fue Rotavirus con un pico máximo en 2004 con 170 casos seguido a gran distancia por Adenovirus, que alcanza su pico máximo ese mismo año con 43 casos. Respecto a las gastroenteritis de predominio nosocomial, la detección de toxinas A/B de CD se comenzó a utilizar en 1998, con un pico máximo de CD toxigénico en 2005 con 22 casos, que posteriormente sufre una caída y a partir de 2010 inicia un progresivo ascenso hasta alcanzar cifras de 19 casos en 2014.

CONCLUSIONES:

Los microorganismos enteropatógenos aislados incluidos en este estudio a lo largo de un periodo de 20 años muestran cifras de predominio y tendencias evolutivas similares a las de otras áreas geográficas de nuestro entorno y reflejan la mejoría de los hábitos y prácticas higiénico-sanitarios.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 334

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO EN UN BROTE DE SALMONELOSIS DE UNA RESIDENCIA DE ANCIANOS DE PONFERRADA (LEÓN) EN 2016

Autor/a/s: CENTENO SALVADORES PILAR; ALONSO ÁLVAREZ VICTORINA; RODIL FERREIRO REBECCA; MERAYO RODRIGUEZ IRENE; URÍA POL CONSUELO; FERNÁNDEZ NUÑEZ BEGOÑA; LÓPEZ MEDRANO RAMIRO.

Centro de trabajo: HOSPITAL EL BIERZO

Localidad: PONFERRADA

Correo electrónico del primer firmante: esapiluca@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los brotes de gastroenteritis en ancianos institucionalizados son un problema de salud que ocurre con cierta frecuencia en países desarrollados. Fallos en la cadena de manipulación de los alimentos pueden conducir a casos de gastroenteritis que por la edad y estado de salud pueden ser graves y en algunos casos mortales.

OBJETIVOS:

Se describe el estudio microbiológico de un brote de gastroenteritis por Salmonella en la residencia de ancianos Flores del Sil de Ponferrada (León) que se desarrolló durante la primera semana del mes de Septiembre de 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras de heces de los pacientes, de los manipuladores y del personal se procesaron para coprocultivo sembrando cada muestra en un tubo con medio de enriquecimiento Selenite F y una placa de Salmonella-Shigella (SS). Se incubaron en estufa a 37°C durante al menos 48h. A las 48 h se hicieron resiembras del caldo de enriquecimiento. Las colonias sospechosas se identificaron en un panel de identificación/antibiograma Microscan Neg Combo Type 53 (Beckman R) y se serotiparon. Todos los aislamientos se remitieron al Centro de Referencia Nacional Instituto de Salud Carlos III de Majadahonda para la confirmación de la identificación y estudio clonal.

RESULTADOS:

Se procesaron un total de 168 muestras de heces procedentes de

20 residentes, 8 manipuladores de alimentos de cocina, 102 trabajadores fijos y 38 trabajadores eventuales de la residencia. El brote de gastroenteritis afectó al menos a 21 residentes de los cuales 5 ingresaron en el Hospital El Bierzo, dos de los cuales fallecieron. En 8 de los residentes se aisló *Salmonella enteritidis* (S. enterica enterica I) perteneciendo todos los aislamientos al mismo fagotipo 59 y pulsotipo Xbal.0024 var. No se obtuvieron aislamientos de *Salmonella* en el resto del personal y residentes estudiados. No se obtuvieron aislamientos de *Salmonella* en los alimentos estudiados.

CONCLUSIONES:

El brote de gastroenteritis descrito ha supuesto una morbimortalidad asociada a los residentes, una elevación considerable de la carga de trabajo asistencial en el hospital y especialmente en el laboratorio de Microbiología. Sin embargo no ha podido establecerse el origen de la intoxicación ni identificarse la cadena de transmisión.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 337

GESTIÓN DE CALIDAD EN EL REGISTRO INFORMÁTICO DE INCIDENCIAS EN LABORATORIO DE DIAGNÓSTICO CLÍNICO Y SU APLICABILIDAD EN EL MARCO DE LA IMPLANTACIÓN DE UN NUEVO SISTEMA INFORMÁTICO (MILLENIUM) EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS.

Autor/a/s: García Martínez, Laura; Arango García, Belén; Martínez Prieres, Salomé; Orviz Álvarez, Mercedes; Vallina Martínez Estefanía.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Central de Asturias

Localidad: Oviedo

Correo electrónico del primer firmante: lagarmartinez25@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El concepto de incidencia es entendido en el sistema de gestión de calidad de la empresa,

como todo aquel suceso que tiene relación directa o indirecta sobre la marcha normal de las actividades. Las incidencias pueden tener su origen en el incorrecto diseño de uno o varios procesos o en la incorrecta ejecución de

los procesos establecidos o incluso en la falta de recursos necesarios, pero generan una serie de problemas y retrasos en cuanto al procesamiento de muestras en el ámbito del trabajo diario en laboratorio de Diagnóstico clínico, por ello resultan de gran utilidad los avances en el campo informático para ayudar a minimizar las consecuencias a lo largo del proceso de atención hospitalaria.

OBJETIVOS: Evaluar los avances en la gestión y cuantificar el número de incidencias ocurridas en laboratorio de Microbiología gracias a la implantación del programa informático Millenium entre los años 2015 y 2017.

MATERIAL Y MÉTODOS:

En el marco de las implantación del programa informático Millenium y gracias a su aplicación Geslab específica para Laboratorio se cuantificación el número de incidencias ocurridas en Laboratorio de medicina en el Hospital Universitario central de Asturias desde Enero de 2015 a Febrero de 2017.

RESULTADOS:

Se contabilizaron un total de 1457 incidencias entre el periodo de tiempo comprendido entre el 1 de Enero de 2015 y el 14 de febrero de 2017. En cuanto a la tipología de las incidencias que se codificaron, destacaron por su mayor número de veces ocurridas los siguientes ítems petición de muestras duplicadas con un total de 443 muestras, muestras no recibidas en laboratorio haciendo un total de 627 muestras, y contenedores de muestras vacíos contabilizada esta incidencia 254 veces.

CONCLUSIONES:

Se han registrado un gran número de incidencias durante el periodo recabado. La aplicación de este sistema informático (Millenium) en el

campo de la gestión de incidencias además de ayudar a contabilizar el número de las mismas resulta una herramienta de gran valor para poder incidir directamente sobre los costes de gestión y en el diseño de nuevos métodos para intentar reducir su incidencia y /o minimizar sus consecuencias y mejorar la eficacia y eficiencia en el campo de trabajo.

La utilidad de este tipo de programas informáticos es innegable y genera la posibilidad de abrir nuevos campos de actuación para mejorar la calidad y reducir los costes tanto sanitarios como a satisfacer las demandas de los usuarios.

Tipo de Incidencia	Cantidad
Muestras no recibidas	627
Peticiones duplicadas	443
Vial de muestras vacío	254
Muestras con volumen insuficiente	68
Solicitud incorrecta	31
Contenedor inadecuado	23
Muestra inadecuada para la petición	7
Faltan datos administrativos	4
Total	1457

Fig 1. Tabla de registro de Incidencias ocurridas en Laboratorio de Medicina(Microbiología) entre los años 2015- 2017.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 338

EVALUACIÓN DE LA ESPECTROFOTOMETRÍA DE MASAS (MALDI-TOF) PARA LA IDENTIFICACION DE ESTAFILOCOCOS DIRECTAMENTE DE HEMOCULTIVOS.

Autor/a/s: Cañadas-Martos Jorge, Mena-Llamas Inmaculada, Arca-Suárez Jorge, Galán-Sánchez Fátima, Rodríguez-Iglesias Manuel Antonio.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO PUERTA DEL MAR

Localidad: CÁDIZ

Correo electrónico primer firmante: jorge.canadas.sspa@juntadeandalucia.es

RESUMEN:

Antecedentes/Objetivo: La técnica de identificación de microorganismos directamente del frasco de hemocultivo mediante MALDI-TOF es un procedimiento que permite obtener resultados rápidos y fiables. La identificación de bacilos gramnegativos es favorable aun con las dificultades de la baja carga bacteriana y los residuos biológicos de la muestra. No ocurre así en el caso de cocos grampositivos, y específicamente en estafilococos, donde esta técnica no obtiene resultados tan óptimos. Realizamos este estudio para evaluar un procedimiento para la identificación mediante MALDI-TOF de estafilococos directamente del hemocultivo utilizando una técnica de extracción rápida e integrada en el protocolo de rutina de trabajo diario.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El estudio se realizó prospectivamente entre abril y agosto de 2016 en la UGC de Microbiología del Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, incluyendo en el estudio los hemocultivos positivos, tras incubación en el sistema Bactec FX (Becton Dickinson), en los que se observaron estafilococos en la tinción de Gram. Se extrajeron 1.5 mL del hemocultivo y se mezclaron con 50 uL de Tritón al 10%, centrifugándose a 13200 rpm durante 2 . Tras descartar el sobrenadante, se resuspendió el sedimento en 500 uL de agua destilada para volver a centrifugar (13200 rpm /2). El sedimento se resuspendió en 50 uL de etanol absoluto, depositándose 1 uL en un pocillo de la placa MALDI-TOF, se dejó secar y se añadió 1 uL de ácido fórmico (70%) y matriz, para finalmente realizar la lectura. La confirmación de los resultados se llevó a cabo mediante espectrometría de masas a las colonias obtenidas en los subcultivos tras incubaciones de 18-24 horas.

RESULTADOS:

Se estudiaron un total de 70 hemocultivos, en los que se identificaron directamente seis especies de estafilococos: *S. aureus* (n=8) [score: 1,89 2,228], *S. haemolyticus* (n=9) [score: 1,738 2,137], *S.*

hominis (n=25) [score: 1,6 2,214], S. warneri (n=1) [score: 1,891], S. epidermidis (n=24) [score: 1,6 2,263] y S. capitis (n=3) [score: 1,73 1,95]. Los resultados de identificación microbiana mediante sistema MicroScan en los subcultivos correspondientes fueron idénticos en todos los casos. Los resultados para cada muestra se obtuvieron siempre en un tiempo inferior a 10 minutos por sistema MALDI-TOF desde la visualización del Gram siendo necesarias de 18-24 horas para su identificación por sistema MicroScan.

CONCLUSIONES:

La identificación de estafilococos directamente del frasco de hemocultivo por sistema MALDI-TOF nos permite diferenciar contaminaciones de infecciones, ya que aunque los estafilococos aparecen frecuentemente en los frascos de hemocultivos, son importantes productores de bacteriemias nosocomiales. Esta técnica es fácil, rápida, fiable e integrable en la rutina de trabajo.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 339

DETERMINACIÓN DE LA ADHERENCIA, SUPERVIVENCIA Y CAPACIDAD DE FORMACIÓN DE BIOCAPAS EN SUPERFICIES INERTES DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORA DE CARBAPENEMASAS.

Autor/a/s: CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER; SERRANO ROCHA, LARA; DÍAZ DE ALBA, PAULA MARÍA; ORTIZ ARIZA, ESTEFANIA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN MACARENA

Localidad: SEVILLA

Correo electrónico primer firmante: caballero_moyano86@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Klebsiella pneumoniae está frecuentemente implicado en brotes nosocomiales. Tienen gran capacidad de diseminar determinantes de resistencia (carbapenemasas) y un elevado potencial epidémico. También tienen un importante papel en la dispersión. La capacidad de crecimiento de estas bacterias puede verse afectada dependiendo de la superficie donde se encuentren posadas, pudiendo favorecer la selección y diseminación de estos clones. La formación de biocapas puede favorecer la supervivencia de las bacterias.

OBJETIVO:

El objetivo de este estudio fue determinar la adherencia, supervivencia en superficies inertes y capacidad de formación de biocapas de *K. pneumoniae* productora de carbapenemasas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se seleccionaron clones de *K. pneumoniae* que producían carbapenemasas: ST405/OXA-48, ST11-VIM1, ST15/OXA-48, ST258/KPC-3 y ST13/OXA-48, ST846/OXA-48.

Se estudió la formación de biocapas en placas de poliestireno con un medio pobre en nutrientes (medio M9).

Se realizó de la siguiente manera: se incubaron las cepas de estudio en tubos con medio TSB suplementado con 0.25% de glucosa durante toda la noche a 37°C en agitación. Al día siguiente se realizó una dilución 1/100 del cultivo en medio M9. Se añadió 200 µl de esta dilución en las placas de poliestireno: para determinar la adherencia a las 24 horas, 48 horas, 72 horas, 1 semana y 2 semanas (tinción con cristal violeta) y para determinar la supervivencia a las 24 horas, 48 horas, 72 horas, 1 semana, 2 semanas, 3 semanas, y 1 mes (siembra en recuento).

Para poder medir la adherencia se realizó la tinción con cristal violeta, que permite medir mediante absorbancia (nm) la cantidad de biocapa formada. La supervivencia de las biocapas formadas se cuantificó realizando siembra en recuento. Se despegó la biocapa de la placa de poliestireno mediante sonicación (corriente eléctrica en medio líquido) y después se realizó una dilución 1/1000 y se sembró en placas de MHA. Se realizaron 3 repeticiones de cada cepa.

RESULTADOS:

Los resultados de la adherencia y la supervivencia fueron:

Clones/ Carbapenemasa	Adherencia (absorbancia)			
	24H	48H	72H	1SEM
ST405/OXA-48	0,6933	0,4748	0,3216	0,4601
ST11/VIM-1	0,0273	0,0167	-0,0057	0,0127
ST15/OXA-48	1,1054	1,2098	0,8896	1,4170
ST258/KPC-3	0,1159	0,0994	0,0699	0,1603
ST13/OXA-48	1,1864	1,2609	0,9766	1,1604
ST846/OXA-48	0,4015	0,4406	0,3978	0,5478

Clones/ Carbapenemasa	Supervivencia (ufc x ml)						
	24H	48H	72H	1SEM	2SEM	3SEM	1MES
ST405/OXA-48	3,66x10 ⁷	5,24x10 ⁷	6,30x10 ⁷	7,40x10 ⁷	3,39x10 ⁷	4,00x10 ⁷	1,83x10 ⁷
ST11/VIM-1	1,07x10 ⁷	8,13x10 ⁶	1,56x10 ⁶	1,17x10 ⁶	1,68x10 ⁴	8,25x10 ²	6,72x10 ⁵
ST15/OXA-48	5,67x10 ⁷	6,85x10 ⁷	9,04x10 ⁷	7,55x10 ⁷	4,39x10 ⁷	1,62x10 ⁶	0,00
ST258/KPC-3	4,42x10 ⁶	6,95x10 ⁶	9,20x10 ⁶	3,76x10 ⁶	3,31x10 ⁶	3,55x10 ⁶	5,64x10 ⁵
ST13/OXA-48	5,64x10 ⁷	6,70x10 ⁷	6,76x10 ⁷	5,32x10 ⁷	5,18x10 ⁷	2,84x10 ⁷	2,80x10 ⁷
ST846/OXA-48	1,02x10 ⁷	1,69x10 ⁷	2,08x10 ⁷	2,15x10 ⁷	2,87x10 ⁷	6,69x10 ⁶	1,63x10 ⁶

CONCLUSIONES:

Las cepas ST15/OXA-48 y ST13/OXA-48 fueron las que formaron mayor cantidad de biocapa, por lo tanto fueron las que tuvieron mayor adherencia. La cepa ST258/KPC-3 formó muy poca cantidad de biocapa y la cepa ST11/VIM-1 fue la única que no formó biocapa.

Las cepas que tuvieron una adherencia mayor a la superficie de la placa fueron las cepas que tuvieron una mayor supervivencia, mientras que las que no obtuvieron mucha cantidad de biocapa tuvieron una supervivencia menor.

La técnica de recuento en placa no eliminaba completamente las bacterias que estaban en suspensión en los pocillos por lo que las concentraciones tienen una proporción de estas bacterias, de ahí que las cepas que forman poca o ninguna biocapa obtengan esas concentraciones bacterianas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 340

UTILIDAD DE LAS TÉCNICAS MOLECULARES EN EL DIAGNÓSTICO DE NEISSERIA GONORRHOEAE EN MUESTRAS DE ORIGEN GENITAL, RECTAL Y FARINGEO EN LAS INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL.

Autor/a/s: Melani Roca, Ester Picò, Conxita Berrar, Mireia Soler, Sandra Mascort

Centro de trabajo: Catlab

Localidad: Viladecavalls

Correo electrónico del primer firmante: inalem1987@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las infecciones de transmisión sexual (ITS) son un importante problema de salud pública y requieren de un diagnóstico rápido y seguro que permita, tanto frenar su transmisión, como evitar las complicaciones derivadas de la propia infección. Una de las ITS bacteriana más común y de más aumento en los últimos años es la ocasionada por *Neisseria gonorrhoeae* (NG); ésta frecuentemente resulta asintomática aunque también cursa con cervicitis, vaginosis, uretritis y otros síntomas inflamatorios relacionados. La introducción de técnicas moleculares ha facilitado y disminuido el tiempo de detección y entrega de resultados. Según su diana molecular puede presentar una menor especificidad debido a la presencia de *Neisserias* comensales en estas localizaciones.

OBJETIVOS:

Evaluar la utilidad de incorporar la rtPCR (reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real) en el diagnóstico de NG en las ITS. Evaluar la utilidad de una segunda rtPCR con dos dianas moleculares para NG ante la discordancia de resultados entre el cultivo convencional y una primera rtPCR con una diana única para NG utilizados en el diagnóstico de rutina.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realiza un estudio retrospectivo de los resultados obtenidos por rtPCR multiplex y el cultivo convencional para NG en 4829 muestras de origen genital (endocervical y uretral), rectal y faríngeas con una sospecha de infección de transmisión sexual en el periodo comprendido entre febrero 2016 y febrero 2017. Siguiendo el protocolo de nuestro centro de trabajo, a todas las muestras se les realizó un cultivo convencional para *Neisseria Gonorrhoeae* en medio selectivo Thayer-Martin y posteriormente se les realizó una extracción de ADN mediante el sistema automatizado Nimbus (Hamilton) y la detección genómica por rtPCR multiplex Anyplex "I II STI-7 Detection (Seegene). En los casos en que los resultados fueron discordantes entre el cultivo y la rtPCR se les realizó una PCR de confirmación con Xpert CT/NG assay-Genexpert (Cepheid) FDA-cleared, ésta con dos dianas cromosómicas distintas y más específicas para NG. Se calculó el porcentaje de casos diagnosticados a través de cultivo y de rtPCR multiplex, así como el valor predictivo positivo (VPP) de la rtPCR multiplex mediante MedCalc@v.17.2.

RESULTADOS:

Para el total de cultivos y PCR realizados se hallaron un 1% (23/2967), 3% (33/1169), 5% (24/480) y 3% (7/213) de casos discordantes para los frotis endocervical, uretral, faríngeo y rectal, respectivamente. De éstos, al realizar la Pcr confirmatoria se obtuvo para nuestra técnica molecular de rutina un VPP para los frotis endocervical y uretral del 82.61% y 90.91%; para el faríngeo y rectal éstos fueron del 41.67% y del 71.43%. El total de resultados positivos por cultivo convencional para NG fue del 2% (96/4829) mientras que por PCR confirmada fue del 3% (160/4829).

CONCLUSIONES:

La introducción de las técnicas moleculares incrementa el número de casos diagnosticados de NG respecto al cultivo convencional siendo de relevancia tanto como por el importante problema de salud pública como por las complicaciones que este microorganismo puede producir en los pacientes no diagnosticados y no tratados correctamente.

Incorporar una segunda PCR más específica para NG es de gran utilidad ante los casos de resultados discordantes entre el cultivo convencional y una primera diana molecular como es la multiplex Anyplex" I II STI-7 Detection.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 342

(DETECCIÓN MOLECULAR DE PATÓGENOS INTESTINALES EN NUESTRAS DE HECEs)

Autor/a/s: Adolfo De Salazar, Antonio Sánchez, María De Los Ángeles Espigares, María Dolores Mérida, Josefa López, Natalia Chueca

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Granada

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: adolsalazar@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Allplex Gastrointestinal Full Panel (Seegene) es un ensayo multiplex de RT-PCR en tiempo real que detecta e identifica 25 patógenos del tracto digestivo incluyendo virus, bacterias y parásitos simultáneamente, a partir de muestras de heces. En nuestro estudio se analizó la rentabilidad diagnóstica de este panel frente al coprocultivo, a la detección de antígenos virales y a las técnicas de concentración para la observación parasitológica.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Allplex GI dispone de varios paneles que permiten la detección simultánea en un breve periodo de tiempo de patógenos gastrointestinales. En nuestro estudio se utilizaron 3 paneles que permiten la detección de los siguientes patógenos, Virus: Norovirus GI, Norovirus GII, Rotavirus, Adenovirus, Astrovirus, Sapovirus; Bacterias: *Campylobacter* spp, *Clostridium difficile* toxina B, *Salmonella* spp, *Shigella* spp, *Vibrio* spp, *Yersinia enterocolitica*, *Aeromonas* spp; Parásitos: *Giardia lamblia*,

Entamoeba histolytica, *Cryptosporidium* spp, *Blastocystis hominis*, *Dientamoeba fragilis*, *Cyclospora cayetanensis*. Para este estudio, se seleccionaron muestras de heces provenientes de Atención primaria que cumplieran algún síntoma de afectación gastrointestinal. Se realizó un procesado de rutina dependiendo de la solicitud diagnóstica para estas muestras (coprocultivo, estudio de parásitos y/o antígeno de virus productores de afectación GI [Astrovirus (Biotec), Adenovirus y Rotavirus (Immunospark)] y posteriormente se realizó un estudio mediante el panel Allplex GI.

RESULTADOS:

Se analizaron 65 muestras de heces pertenecientes a 65 pacientes, con una mediana de edad de 5 años (IQR, 1-27), siendo el 49% varones. En nuestra experiencia, el tiempo para el total del procesamiento mediante Allplex GI fue de 6 horas. Se descartaron 3 resultados debidos a fallos en el control interno. Para el estudio de patógenos bacterianos (n=63), la concordancia global fue del 93,55%, las discordancias fueron debidas a 3 *Campylobacter* spp y 1 *Salmonella* spp no detectadas mediante coprocultivo, pero detectadas mediante Allplex GI y 1 *Salmonella* spp detectada por coprocultivo y no identificada por Allplex GI. Para el estudio de virus (n=63), mediante el sistema Allplex GI detectamos 6 casos de Norovirus GII, 1 Norovirus GI y 3 Sapovirus, que no se investigaron mediante técnicas de antígeno, y 3 Astrovirus y 1 Adenovirus que no detectaron las técnicas de antígenos virales.

Finalmente, en el caso de parásitos (n=26) la concordancia global fue del 92,31% con las siguientes discordancias: 2 *Dientamoeba fragilis* detectados mediante Allplex GI y no detectadas por observación microscópica.

CONCLUSIONES:

Allplex GI ha permitido la identificación de bacterias enteropatógenas en 6 horas, y en el caso de parásitos, permite detectar *Dientamoeba* cuya detección mediante observación es compleja debido a su fragilidad. Con respecto a los virus, el panel es más sensible que los ensayos de detección de Antígeno con los que se han comparado, permitiendo además detectar un mayor número de patógenos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 343

STD DIRECT FLOW CHIP: UNA NUEVA HERRAMIENTA MOLECULAR PARA LA DETECCIÓN DE AGENTES INFECCIOSOS CAUSANTES DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL.

Autor/a/s: María de los Ángeles Espigares Gallardo(1), Antonio Barrientos-Durán(2), Juana Carrero-Lérida(2), Ester Lara(2), María Dolores Mérida del Caño(1), Antonio Sánchez Álvarez(1), Asunción Olmo-Sevilla (2)

Centro de trabajo: (1)Complejo Hospitalario Universitario de Granada, (2) Master Diagnostica S.L.

Localidad: Granada

Correo electrónico del primer firmante: angelinesespiga@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

Las infecciones de transmisión sexual (ITS) constituyen una carga importante, destacando entre las cinco primeras categorías de enfermedades que precisan de asistencia sanitaria en adultos. Más de un millón de personas adquiere una ITS cada día, lo que implica que la implementación de nuevas herramientas moleculares con capacidad de detectar sus agentes causantes de manera rápida y eficiente sea una prioridad para los sistemas de salud pública. El objetivo principal de este trabajo ha sido la evaluación del funcionamiento del kit de diagnóstico STD Direct Flow Chip (Master Diagnostica, S.L.) para detección de los principales patógenos causantes de ITS: *Chlamydia trachomatis* (serovares A-K), *Chlamydia trachomatis* (serovares L1-L3), *Haemophilus ducreyi*, *Herpesvirus simple* Tipos I & II, *Mycoplasma genitalium*, *Mycoplasma hominis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Treponema pallidum*, *Trichomonas vaginalis* y *Ureaplasmas* (*U. urealyticum/U. Parvum*).

MATERIAL Y MÉTODOS:

EL kit STD Direct Flow Chip está basado en la amplificación de secuencias diana por PCR múltiple, partiendo de muestras clínicas directas sin previa extracción del ADN, seguido de una posterior identificación mediante hibridación reversa sobre un array con sondas específicas (tecnología automatizada hybriSpot, Vitro S.A.). La verificación clínica de este kit se realizó empleando 246 muestras clínicas de diversa procedencia (orina, semen e hisopados uretrales, anales y endocervicales) analizadas previamente con el kit de referencia Anyplex™ II STI-7 Detection kit (Seegene), de las cuales 191 fueron positivas y 55 negativas. Todas las muestras se analizaron con el kit STD Direct Flow Chip por duplicado: a partir de la muestra clínica directa (sin extraer el ADN) y a partir del ADN purificado por sistemas comerciales y se compararon los resultados con el método de referencia. Las discordancias existentes entre ambos kits se resolvieron mediante métodos moleculares comerciales o secuenciación.

RESULTADOS:

El kit STD Direct Flow CHIP obtuvo una concordancia del 97.9% (índice kappa = 0.942) con el método de referencia cuando se partió de muestras clínicas directas. Los discordantes fueron: 2 muestras positivas para Ureaplasma, no detectadas por el kit Anyplex™ II STI-7 Detection kit (Seegene) y 3 muestras positivas para Mycoplasma genitalium (n=2) y Trichomonas vaginalis (n=1) que el kit STD Direct Flow Chip no detectó. Cuando se empleó ADN purificado en el análisis, la concordancia entre ambos métodos fue del 98.8% (Índice Kappa = 0,966) obteniéndose tres casos negativos: Chlamydia trachomatis (serovars A-K), Mycoplasma genitalium y Ureaplasma parvum, que fueron positivos con el kit de referencia.

CONCLUSIONES:

Los resultados de este estudio demuestran un funcionamiento clínico prometedor para el kit STD Direct Flow CHIP; un nuevo sistema diagnóstico altamente sensible con un límite de detección (LoD) de 10 equivalentes de genoma (GE) por reacción para todos los patógenos analizados, excepto para M. genitalium (50 GE). El kit STD Direct Flow Chip, que detecta en menos de 4 horas y de forma automática 11 patógenos causantes de ITS (incluyendo los serovares L1-L3 del linfogranuloma venéreo), supone una alternativa única y económica frente a los procedimientos rutinarios de diagnóstico, permitiendo el análisis directo de muestras clínicas de diverso origen, sin la necesidad de extraer su DNA.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 351

APORTACIÓN DE LAS TÉCNICAS MOLECULARES EN EL DIAGNÓSTICO DE LAS INFECCIONES OSTEOARTICULARES

Autor/a/s: MARTÍNEZ FERNÁNDEZ SANDRA; FERNÁNDEZ GARCÍA MARÍA TERESA; IZQUIERDO SÁNCHEZ OLAYA; ROSETE URÍA YAIZA; TORRE BERNAL MARÍA ROSARIO; ORVIZ ÁLVAREZ MERCEDES; VALLINA MARTÍNEZ ESTEFANÍA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO CENTRAL DE ASTURIAS

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: sandramf83@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las infecciones osteoarticulares (artritis, osteomielitis e infecciones asociadas a implantes) son de gran importancia al estar asociadas a una elevada morbilidad, por eso un diagnóstico microbiológico rápido y preciso es de vital importancia a la hora de instaurar un tratamiento adecuado para disminuir las complicaciones que pueden originar.

La forma habitual de conocer el agente etiológico es el aislamiento en cultivo. Sin embargo, en los últimos años cada vez tienen más importancia los métodos moleculares, sobre todo los basados en la amplificación genómica por PCR (reacción en cadena de la polimerasa). Aportan una serie de ventajas respecto al cultivo convencional ya que detectan microorganismos que no crecen en los cultivos habituales (o lo hacen muy lentamente) o bien su crecimiento es inhibido por la administración previa de tratamientos antibióticos.

OBJETIVOS:

Evaluar el rendimiento y la aportación de las técnicas de biología molecular en el diagnóstico de las infecciones osteoarticulares.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante los años 2015 y 2016 se revisaron los resultados obtenidos en aquellos pacientes a los que se les solicitó cultivo bacteriológico en líquido articular.

En nuestro laboratorio el diagnóstico microbiológico de todas las muestras se realiza mediante cultivo en botellas o en placas dependiendo de las condiciones de recogida de la muestra. En aquellos casos en los que la muestra no vino directamente inoculada en botellas, si el cultivo resultó negativo se realizó el diagnóstico mediante una PCR simple convencional de diseño casero. Dicha PCR detecta el gen que codifica el ARNr 16S por lo que se puede considerar una PCR universal bacteriana, y la identificación se conseguía mediante posterior secuenciación del fragmento amplificado.

RESULTADOS:

De las 510 muestras a estudio resultaron positivas por cultivo convencional 99. De las 411 que resultaron negativas se pudo realizar la PCR universal bacteriana en 126 de ellas. 27 resultaron positivas con microorganismos valorables (Tabla1) lo que supuso un incremento diagnóstico respecto al cultivo del 27%.

IDENTIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN	
Propionibacterium acnes/avidum	10
Estafilococo coagulasa-negativa	8
Staphylococcus aureus	3
Streptococcus pyogenes	1
Streptococcus pneumoniae	1
Enterococcus faecalis	1
Kingella kingae	1
Neisseria meningitidis	1
Paenibacillus sp.	1
TOTAL	27

Tabla 1. Resultados obtenidos mediante secuenciación del ARNr16S

CONCLUSIONES:

*La PCR universal bacteriana aumenta de manera significativa el diagnóstico microbiológico de las infecciones osteoarticulares.

*El incremento diagnóstico se basa principalmente en los microorganismos de crecimiento lento y en pacientes que recibieron tratamiento antibiótico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 356

ENFERMEDAD PULMONAR POR MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSA: MYCOBACTERIUM INTERJECTUM (2005-2015)

Autor/a/s: Mónica María Manivesa Deive, María Luz Martínez Vilariño, Gemma Barbeito Castiñeiras, Ana María Muíños Portela, José Jacome Varela, Yanira Rodríguez Otero, María Luisa Pérez del Molino Bernal

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela. (Localidad Centro Trabajo) Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: tel_lab2004@yahoo.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Mycobacterium interjectum es una micobacteria no tuberculosa (MNT) que es causa de enfermedad ganglionar conocida, y hay muy pocos casos en la literatura como causa de enfermedad pulmonar.

Hemos realizado un estudio retrospectivo para conocer la enfermedad por M. interjectum en el Área Sanitaria de Santiago de Compostela (448.608 habitantes), en un hospital de tercer nivel del Noroeste de España.

MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de los aislamientos de M. interjectum realizados entre 2005-2015. Fuentes de datos: Sistema informático de Microbio-

logía(Open Lab) y la historia clínica electrónica de Galicia (IANUS).
Técnicas microbiológicas:tinción de auramina, cultivo en medio líquido (MGIT, Bactec 960, Becton Dickinson) 45 días y medio sólido de Coletsos ® 8 semanas. Identificación: GenoType®Mycobacterium CM/AS (Hain Lifescience).

RESULTADOS:

En el periodo de estudio se registraron 127 episodios de enfermedad (88,74% de origen pulmonar), correspondientes a 121 pacientes, según criterios de la American Thoracic Society/Infectious Diseases Society of America de 2007.

En total se aislaron un total de 924 cepas (M.avium complex 35,61%, M.intracellulare 17,10%, M.xenopi 11,26%, M.gordonae 7,47%, M.chelonae 7,14 %, M.abscessus 5,95%, otras 30,98%), correspondientes a 544 pacientes. En los pacientes que cumplen criterios de enfermedad pulmonar

el 34,51% de los casos fueron por M.avium complex, M.intracellulare 18,9%, M.xenopi 12,07%, M.gordonae 8,17%, M.abscessus 6,34%, M.chelonae 6,22%, y por otras el 13,78%.

En este periodo se aislaron seis cepas corresponden a M.interjectum (0,23%), de muestras de esputo, correspondientes a seis pacientes diferentes (todos varones), con una media de edad de 61,83 años. En los factores de riesgo estudiados presentan el 83,33% enfermedad pulmonar de base y hábito tabáquico el, 50% enolismo y 33,33% tratamiento con corticoides. El cuadro clínico es de insuficiencia respiratoria con radiografía de tórax patológica en todos los pacientes. En uno de los pacientes aparece en el seno del diagnóstico de una posible tuberculosis latente, y en otro tras el tratamiento antituberculoso.

CONCLUSIONES:

M.interjectum es una causa poco habitual de enfermedad pulmonar en nuestro medio, aunque las dificultades en el diagnóstico pueden hacer que esta enfermedad esté infraestimada.

El tratamiento antituberculoso estándar es el recomendado, a pesar de las discrepancias que se observan entre las resistencias in vivo e in vitro. En nuestros casos los pacientes no han recibido tratamiento dirigido, y no se ha valorado necesario realizar antibiograma.

En los pocos casos que hay documentados en la literatura, la respuesta al tratamiento es diferente, con un gran porcentaje de pacientes que recidivan al tiempo de finalizarlo, generando resistencia al tratamiento convencional.

El diagnóstico requiere de una estrecha colaboración entre el clínico y el microbiólogo, debido a la falta de conocimiento de las posibles vías de transmisión, los factores predisponentes y de la necesidad del seguimiento en el tratamiento.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 365

INFECCIÓN POR EL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO Y GENOTIPOS MÁS FRECUENTEMENTE DETECTADOS MEDIANTE LA TÉCNICA MOLECULAR CLART® HPV

Autor/a/s: Ruiz Pereda Luz María, Heredero Muñoz Ana María, Vallejo Alvarez Sara, Arevalo Barrientos Ana María, Dominguez-Gil González Marta.

Centro de trabajo: Hospital Universitario Rio Hortega

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: luzmrp8@gmail.com

RESUMEN:

Introducción. La infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) es la infección de transmisión sexual más frecuente y su relación con el cáncer de cérvix ha sido ampliamente demostrada. El objetivo de nuestro estudio es analizar los resultados obtenidos de infección por VPH en el área Oeste de Valladolid, y determinar los genotipos de VPH más frecuentes en nuestro medio.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Durante los años 2014-2016 se han procesado para detección de VPH 2622 muestras de frotis de cérvix uterino, recibidas en la sección de virología del Servicio de Microbiología del Hospital Universitario Rio Hortega de Valladolid. La detección y genotipado de VPH, se realizó mediante la técnica molecular basada en PCR, CLART® HPV2, comercializada por GENOMICA S.A.U. Se analizaron los resultados de detección y genotipado de VPH y se estudiaron los genotipos de VPH que se detectaban con mayor frecuencia.

RESULTADOS:

De las 2622 muestras analizadas, mediante Microarrays (Genómica); un total de 902(34.4%) muestras fueron positivas para algún VPH y 1720 (65.6%) fueron negativas. En 390 muestras (43.2%) se detectó un único genotipo de VPH, mientras que en 512(56.8%) se documentaron coinfecciones. Al analizar los VPH detectados por Microarrays, se observó que los genotipos más frecuentes fueron: 1ºVPH 16 (31.2%), 2ºVPH 31 (9.9%), 3ºVPH 51 (7.4%), 4ºVPH 52 (7.2%), 5ºVPH 58 (3.9%), 6ºVPH 11 (3.9%), 7º VPH 53 (3.5%), 8ºVPH18 (3.2%), 9ºVPH35 (3.2%) y 10ºVPH 66 (3.1%). Al estudiar los diferentes genotipos en función del riesgo de transformación celular, se observó que se detectaba con mayor frecuencia genotipos de alto riesgo (89.5%) que de bajo riesgo (10.5%).

CONCLUSIONES:

El mayor porcentaje de diagnóstico de VPH se concentró en el grupo de edad de 35-39 años, en el que un 18.4% de las muestras resultaron positivas en el cribado de VPH. Se observó que a medida que aumentaba la edad, el porcentaje de diagnóstico de VPH disminuía llegando a descender a 1.5% en las mujeres entre 65-69 años. Existe una tendencia lineal decreciente con la edad, exactamente igual a lo descrito en la bibliografía. En este estudio el porcentaje de VPH 16 alcanzó el 31.2%, cifra similar a la de otras series publicadas en España, y no parecen relativamente frecuentes otros que originan infecciones cutaneomucosas no transformantes (VPH 11 y 6). Como se ha demostrado en este estudio, el VPH 18 no fue el segundo genotipo más frecuente tras el VPH 16, apareciendo en octava posición junto al genotipo 35. Hay otros genotipos no incluidos en las vacunas detectados con mayor frecuencia que el genotipo 18. La coinfección de varios genotipos virales formando entre si variadas combinaciones fue un hallazgo destacable en este estudio.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 367

DETECCIÓN MEDIANTE PCR DEL VIRUS DE LA HEPATITIS B (HBV)

Autor/a/s: Alarcón Romero Isabel, Rodríguez Ruiz Yolanda, Alguacil García Rosa María

Centro de trabajo: Hospital Regional Universitario

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: isialarcon@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El virus de la hepatitis B (HBV) fue descubierto en 1965 por Blumberg, es un virus DNA y se clasifica dentro del orden de los pararetrovirus, género Hepadnavirus. Constituye una causa frecuente de enfermedades hepáticas agudas y crónicas y conlleva un alto riesgo de muerte por cirrosis y cáncer hepático. El virus se transmite por contacto con la sangre u otros líquidos corporales de una persona infectada. Más de dos mil millones de personas en todo el mundo están infectadas por el HBV y más de 350 millones de ellas son portadores crónicos.

OBJETIVO:

Describir la técnica utilizada para la detección del virus de la hepatitis B y los resultados obtenidos durante el año 2016 en el Hospital Regional Universitario de Málaga.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La técnica que utilizamos para detectar y cuantificar la carga viral de VHB es una RT-PCR en tiempo real, VERSANT HBV DNA 1.0 Assay (kPCR Siemens). Este sistema consta de 2 módulos:

- Módulo SP: Realiza la extracción automática del ADN, partiendo de una muestra de 500 microlitros de suero.

- Módulo AD: Realiza la amplificación y cuantificación del virus en tiempo real.

RESULTADOS:

Se recibieron un total de 1661 peticiones, de las cuales fueron rechazadas 95 por distintos motivos (muestra insuficiente, hemolizada, etc). Del total de 1566 determinaciones realizadas resultaron negativas el 67,8% (1062 muestras con resultado <18 copias/mL) y positivas el 32,2% (504 muestras). En 3 muestras el resultado fue mayor al límite superior de detección del equipo (>980000000 copias/mL). La media de edad de los pacientes fue de 56,5 años. En 17 muestras los pacientes eran menores de edad. Por género, la mayoría de las peticiones procedían de pacientes masculinos (65%). Respecto al origen de las peticiones, los principales servicios peticionarios fueron Digestivo, Enfermedades Infecciosas y Hematología.

CONCLUSIONES:

La infección por el VHB, representa un problema sanitario importante y obliga a intervenciones terapéuticas para evitar la progresión de la enfermedad hepática. Desde 1982 se dispone de una vacuna contra la hepatitis B con una eficacia del 95% en la prevención de la infección y la aparición de una enfermedad crónica y cáncer de hígado debido a la hepatitis B.

La detección y cuantificación del ADN viral es una excelente forma de monitorizar el grado de replicación viral, y es el método utilizado en nuestro laboratorio para diagnosticar y monitorizar la respuesta a terapia.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 368

FACTORES DE RIESGO ASOCIADOS A LA INFECCIÓN POR CLOSTRIDIUM DIFFICILE

Autor/a/s: Montserrat Conde Cañamero, Laura Oporto López, Natalia Ayuso López, Cristina Fuentes Gonzalez, María de los Ángeles Sánchez Brigidano, Ana María Cívicos Martín, Ana Belén Rivas Estévez, Patricia Trevisi, José Antonio Rodríguez Polo.

Centro de trabajo: Hospital Virgen de la Salud

Localidad: Toledo

Correo electrónico del primer firmante: montserratconde@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Clostridium difficile es un bacilo gram positivo anaerobio estricto, esporulado, con potencial de producir toxinas responsables del 90% de los casos de colitis pseudomembranosa y de un 20% de los casos de diarrea asociada al uso de antibióticos. El riesgo de contraer una infección por C. difficile aumenta con la edad, el tratamiento antibiótico y el tiempo de hospitalización. Factores adicionales son la susceptibilidad o inmunidad del huésped y la virulencia del microorganismo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Entre el 1 de Enero y el 31 de Diciembre de 2016 se analizaron muestras de heces de pacientes con sospecha de infección por C. difficile recibidas en el servicio de Microbiología del Hospital Virgen de la Salud. Dichas muestras fueron refrigeradas a 4° C y procesadas antes de 24 horas. Para el diagnóstico se utilizaron tres métodos de detección. Primero un inmunoensayo para glutamato deshidrogenasa (GDH) como análisis inicial de tamizaje (InmunoCard®). A las muestras con GDH positiva se les realizó un ensayo de amplificación de ADN isotérmico (LAMP) para la detección de cepas toxigénicas de C. difficile (detección de los genes que codifican la expresión de la toxina A y B) (Illumigene®). Por último se cultivaron en anaerobiosis durante 48 horas (Clostridium difficile Agar, Biomerieux®) para el estudio de sensibilidad. Los datos epidemiológicos se recogieron de las bases de datos disponibles en el hospital. Se buscaron factores de riesgo tales como: tiempo de hospitalización, uso de antibióticos y/o estado de inmunosupresión.

OBJETIVOS:

El objetivo del estudio es analizar los factores de riesgo en pacientes con resultado positivo para cepas toxigénicas de C. difficile.

RESULTADOS:

Se analizaron 1609 muestras. La edad media de los pacientes fue de 63 años ($\pm 22,5$), siendo el 51,3% del sexo femenino. Del total de muestras estudiadas, 273 tuvieron un resultado de GDH positivo (17%) y 129 (47,3%) de éstas fueron PCR positivas (cepas toxigénicas). Se cultivaron 82 de las muestras con PCR positiva obteniendo crecimiento en 51 de ellas para su posterior estudio de sensibilidad. La edad comprendida entre los 14 años y los 65 se encontró como factor asociado para adquirir la infección (8%), siendo los pacientes mayores de 65 años el siguiente grupo con mayor número de casos positivos (7,4%). El 55% pertenecían al sexo femenino. Al analizar los factores de riesgo de los pacientes infectados por cepas toxigénicas, se obtuvieron los siguientes resultados 98/129 (76%) tenían al menos un factor de riesgo asociado y dentro de estos 98 casos, un 56% presentaban más de uno. El 80% de los pacientes estaban ingresados en el momento de su diagnóstico, y la media de días de hospitalización fue de 12.6. Siendo el uso de antibióticos (70,4%) el segundo factor de riesgo implicado.

CONCLUSIONES:

La estancia intrahospitalaria se encontró como una de las variables asociadas a la infección por C. difficile. En este estudio es el rango de edades de 14 a 65 años el que más casos positivos ha proporcionado, y aunque no existe diferencia significativa con respecto al grupo de mayores e 65 años, no se correlaciona con lo descrito en la bibliografía. Por último, se revela que el riesgo de infección está directamente relacionado con el uso de antibióticos.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 374

VALORACIÓN DE LA UTILIDAD DE LA AMPLIFICACION Y SECUENCIACION DEL GEN ARNR 16S A TIEMPO REAL PARA EL DIAGNOSTICO Y SEGUIMIENTO DE LA ENDOCARDITIS BACTERIANA

Autor/a/s: M^a Luisa López Sánchez, Andrea Vergara, Estibaliz Pareja, Yulia Gonzalez, Yuliya Zboromyrska, Jordi Bosch, Manuel Almela, Jordi Vila.

Centro de trabajo: Hospital Clinic i Provincial de Barcelona

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: larajoier@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La endocarditis infecciosa es una infección endovascular microbiana que afecta estructuras intracardíacas en contacto con la sangre, que incluye las infecciones de los grandes vasos intratorácicos y cuerpos extraños intracardíacos. En ausencia de tratamiento, la EI es una enfermedad mortal. En las últimas décadas, los avances en las técnicas de diagnóstico como la ecocardiografía y los progresos terapéuticos, especialmente la cirugía, han contribuido a una mejora del pronóstico de esta enfermedad. En los casos en los que se retrasa el diagnóstico o se posponen las medidas terapéuticas oportunas, la mortalidad es muy elevada, por lo que resulta de máxima importancia realizar una identificación precoz del agente etiológico para poder aplicar la terapia antibiótica adecuada.

En el laboratorio de Microbiología, la implementación de la técnica de amplificación y secuenciación del gen ARN ribosomal 16S a tiempo real ha permitido aumentar tanto la sensibilidad como reducir el tiempo de respuesta en la identificación de las bacterias involucradas en diversas infecciones.

OBJETIVOS:

El objetivo de este estudio es evaluar la utilidad diagnóstica de la amplificación y secuenciación del gen ARNr 16S a tiempo real en el diagnóstico de la endocarditis infecciosa y comparar los resultados con los de los cultivos convencionales.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se han analizado retrospectivamente las muestras de tejido cardíaco de pacientes con endocarditis infecciosa recibidas en el laboratorio de Microbiología en un periodo de 9 meses (marzo a diciembre de 2016). La extracción del material genético se realizó con el Biorobot EZ1® y el kit EZ1 DNA Tissue (Qiagen) previa digestión con buffer de lisis, proteinasa K y lisozima. La cuantificación del DNA se realizó en el espectrofotómetro NANODROP 2000 (Thermo Scientific), ajustando la cantidad de partida a 120-160 ng totales de DNA. La amplificación del gen ARNr 16S y su detección a tiempo real se realizó con el equipo SmartCycler® (Cepheid), los primers 8F (5' -AGAGTTTGATCCTGGCT-CAG-3') y 806R (5' -GGACTACCAGGGTATCTAAT-3') y el kit SensiFAST™ SYBR® HI-ROX. En los casos en los que hubo amplificación, se secuenció el amplicón por el método Sanger.

RESULTADOS:

Se han analizado un total de 55 muestras de tejido cardíaco procedentes de 29 pacientes diagnosticados de endocarditis infecciosa. La amplificación del gen 16S ARNr fue positiva en 37/55 (67,3%) muestras correspondientes a 26/29 (89,6%) pacientes. Presentaron cultivos de tejido cardíaco positivos 13/29 (44,8%) pacientes y hemocultivos positivos 8/29 (27,5%) pacientes.

La infección fue debida a *Streptococcus* spp. (11/29), estafilococos coagulasa negativa (7/29), *Staphylococcus aureus* (3/29), *Enterococcus faecalis* (2/29), otros microorganismos (3/29) y polimicrobiana (2/29).

En dos de los tres casos en los que no se pudo identificar la bacteria por biología molecular hubo un crecimiento en el cultivo de dos especies distintas de bacterias.

En 14/29 (48,3%) casos, se obtuvo un diagnóstico etiológico tanto por biología molecular como por cultivo y/o hemocultivo. La amplificación del gen ARNr 16S fue positiva en 12/29 (41,4%) pacientes en los que tanto el cultivo de tejido cardíaco como el hemocultivo fueron negativos. En dos casos, hubo amplificación del gen ARNr 16S, pero no se consiguió interpretar la secuencia obtenida, aislándose por cultivo dos microorganismos. En otro caso, tanto la biología molecular como el cultivo de tejido cardíaco fueron negativos, aunque en el hemocultivo se aisló un *Cardiobacterium hominis*.

CONCLUSIONES:

La técnica de amplificación y secuenciación del gen ARNr 16S a tiempo real aplicada a muestras de tejidos cardíacos es una técnica con mayor sensibilidad que los cultivos convencionales y permite agilizar el diagnóstico etiológico y por tanto el tratamiento del paciente con endocarditis infecciosa. Puede existir una limitación en la identificación bacteriana mediante el 16S en el caso de infecciones polimicrobianas.

Es de especial utilidad en aquellos casos en los que no se obtiene crecimiento bacteriano en el cultivo de los tejidos cardíacos y/o el hemocultivo. Aún así, debe mantenerse la práctica de los cultivos convencionales con el fin de realizar el antibiograma de los microorganismos aislados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 380

INFECCIONES CAUSADAS POR MICROORGANISMOS MULTIRESISTENTES EN EXUDADOS RECTALES EN PACIENTES DEL AREA IV DEL PRINCIPADO DE ASTURIAS

Autor/a/s: PILAR GRANADOS SUAREZ; ROBERTO PEREDA GUTIERREZ; SARAI MARTIN VILLALON; JULIA ALVAREZ PEREIRA; MERCEDES ORVIZ ALVAREZ

Centro de trabajo: HUCA

Localidad: OVIEDO

Correo electrónico del primer firmante: saralain@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección nosocomial es en la actualidad uno de los principales problemas sanitarios, teniendo particular importancia las infecciones causadas por bacterias multiresistentes.

La multiresistencia aparece como consecuencia de mecanismos bioquímicos codificados a nivel del cromosoma o por diversos elementos móviles. Muchos estudios han demostrado que es útil realizar cultivos de vigilancia epidemiológica para conocer la verdadera dimensión del problema de la multiresistencia en un centro o en una unidad.

OBJETIVOS:

Conocer los microorganismos multiresistentes en pacientes colonizados por microorganismos multiresistentes en un hospital de tercer nivel.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizan las muestras de exudados rectales en un periodo de un año comprendido desde 01/01/2016 hasta 31/12/2016.

Los métodos utilizados son el cultivo convencional en los siguientes medios de cultivos: LEVINE, KLEBSIELLA (todo tipo de entero bacterias), Maconckey *Acinetobacter* (selectivo para *Acinetobacter Baumannii*).

Análisis introspectivos de los estudios de vigilancia en el periodo de un año, para *Acinetobacter Baumannii* multiresistente.

RESULTADOS:

Se estudiaron 2496 muestras de exudados perineales y exudados rectales.

El 0.4006 % de estas muestras dieron positivo en el exudado perineal.

El 8.6939% de estas muestras dieron positivo en el exudado rectal.

	NEGATIVO	POSITIVO	TOTAL GENERAL
EXUDADO PERINEAL BAT	109	10	119
EXUDADO RECTAL BAT	2160	217	2377
Total general	2269	227	2496

Pacientes estudiados 941

Pacientes portadores 77

CONCLUSIONES:

Después de analizar 2496 pacientes hay un porcentaje elevado de *Acinetobacter baumannii* y *Klebsiella* positivas de las muestra analizadas.

Esto quiere decir que sigue habiendo positivos elevados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 382

ANÁLISIS DE LAS BACTERIEMIAS Y FUNGEMIAS RELACIONADAS CON CATETER VASCULAR RETIRADO EN ADULTOS: EPIDEMIOLOGÍA Y ETIOLOGÍA

Autor/a/s: Saa Costas, Elisa Beatriz; Álvarez Justel, Alba; Caño Herrero, Manuela; Gómez Antolín, Milagros; Gonzalez Carracedo, Begoña; Panero Dominguez, María del Carmen; Rodriguez Pollán, Rosa Hortensia; Fernández Natal, Isabel

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de León

Localidad: León

Correo electrónico del primer firmante: saacostas@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Se define bacteriemia o fungemia relacionada con catéter (B/FRC) a la presencia de bacterias u hongos en sangre cuyo origen sea un catéter vascular. Actualmente la instrumentalización de los pacientes hospitalizados es muy alta y la implantación de muy diversos catéteres vasculares es habitual, predominando los centrales en unidades de críticos y los venosos periféricos en plantas de hospitalización. Se estima que el 85% de los pacientes ingresados en un Servicio de Medicina Interna tienen implantado al menos un catéter vascular.

OBJETIVOS:

Describir las B/FRC diagnosticadas en un hospital de tercer nivel, su epidemiología y etiología, en un periodo de cuatro años desde 2013 a 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de las B/FRC identificadas en el Servicio de Microbiología del Complejo Asistencial Universitario de León que atiende al Área de Salud. Los hemocultivos se procesaron mediante el sistema automático fluorimétrico Bactec FX (Becton Dickinson). Cada muestra de sangre extraída por venopunción se inoculó en una botella aerobia y anaerobia (5-10ml/botella). Se extrajeron al menos dos muestras de hemocultivo por paciente.

Procesamiento de la punta de catéter vascular retirado (3-4 cm distales), (procedimiento nro 15 de la SEIMC): se aplicó la técnica semicuantitativa de Maki más la técnica cuantitativa de Liñares (modificación de Cleri), para el cultivo de la superficie y luz respectivamente. Criterios diagnósticos: ≥ 15 UFC/placa de rodamiento de la superficie (técnica de Maki) y/o ≥ 1000 UFC/ml para la cuantitativa del cultivo de la luz. El criterio diagnóstico de B/FRC: aislamiento del mismo/s microorganismo/s y misma antibiología en ambas muestras en paralelo: hemocultivo y cultivo de catéter retirado.

La identificación microbiológica se realizó mediante espectrofotometría de masas (MALDI TOF MS Biotyper (Bruker) y/o paneles MicroScan (Beckman Coulter).

RESULTADOS:

El 11.9% de las bacteriemias anuales detectadas en adultos fueron B/FRC. En el periodo de estudio (cuatro años) fueron diagnosticados 170 casos de B/FRC retirado, siendo 12 de ellos (7.06%) catéteres venosos periféricos y el resto (158; 92,94%) a catéteres centrales.

El 64% fueron hombres y la edad media de estos pacientes fue de 63.5 años con rango de 25 a 91. La procedencia fue: Cirugía Digestiva (40%), UCI (22.3%), Medicina Interna (7.6%), Hematología (7.05%), Oncología (6.5%) y otros muy diversos en menor número (15.9%).

Se identificaron 224 microorganismos: 65.6% fueron bacterias grampositivas, 25.9 % bacilos Gramnegativos (enterobacterias y bacilos no fermentadores) y 8.5% levaduras. Se detalla en Tabla 1

Tabla 1. Etiología de 170 bacteriemias y fungemias relacionadas con catéter en el Complejo Asistencial Universitario de León durante un periodo de 4 años (2013-2016)

Bacterias Grampositivas n=147	Bacterias Gramnegativas N=58	Levaduras N=19
81 Staphylococcus epidermidis	Enterobacterias (n=49): 16 Escherichia coli	12 Candida albicans
36 Staphylococcus aureus	13 Serratia marcescens	6 Candida parapsilosis
22 otros Staphylococcus spp.	12 K. pneumoniae	1 Candida tropicalis
5 Enterococcus spp.	7 Enterobacter cloacae	
2 Corynebacterium spp.	1 Proteus mirabilis	
1 Lactobacillus paracasei	Bacilos no fermentadores (n=9): 8 Pseudomonas aeruginosa	
	1 Acinetobacter baumannii	
65,6%	29,5%	8,5%

CONCLUSIONES:

La mayoría de las B/FRC fueron catéteres centrales. El Servicio de Cirugía Digestiva seguido de UCI, son las procedencias más frecuentes, coincidiendo con pacientes muy instrumentalizados y estancias prolongadas.

Las B/FRC venoso periférico están infradiagnosticadas. Aunque es el tipo de catéter implantado con mayor frecuencia, no se solicitan cultivos pareados con hemocultivos para su correcto diagnóstico. Su etiología fue diversa con predominio de S. aureus (33.3%).

Predominio de bacterias grampositivas, componentes de la flora mucocutánea, como agente etiológico, destacando S. epidermidis (36.2%), seguido de S. aureus (16.1%). Las bacterias Gramnegativas fueron muy diversas. Las fungemias, con predominio de C. albicans, estuvieron frecuentemente relacionadas con catéteres de nutrición parenteral y/o pacientes críticos inmunocomprometidos.

El cultivo de un catéter vascular no tiene valor si no va acompañado de hemocultivos obtenidos por venopunción.

Es importante el adecuado procesamiento microbiológico no automatizado de los catéteres vasculares para el correcto diagnóstico de B/FRC.

Las B/FRC son origen importante de infección nosocomial. La formación continuada en el manejo de catéteres vasculares es esencial para su prevención.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 383

INFECCIONES VIRICAS RESPIRATORIAS EN LACTANTES HOSPITALIZADOS: EVALUACIÓN DE DOS TÉCNICAS DIAGNÓSTICAS

Autor/a/s: Álvarez Justel, Alba; Saa Costas, Elisa Beatriz; Pérez García, María Dolores; González Carracedo, Begoña; Rodríguez Soto, Ana Soraya; Panero Dominguez, María del Carmen; Rodríguez Pollan, Rosa Hortensia; Fernandez Natal, Isabel

Centro de trabajo: Complejo Asistencial Universitario de León- SACYL

Localidad: León

Correo electrónico del primer firmante: alvarez_justel@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las infecciones por virus respiratorios son un motivo frecuente de ingreso de niños menores de 2 años (lactantes). La variabilidad de estos virus, clínica que producen y su carácter estacional hacen que sea determinante el diagnóstico microbiológico precoz y preciso que permita el aislamiento y/o agrupación de los pacientes durante la hospitalización y toma adecuada de decisiones terapéuticas.

OBJETIVOS:

1-Evaluar dos técnicas diagnósticas directas en muestras clínicas: inmunocromatografía vs reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real (RT-PCR), para la detección de cuatro virus respiratorios: virus respiratorio sincitial, influenza A y B y adenovirus

2- Conocer la evolución de cuatro parámetros estadísticos: sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo, en tres temporadas epidémicas entre los años 2013 a 2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio observacional transversal llevado a cabo en el Servicio de Microbiología Clínica de un hospital terciario durante tres temporadas epidémicas para virus respiratorios: desde la semana 40 de 2013 a la semana 20 de 2016. Se incluyeron aspirados nasofaríngeos de lactantes hospitalizados. Se aplicaron en paralelo a cada muestra: a) pruebas de inmunocromatografía para la detección de virus respiratorio sincitial, influenza A y B (Binax Now. Alere) y adenovirus (Adeno Respi-Strip. Coris-Bioconcept) y, b) pruebas moleculares por RT-PCR, como método de referencia (CLART® PneumoVir.Genomica SAU, en las dos primeras temporadas, y Allplex™!Seegene Inc., en la última temporada). Análisis estadístico: se recogieron los datos en hoja de cálculo Excel y fueron procesados mediante IBM SPSS v22.

RESULTADOS:

Se analizaron 454 muestras de aspirado nasofaríngeo de lactantes hospitalizados: 244 (53,8%) varones; mediana de edad: 4,1 meses. Los resultados obtenidos se observan en la Tabla 1.

Tabla 1. Porcentajes de sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo de la técnica de inmunocromatografía vs RT-PCR (estándar), en la detección directa en 454 muestras de virus respiratorio sincitial, influenza A y B, y adenovirus en las tres últimas temporadas epidémicas 2013/14, 2014/15 y 2015/16.

Virus	Sensibilidad (%)			Especificidad (%)			Valor Predictivo Positivo (%)			Valor Predictivo Negativo (%)		
	2013/14	2014/15	2015/16	2013/14	2014/15	2015/16	2013/14	2014/15	2015/16	2013/14	2014/15	2015/16
Virus respiratorio sincitial	78.1	64.3	41.9	96	85.5	96.4	96.6	73.8	76.5	75	78.9	86.5
Virus influenza A	71.4	0	57.9	99.4	97.7	100	100	0	78.6	98.3	98.3	94.1
Virus influenza B	100	100	20	100	99.4	100	100	50	100	100	100	97.3
Adenovirus	22.2	17.4	5.3	98.2	99.4	99.2	50	80	50	94.1	89.1	87.8

CONCLUSIONES:

En nuestro estudio, se observaron bajos porcentajes y con disminución progresiva en las tres temporadas de la sensibilidad y valor predictivo positivo por técnica de inmunocromatografía en la detección de los virus más prevalentes: respiratorio sincitial e influenza A (41,9% y 57,9% respectivamente en 2016). En virus influenza B y adenovirus, se observaron valores altos y estables de especificidad y valor predictivo negativo. Destacar en adenovirus la baja sensibilidad y valor predictivo positivo en 2016 (5,3% y 50% respectivamente)

Se requiere un diagnóstico rápido molecular con mínima manipulación y trazabilidad, no sujeto a subjetividad de lectura, que ayuden a tomar adecuadas decisiones clínicas, aislamiento de pacientes y terapéuticas para el uso adecuado de antibióticos. Esto tendrá un positivo impacto clínico, económico y ecológico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 389

IDENTIFICACION DE MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS AISLADAS EN MUESTRAS CLINICAS MEDIANTE SISTEMA MALDI-TOF Y METODOS MOLECULARES

Autor/a/s: María Luz Martínez Vilariño, Mónica María Manivesa Deive, Gemma Barbeito Castiñeiras, José Javier Costa Alcalde, María Luisa Pérez del Molino Bernal.

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: María.Luz.Martínez.Vilarino@sergas.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los últimos 20 años se han caracterizado por la aparición de un número extraordinario de nuevas especies de Mycobacterium spp. De entre las 150 especies de micobacterias no tuberculosas (MNT) oficialmente reconocidas sólo dos o tres docenas le son familiares a los clínicos. La American Thoracic Society and the Infectious Diseases Society of America recomiendan que las micobacterias no tuberculosas (MNT) clínicamente relevantes sean identificadas a nivel de especie para determinar su significado clínico. El propósito de este estudio fue evaluar la identificación de MNT, aisladas en muestras clínicas, mediante Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF) y un método molecular comercial.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Las muestras se descontaminaron mediante el sistema de citrato-N acetil cisteína -Na OH, y tras concentración, el sedimento se cultivó en medio líquido automatizado (MGIT) y medio sólido Coletos. Ante un cultivo positivo para Mycobacterium spp, se descartaron las cepas pertenecientes al complejo Mycobacterium tuberculosis. Se incluyeron 51 aislados clínicos de micobacterias no tuberculosas (MNT). Estos aislados de micobacterias se identificaron mediante métodos moleculares comerciales - GenoType® CM/AS (Hain) y espectrometría de masas (MALDI-TOF -Bruker)

RESULTADOS:

Todos los aislamientos de MNT que Geno Type® clasificó correctamente también fueron clasificados correctamente por MALDI-TOF (32/32): 9 M.abscessus(28,12%), 17 M.chelonae(53,12%), 3 M.fortuitum(9,38%) y 3 M.marinum(9,38%).

Además MALDI-TOF clasificó correctamente un 68,42% (13/19) de las muestras que el Geno Type® no clasificó correctamente (p=0,002): M.mageritense (5), M.peregrinum (4), M.septicum (1), M.conceptio-nense (1), M.kumamotoense (1), M.mucogenicum (1).

Se utilizó como método de referencia la identificación obtenida mediante la secuenciación parcial del gen rpoB.

CONCLUSIONES:

El sistema Geno Type® no distingue las especies de micobacterias del complejo Mycobacterium fortuitum.

El sistema MALDI-TOF clasifica mejor que el sistema Geno-Type® de manera estadísticamente significativa.

Además, dado su menor coste, hace de este método el idóneo para la clasificación de estas micobacterias en el laboratorio clínico de microbiología.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 391

MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS EN LA PROVINCIA DE ALMERÍA

Autor/a/s: Nieto Segura, Catalina; Marquez Gómez, María del Carmen; Segura Díaz, Ignacio; Leiva Tapia, Emilio

Centro de trabajo: Complejo Hospitalario Torrecardenas

Localidad: Almería

Correo electrónico del primer firmante: katynieto71@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS:

El aislamiento de micobacterias no tuberculosas (MNT) es cada vez más frecuente, representando su identificación y antibiograma una de las cargas de trabajo habituales en este entorno.

Nuestro objetivo es describir la metodología de identificación, el tipo y la distribución de los aislamientos de MNT en los últimos 5 años aisladas en nuestro centro.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Tipo de estudio: descriptivo retrospectivo unicéntrico.

Lugar: laboratorio provincial de micobacterias de Almería.

Periodo 2012-2016.

Sistema de cultivo: MGIT y LJ. Sistema de identificación: GenoType CM/AS, segundo nivel secuenciación parcial gen rRNA16S.

RESULTADOS:

Durante el quinquenio de estudio en 555 cultivos de 264 pacientes aislamos una o más MNTs. Distribución anual (cultivos/pacientes): 2012: 83/56, 2013: 164/48, 2014: 90/42, 2015: 126/66, 2016: 92/52. En 167 de 264 (63,3%) se aisló una sola MNT y en los otros 97/264 (36,7%) obtuvimos aislamientos repetidos de una o varias MNTs. De los 97 pacientes con aislamientos múltiples, 75 (77,3%) tenían una única especie; y en los otros 22 (22,7%) aislamos dos o más MNTs coincidentes en el mismo o en diferentes cultivos.

Las especies de MNTs más frecuentes en nuestra serie fueron (pacientes): M. intracellulare (54), M. gordonae (44), M. fortuitum (41), M. chelonae (37), M. avium (30), M. abscessus (17), M. lentiflavum (14).

CONCLUSIONES:

En los últimos años en nuestra zona la incidencia de MNTs ha permanecido estable. Los casos con aislamientos múltiples (siendo este hecho uno de los factores asociados a patogenicidad) supusieron un tercio de nuestra casuística. El grupo avium-intracellulare fue el grupo de MNTs más frecuente entre los pacientes con aislamientos múltiples.

INFECCIÓN TUBERCULOSA LATENTE (ITL) EN EL DEPARTAMENTO DE SALUD 7 DE LA COMUNIDAD VALENCIANA.

Autor/a/s: Raúl Borrego Villegas, Sabrina Muñóz Grau, Adolfo Magraner Martínez, Ana Gil Brusola, María José Giménez Martí, Carmina Lloret Sos, Jose Luis López Hontangas.

Centro de trabajo: Dpto. Serología Infecciosa. Servicio de Microbiología y Parasitología Clínica Hospital Universitari i Politécnic LaFe.

Localidad: València

Correo electrónico del primer firmante: raulborrego4@gmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

La tuberculosis es una de las enfermedades más antiguas que afectan a los seres humanos, y es causada por microorganismos del complejo *M. tuberculosis*. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), cerca de 2.000 millones de personas, un tercio de la población del mundo, han estado expuestas a estos bacilos; sin embargo, no todas las infecciones por *M. tuberculosis* desarrollan la enfermedad. Es importante el seguimiento de la infección tuberculosa latente (ITL), ya que aunque los pacientes no contagian la enfermedad porque el bacilo está vivo pero inactivo, sin tratamiento entre el 5-10% desarrollará la enfermedad a lo largo de su vida. De ahí su importancia en pacientes inmunodeprimidos. Para su diagnóstico hemos utilizado las pruebas de la tuberculina (PPD) y los INF- γ Release Assays (IGRAs)

OBJETIVOS:

Revisión de las pruebas diagnósticas de ITL en nuestro hospital y sus discrepancias.

Materiales y métodos: Estudio retrospectivo de las pruebas realizadas durante el año 2016 en el Hospital Universitario y Politécnico La Fe (València). La prueba de PPD se realizó según recomendaciones de la OMS (2U PPD-RT) mediante inyección subcutánea y lectura a las 48 y 72 horas. Consideramos positivas las que presentaban induración de 10 mm, o de 5 mm. según valoración clínica. La prueba de Quantiferón®-TB Gold (QIAGEN) se realizó siguiendo las instrucciones del fabricante.

RESULTADOS:

Se realizaron un total de 802 pruebas de tuberculina (PT) y 1663 de Quantiferón. Los resultados obtenidos en el caso de los pacientes que tenían ambas pruebas, un total de 287 se reflejan en la siguiente tabla.

	QFN+	QFN + débil	IND	QFN-
PT +	27	3	0	16
PT -	25	9	8	199
TOTAL			287	

En cuanto al Quantiferón los servicios desde los que se solicitó un mayor número de pruebas fueron dermatología, reumatología, neurología, medicina interna y unidad de enfermedades infecciosas, cabiendo destacar que el mayor número de resultados indeterminados con respecto al número total de peticiones fueron hematología (6/32), hepatología (7/58), unidad enfermedades infecciosas (7/168) y reumatología (8/348).

CONCLUSIONES:

En el diagnóstico de las ITL no hay ninguna prueba actualmente que diagnostique por sí sola esta fase de la enfermedad, según las guías publicadas. Se resalta en ellas el alto valor predictivo negativo (VPN) de ambas pruebas. En un alto porcentaje (79,8 %) ambas pruebas fueron concordantes. Sin embargo en situaciones en que la ITL suponga mucho riesgo sería recomendable realizar ambas pruebas para mejorar el diagnóstico. En el caso de pacientes inmunodeprimidos aparecen más resultados indeterminados tal como era esperable.

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C (VHC)

Autor/a/s: Fuentes Cuenca María Salud, Alarcón Romero Isabel, Rodríguez Ruíz Yolanda

Centro de trabajo: Hospital Regional Universitario

Localidad: Málaga

Correo electrónico del primer firmante: saludfuentes@hotmail.com

RESUMEN:**INTRODUCCIÓN:**

El virus de la hepatitis C (VHC) fue identificado en 1989 y pertenece a la familia Flaviviridae. Este virus puede causar infección aguda y crónica, cuya gravedad varía entre una dolencia leve que dura algunas semanas y una enfermedad grave de por vida que puede producir cirrosis, enfermedad hepática terminal y hepatocarcinoma. La principal vía de transmisión es la parenteral (85%), la transmisión intrafamiliar por contactos percutáneos inadvertidos y la sexual, poco probable, con menos del 2% de los casos. Según la OMS el 3% de la población mundial (170-200 millones de personas) está infectada. La prevalencia varía según los países, su grado de desarrollo, incluso, las diferentes zonas y circunstancias sanitarias dentro del mismo país. En España se considera que la población infectada oscila entre el 2,5%.

OBJETIVOS:

Describir la técnica utilizada para la detección del virus de la hepatitis C y los resultados obtenidos durante el año 2016 en el Hospital Regional Universitario de Málaga.

MATERIAL Y MÉTODOS:

La técnica que utilizamos para cuantificar la carga viral de VHC es una RT-PCR en tiempo real, VERSANT HCV RNA 1.0 Assay (kPCR Siemens). Este sistema consta de 2 módulos:

- Módulo SP: Realiza la extracción automática del ácido nucleico, utiliza 500 microlitros de suero.
- Módulo AD: Realiza la amplificación y cuantificación del virus en tiempo real.

La técnica se usa en el tratamiento de pacientes con VHC crónica en combinación con marcadores de infección clínicos y de laboratorio. Con ella se puede predecir la probabilidad de una respuesta virológica sostenida de forma temprana durante el curso de un tratamiento antiviral y evaluar la respuesta a un tratamiento antiviral a través de los cambios en los niveles de ARN del VHC en suero.

RESULTADOS:

Se recibieron un total de 4486 peticiones, de las cuales fueron rechazadas 209 por distintos motivos (muestra insuficiente, hemolizada, etc). Del total de 4277 determinaciones realizadas resultaron negativas el 75,4% (3225 muestras con resultado <65 copias/mL) y positivas el 24,6% (1052 muestras). En 1 muestra el resultado fue mayor al límite superior de detección del equipo (>430.000.000 copias/mL). La media de edad de los pacientes fue de 58,9 años. En 51 muestras los pacientes eran menores de edad. Por género, la mayoría de las peticiones procedían de pacientes masculinos (64%). Respecto al origen de las peticiones, los principales servicios peticionarios fueron Digestivo, Enfermedades Infecciosas, Hematología y Nefrología.

CONCLUSIONES:

El virus de la hepatitis C es una de las causas importantes de hepatopatías, implica un grave problema de salud y un alto coste sanitario. Los antiviricos pueden curar más del 90% de los casos de infección, lo que reduce el riesgo de muerte por cirrosis y cáncer de hígado. En la actualidad no existe ninguna vacuna contra la hepatitis C.

INFECCIÓN DE PRÓTESIS ARTICULARES DURANTE LOS AÑOS 2015- 2016 EN EL HOPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LA VICTORIA DE MÁLAGA

Autor/a/s: Márquez Salazar, Rafael. Guerrero Crespillo, Ángela María. González Rosa, Manuel.

Centro de trabajo: HOSPITAL VIRGEN DE LA VICTORIA

Localidad: MÁLAGA

Correo electrónico del primer firmante: rafamarquez-s@hotmail.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La infección de prótesis articular, es un problema creciente de salud pública. El cuerpo extraño determina la formación de biocapas bacterianas o biofilm, que son resistentes a los mecanismos de defensa y a los antibióticos.

OBJETIVOS:

Estudiar las características epidemiológicas de las infecciones asociadas a prótesis articulares para mejorar su diagnóstico y manejo.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Desde enero de 2015, hasta diciembre de 2016, hemos evaluado de forma prospectiva 289 muestras de 57 pacientes, con infecciones de prótesis articulares.

Las muestras recibidas en sus contenedores estériles, son introducidas en el sonicador de baño de baja potencia, durante cinco minutos, centrifugándolas posteriormente a 3000 rpm, durante 20 minutos y resuspendiéndolas mediante vortex. Del sonicado, se realizó extensión para tinción de gram y posteriormente sembradas de forma cuantitativa en los medios de cultivo, según protocolo de siembra de la mesa de exudados y se incubaron en estufa a 37°C durante 24 a 48 horas. Para la identificación y sensibilidad, utilizamos el sistema automatizado Walk-Away (Siemens), utilizando para ello los paneles Pc 31, Pc32 para gram positivos y Nc 53, Nc 54 para gram negativos.

Tarjetas YST Biochemical Card del sistema Vitek (bioMérieux®) para la identificación de levaduras.

RESULTADOS:

La edad media fue de 70 años (intervalo 43-86 años), en su mayoría mujeres 35 casos (61,4%). Su localización más frecuente, fue la rodilla 184 muestras (63,7%), la cadera 79 (27,3%) y hombro 26 (9%). De ellas se documentaron microbiológicamente 122 muestras positivas (42,8,47%). De las que 73 (59,84%) fueron de rodilla, 49 (40,16%) de cadera, no encontrándose ninguna muestra positiva en las prótesis de hombro.

Se aislaron 96 muestras de Gram positivos (78,69%), 5 gram negativos (4,2%), 7 levaduras (5,7%) y 14 floras mixtas (11,4%). El germen aislado con más frecuencia fue el *S. epidermidis* 50% de las muestras documentadas

CONCLUSIONES:

La liberación de los microorganismos presentes en las biopelículas mediante la sonicación, es un procedimiento que presta unos resultados superiores a los cultivos convencionales.

Las limitaciones más importantes, derivan de la posible contaminación de las muestras durante su manipulación.

La infección es una complicación importante en el implante de prótesis articular, está causada fundamentalmente, por cocos gram positivos y presenta clínicamente una mayor afectación local que sistémica.

CARGA DE TRABAJO Y RENTABILIDAD DE LOS HEMOCULTIVOS PROCEDENTES DE URGENCIAS. COMPARATIVA ENTRE MESES CÁLIDOS Y FRÍOS

Autor/a/s: Juez Tur, M^a Nieves; Oliván Felipe, Teresa; Belenguer García, Pilar; Sellés Marqués, Purificación; Lucas Zabala, Olga; Toyas Miaza, Carla; Sánchez Hernández, M^a Pilar; Pereira Boan, Javier; Toledo Pallarés, Miguel; Aspiroz Sancho, Carmen.

Centro de trabajo: Hospital Royo Villanova

Localidad: Zaragoza

Correo electrónico del primer firmante: nievesjuez67@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los hemocultivos son una herramienta fundamental en la detección de infecciones graves, pero su solicitud supone una importante carga de trabajo, tanto para el laboratorio de Microbiología, como para el Servicio de Urgencias de nuestro hospital. La concienciación de los profesionales de ambos servicios es básica para el aumento del rendimiento.

OBJETIVOS:

- Conocer la aportación de hemocultivos del servicio de urgencias al laboratorio de Microbiología.

- Describir la rentabilidad diagnóstica (porcentaje del nº de hemocultivos verdaderos positivos/nº de hemocultivos realizados) de los hemocultivos procedentes del servicio de urgencias.

MATERIAL Y MÉTODOS:

- Cada hemocultivo comprende una extracción de sangre periférica por venopunción (habitualmente de las extremidades superiores) y está compuesto por dos botellas (aerobia y anaerobia, Becton Dickinson), que se procesan siguiendo el procedimiento estándar en el incubador automático (BACTEC).

- Posteriormente, en el caso de los hemocultivos positivos, se inoculan en medios habituales (agar sangre, agar chocolate, agar MacConkey y/o agar Schaedler) y se hace una tinción de Gram. Posteriormente se realiza la interpretación facultativa para discriminar los contaminados de los verdaderos positivos y se realiza el trabajo de identificación y sensibilidad antibiótica.

RESULTADOS:

Los resultados se muestran en la tabla 1:

MESES	Hemocultivos	POSITIVOS	RENTABILIDAD
Enero	423	30	7,1
Febrero	498	44	8,835
Marzo	426	33	7,746
Abril	336	25	7,44
Mayo	371	53	14,285
Junio	365	35	9,59
Julio	320	34	10,625
Agosto	301	42	13,953
Septiembre	285	31	10,877
Octubre	311	34	10,932
Noviembre	296	24	8,108
Diciembre	354	25	7,062
TOTALES con datos	4286	410	9,566
TOTALES	4316		

CONCLUSIONES:

- La media de rentabilidad (9,57) está en cifras que coinciden con resultados de otros hospitales y con la bibliografía consultada.

- Los meses fríos son los que menos rentabilidad diagnóstica ofrecen, mientras que en los meses cálidos se incrementan los verdaderos positivos.

- En cuanto a la carga de trabajo de la sección de hemocultivos, se incrementa en los meses de verano en cuanto a verdaderos positivos y en cuanto a número en invierno, especialmente en periodos de gripe y otras infecciones respiratorias.

CONTAMINACIÓN DE HEMOCULTIVOS PROCEDENTES DE URGENCIAS. MEJORA DE RESULTADOS TRAS LA IMPLEMENTACIÓN DE UN PROYECTO DE MEJORA MULTIDISCIPLINAR.

Autor/a/s: Belenguer García, M^a Pilar; Juez Tur, M^a Nieves; Oliván Felipe, Teresa; Lucas Zabala, Olga; Sellés Marqués, Purificación; Toyas Miazza, Carla; Sánchez Hernández, M^a Pilar; Pereira Boan, Javier; Toledo Pallares, Miguel; Aspiroz Sancho, Carmen.

Centro de trabajo: Hospital Royo Villanova

Localidad: Zaragoza

Correo electrónico del primer firmante: pilarb38@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La contaminación en los hemocultivos origina la emisión de informes falsos positivos, y puede conllevar numerosos e importantes problemas como aumento de estancia de los pacientes, tratamientos inapropiados, un aumento de gasto sanitario, etc, además de un diagnóstico incorrecto que puede enmascarar el verdadero.

En el Hospital Royo Villanova (HRV) desde la aplicación de la Campaña Sobrevivir a la Sepsis, el número de hemocultivos fue ascendiendo gradualmente, y con ello el número de contaminaciones, que alcanzó cifras muy elevadas (>12%). Los microorganismos aislados de los hemocultivos contaminados eran, en su inmensa mayoría, estafilococos coagulasa negativa, lo que orientaba a un probable origen en la piel del paciente. Por ello, en octubre de 2013 comenzó una intervención multidisciplinar entre el servicio de Urgencias y el de Microbiología del HRV, dirigida a personal de enfermería de Urgencias del HRV.

OBJETIVOS:

El objetivo del presente trabajo es analizar los resultados de los hemocultivos extraídos en Urgencias durante el año 2016 y compararlos con datos previos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron los hemocultivos extraídos en el servicio de Urgencias durante el año 2016. Todos ellos fueron inoculados y procesados en botellas y sistema BACTEC (Bekton Dickinson) según protocolo estándar de 5 días de incubación. Posteriormente, los positivos se inoculan en las placas de cultivo para su posterior lectura e interpretación.

RESULTADOS:

En el año 2016, se procesaron 6.100 hemocultivos, de los cuales, 4.316 (70.75%), provenían del servicio de urgencias del HRV.

Los resultados, incluyendo los datos de contaminaciones por mes, se muestran en la siguiente tabla:

MESES	Nº Hemocultivos	Hemocultivos Negativos	Hemocultivos Falsos Positivos	Hemocultivos Contaminados	Hemocultivos Verdaderos Positivos	Porcentaje Hemocultivos Contaminados	Porcentaje Hemocultivos Positivos
Enero	423	373	4	16	30	3,78	7,1
Febrero	498	429	1	24	44	4,82	8,835
Marzo	426	375	0	18	33	4,22	7,746
Abril	336	296	4	11	25	3,27	7,44
Mayo	371	304	1	13	53	3,5	14,285
Junio	365	312	2	16	35	4,38	9,59
Julio	320	277	1	8	34	2,5	10,625
Agosto	301	247	2	10	42	3,32	13,953
Septiembre	285	245	1	8	31	2,8	10,877
Octubre	311	262	2	13	34	4,18	10,932
Noviembre	296	259	0	13	24	4,39	8,108
Diciembre	354	303	2	24	25	6,78	7,062
TOTALES	4286	3682	20	174	410	3,995	9,566

CONCLUSIONES:

La mayoría de los hemocultivos del hospital proceden de Urgencias, con cifras que superan el 70%, que aumentan las de otros años.

Las contaminaciones en el año 2016 han disminuido de forma significativa, desde cifras iniciales superiores al 12% en los años previos a la intervención de 2013, al 3.99% del año 2016, cercano al límite óptimo del 3%.

Las contaminaciones fueron más elevadas en meses fríos que en cálidos, lo que concuerda con los años previos y con la mayor presión asistencial.

Las medidas de mejora implementadas han mejorado el rendimiento de los hemocultivos y han evitado una importante carga de trabajo en Microbiología, tanto en los TEL como en el personal facultativo. Además, ha evitado actuaciones diagnósticas y terapéuticas innecesarias.

PREVALENCIA EN PEDIATRÍA DE INFECCIÓN URINARIA

Autor/a/s: ENCARNACIÓN DÍAZ HIGUERAS, MANUELA ESCOBAR CONDE, PILAR MERINO RIVILLA

Centro de trabajo: HOSPITAL MÉDICO-QUIRURGICO DE JAÉN

Localidad: JAÉN

Correo electrónico del primer firmante: encarnalaboratorio@hotmail.com

RESUMEN:

PREVALENCIA EN PEDIATRÍA DE INFECCIÓN URINARIA

INTRODUCCIÓN:

Este tipo de infección es muy frecuente en niños y lactantes, con una prevalencia aproximada de 2-5%. En los niños es más frecuente en los primeros meses de vida y en las niñas, en cambio, a partir de los 3 años de edad. La padecen alrededor de un 5% de los escolares. Además de su elevada prevalencia en la infancia, su diagnóstico se puede hacer muy difícil en pacientes de muy corta edad.

OBJETIVOS:

Evaluación mediante un análisis descriptivo de los urocultivos pediátricos, de niños hospitalizados y centros de atención primaria, recibidos en nuestra unidad durante dos meses.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio prospectivo de los cultivos de orina de micción media, de niños menores de 13 años, analizados en nuestro laboratorio durante dos meses del año 2015. Las muestras de orina se sembraron en los medios agar sangre y CLED. La identificación se realiza con espectrometría de masas. Las muestras de orina se recogen en bolsas recolectoras en niños menores de 1 año y después se sigue el mismo procedimiento.

RESULTADOS:

Para el estudio se procesaron 157 muestras de orina, de 55 niños y 103 niñas, de estos, tres fueron obtenidas por sondaje. De este total 85 fueron negativas, 51 positivas y 21 de ellas estaban contaminadas. El principal germen aislado fue E.coli (60.7%) seguido de K.pneumoniae (9.8%) y E.faecalis (5.8%).

CONCLUSIONES:

Hay un alto porcentaje de urocultivos procesados (33%) correspondientes a niños menores de 1 año, donde el índice de positivos y contaminados es más alto. En general, la mayoría de las muestras corresponden a menores de 3 años.

El agente etiológico más frecuente es E.coli.

Debido a la contaminación de muestras que se puede producir hay que extremar las condiciones de asepsia en la recogida de muestras para aumentar así la eficiencia diagnóstica en el laboratorio.

BACTERIEMIA POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILIN-RESISTENTE (SARM)

Autor/a/s: Aras Ibarzabal, Mónica; Varela Soto, Begoña Gloria; Prieto Pe-layo, Vanesa; Figueroa Cerón, Ruth E. y Cisterna Cancer, Ramón.

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO BASURTO

Localidad: BILBO

Correo electrónico del primer firmante: monika@irakari.jazztel.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Staphylococcus aureus es una bacteria gram positiva, anaerobia facultativa, productor de coagulasa, inmóvil y no esporulada, que se encuentra ampliamente distribuida por todo el mundo.

Es uno de los patógenos nosocomiales más frecuentes y, a la vez, más preocupante debido a que su sensibilidad a los antibióticos se va reduciendo con el paso del tiempo.

La producción de penicilinasas, mecanismo por el cual esta bacteria se vuelve resistente a ciertos antibióticos; se remonta a 1961, a los pocos meses de introducirse en el mercado.

OBJETIVOS:

Estudio de los casos de bacteriemia por SARM aislados en el servicio de Microbiología del Hospital Universitario Basurto, obtenidos durante el periodo 2003-2016.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio retrospectivo de los casos de bacteriemia por SARM aislados en el Servicio de Microbiología Clínica y Control de Infección del Hospital Universitario Basurto (Bilbao).

Los hemocultivos se procesaron en el sistema automatizado BD BAC-TEC FX de detección por fluorescencia.

La identificación y el estudio de sensibilidad mediante microdilución en caldo se realizó mediante el sistema Phoenix de Becton Dickinson.

RESULTADOS:

Se recogieron durante el periodo 2003- 2016 un total de 446 casos de bacteriemia por SARM, de los cuales 285 casos (63.9%) se produjeron en hombres y 161 casos (36.09%) en mujeres. La edad media de los pacientes fue de 63.9 años. Por rango de edad el periodo de 0 a 15 años fue de 6 aislamientos de SARM (1.35%); el rango de 16 a 65 años de 122 (27.35%) y de mayores de 65 años 318 (71.30%).

El servicio de urgencias y medicina interna son los que presentaron un porcentaje más alto de infección por SARM.

CONCLUSIONES:

Es importante la detección rápida de la infección por SARM para poder aislar a los pacientes infectados por este patógeno y así evitar la posible colonización en los demás.

Uno de los factores que influyen en la infección por SARM es la edad de los pacientes.

Un tratamiento inicial temprano es importante para la eliminación de este microorganismo, siendo la vancomicina el fármaco de primera elección. Aunque se están observando resistencias a este antibiótico en nuestro hospital no han aparecido.

(EVALUACION DE TEST PARA DIAGNÓSTICO RAPIDO DE GRIPE EN UN HOSPITAL COMARCAL)

Autor/a/s: (De Diego Quintana, Begoña; Agundo Esteo, Pilar; Cimarra Hernández, M^a Mar; Majado Lorenzo, Gloria; Sierra Dorado, Gemma María.)

Centro de trabajo: (Microbiología Hospital San Agustín)

Localidad: (Avilés)

Correo electrónico del primer firmante: (bego-de-diego@hotmail.com)

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Los virus Influenza A y B causan infecciones respiratorias agudas de forma estacional en olas epidémicas y también son patógenos noso-

comiales. Un diagnóstico rápido permite tomar medidas de control e iniciar precozmente tratamiento adecuado, lo que reduce la duración y gravedad de la infección, incidencia de sobreinfección bacteriana y la duración de la eliminación del virus.

OBJETIVOS:

La prueba Sofía Influenza A+B es una técnica de inmunofluorescencia para detectar los antígenos de las nucleoproteínas del virus de la gripe A y B en muestras respiratorias obtenidas de pacientes sintomáticos.

El resultado negativo en pacientes de alto riesgo debe de ser confirmado mediante ensayo molecular (RT-PCR) aprobado por la FDA, por lo que los resultados negativos no descartan la infección por el virus de la gripe.

El objetivo de nuestro trabajo fue comprobar la utilidad de la prueba Sofía como método de diagnóstico rápido y comparar la concordancia con el diagnóstico molecular que se realiza en nuestro centro de referencia.

MÉTODOS:

El test Sofía se implanta en nuestro laboratorio una vez iniciado ya el brote epidémico de gripe en nuestra comunidad. Durante dicho período (22 diciembre 2016 -18 febrero 2017), se realiza un estudio comparativo de los resultados de Sofía vs RT-PCR. La muestra, previa lisis de partículas víricas para exponer las nucleoproteínas internas del virus, se inocula en el pocillo de muestra del cartucho. Desde este pocillo, la muestra migra a través de una tira reactiva y si el antígeno vírico está presente, quedará atrapado en una posición específica. La tecnología de inmunofluorescencia de Sofía mide la señal fluorescente, procesando los resultados como positivo, negativo o no válido.

RESULTADOS:

Se analizaron un total de 115 muestras hospitalarias de las cuales resultaron positivas para gripe A por Sofía 26.9% (31/115), un 73,1 % fueron negativos; no se detectó gripe B. Todas las muestras negativas por Sofía fueron confirmadas por PCR, resultando negativas por Sofía y positivas por PCR en 59 muestras; los 25 restantes fueron verdaderos negativos. Las 31 muestras Sofía positivas fueron todas confirmadas por PCR sin existir falsos positivos. La sensibilidad fue de un 33,3% y la especificidad del 100%

CONCLUSIONES:

El estudio se realizó durante el pico de actividad de gripe en nuestra comunidad, lo que junto con el bajo tamaño muestral, explicaría los moderados resultados de sensibilidad obtenidos. El valor predictivo positivo del 100%, ha permitido realizar precozmente diagnósticos precisos e implementar rápidamente medidas de prevención y control de la infección

Sofía es un método de diagnóstico rápido, sencillo, que requiere mínima manipulación de la muestra y es de lectura automatizada, por tanto fácilmente adaptable a los laboratorios de microbiología clínica con plantillas de T.E.L. ajustadas.

EVALUACIÓN DEL DIAGNÓSTICO DE LA ENTEROCOLITIS POR CITOMEGALOVIRUS

Autor/a/s: Vila Olmo, Neus; Herrero García, Elsa; Mas Goñi, Mireia; Mendoza Irigoyen, Leandro; Olivares Albella, Ivana; Rodríguez García, Christian

Centro de trabajo: Hospital Universitario Bellvitge

Localidad: L' Hospitalet de Llobregat

Correo electrónico del primer firmante: neusvila@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El citomegalovirus (CMV) humano es una infección muy frecuente. En el huésped inmunocompetente la infección suele ser silente, aunque puede ocasionar un síndrome mononucleósico y, raramente, enfermedad grave. CMV es una importante causa de infección primaria congénita y también de enfermedad en recién nacidos, especialmente en los prematuros. Como otros virus de la familia Herpesviridae, CMV es capaz de establecer latencia, reactivándose como un pató-

geno oportunista en los pacientes que sufren algún tipo de inmunodepresión, fundamentalmente en pacientes trasplantados o con sida, pero también se detecta CMV asociado a otras alteraciones inmunitarias. Aunque la infección primaria en inmunodeprimidos es posible, en la mayoría de los casos acostumbra a ser reactivaciones a partir del virus latente. El CMV puede afectar a varios órganos, entre ellos el tracto digestivo en toda su extensión. El diagnóstico de la infección reciente se fundamenta en la conversión de anticuerpos IgG-CMV de negativo a positivo o, con menor especificidad, por la presencia de IgM-CMV. La enterocolitis por CMV se demuestra por la detección del virus en muestras de biopsia de colon, ya sea por cultivo viral o por detección del genoma de CMV mediante la amplificación de ácidos nucleicos, siendo éste último el método más sensible y rápido.

OBJETIVO:

Analizar el diagnóstico de las enterocolitis por CMV sobre biopsias de colon por amplificación de ácidos nucleicos mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real (PCR-tr). Comparar éste método con otras técnicas diagnósticas: cultivo viral y serología específica de CMV.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogieron de forma retrospectiva los resultados de PCR-tr en biopsia de colon en pacientes a quienes se les había solicitado la detección de CMV. Se comparó el resultado obtenido en la biopsia de colon con muestras de sangre obtenidas de forma concomitante. Asimismo se han recogido los resultados del cultivo de CMV, aunque éste se realizó de forma sistemática solamente al inicio del período de estudio. Además, cuando fue posible, se estudió el resultado de la serología de IgG e IgM específicas de CMV. Paralelamente se analizaron otros patógenos causantes de colitis, en particular *Clostridium difficile* y otras bacterias y parásitos gastrointestinales.

RESULTADOS:

En el período 2011-16 se estudiaron 560 muestras de biopsia de colon mediante PCR-tr, procedentes todas de pacientes con sintomatología clínica gastrointestinal (n=544). En 92 muestras (16,43%) la PCR-tr fue positiva (79 pacientes). En 6 ocasiones la PCR-tr en sangre fue positiva de forma concomitante a la positividad de la biopsia, la IgM fue positiva solamente en 3 pacientes y se observó una sola seroconversión de IgG. El cultivo viral fue positivo en 1 ocasión. Se han observado otros patógenos bacterianos de forma concomitante: 2 *Clostridium difficile*, 2 *Campylobacter* spp., 1 *Salmonella enteritidis*, 2 *Aeromonas* spp. y 1 *Mycobacterium tuberculosis*.

CONCLUSIONES:

1. La PCR-tr ha resultado ser el método más adecuado para el diagnóstico de la enterocolitis por CMV.
2. En la mayoría de ocasiones la infección por CMV estuvo restringida al tracto gastrointestinal (PCR-tr en sangre negativa)

ra mediante la neutralización del efecto citotóxico por un anticuerpo específico) o de forma rápida mediante métodos inmunoenzimáticos o inmunocromatográficos. La detección del antígeno GDH adolece de especificidad pues está presente tanto en cepas que no producen toxinas como en cepas toxigénicas aunque por su elevada sensibilidad suele utilizarse como método de cribado. La principal ventaja de las técnicas de amplificación de ácidos nucleicos es su elevada sensibilidad cuando detectan el gen de la toxina B o ambos genes A y B, su especificidad es también elevada pero debido a su coste se reservan para la confirmación de las técnicas rápidas de cribado.

OBJETIVO:

Comparar con los métodos de referencia tres técnicas diagnósticas para la determinación de la toxina de CDIF.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se estudiaron 232 muestras fecales de pacientes a quienes se había solicitado la detección de toxina de CDIF. Se utilizaron como técnicas de referencia el cultivo en anaerobiosis sobre medio selectivo para CDIF (*Clostridium difficile* selective agar, Difco) y/o la amplificación de ácidos nucleicos (Genomera® *C. difficile*, Abacus). Los métodos a comparar fueron los siguientes: 1. Detección de toxina sobre cultivo de células Vero, 2. Una prueba de ELISA para la detección de las toxinas A y B de CDIF (Techlab® *C. difficile* Tox A/B II) y 3. Inmunoensayo enzimático de membrana para la detección de las toxinas A y B de CDIF (Techlab® *C. DIFF* quick chek complete).

RESULTADOS:

Mediante el uso de las técnicas de referencia se han obtenido 76 muestras positivas y 156 muestras negativas (grupo de control). De las tres técnicas comparadas, la detección de toxina sobre cultivo celular fue la técnica más sensible (84,21% respecto de las técnicas de referencia), seguida del inmunoensayo de membrana (68,42%), la técnica con menor sensibilidad fue el ELISA (63,16%). Se observó un falso positivo en la detección por cultivo celular (especificidad 99,36%) y otro falso positivo en el test de membrana (especificidad: 99,36%); el método de ELISA fue 100% específico.

CONCLUSIONES:

1. Ninguna de las técnicas de detección de toxina tuvo suficiente sensibilidad como para ser utilizada como método aislado para el diagnóstico de la EACD, por tanto deben ser complementados con uno o ambos de los métodos de referencia empleados en este trabajo.
2. Debido a su lectura mediante espectrofotómetro, la especificidad de la técnica de ELISA fue absoluta, aunque en este caso el establecimiento de adecuados puntos de corte es fundamental.
3. La detección de toxina sobre cultivo celular, aunque fue la más sensible, resultó menos específica debido a la subjetividad de su lectura.
4. El inmunoensayo enzimático de membrana por su lectura visual también fue menos específico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 426

EVALUACIÓN DE TRES MÉTODOS PARA LA DETECCIÓN DE LA TOXINA DE C. DIFFICILE

Autor/a/s: Vila Olmo, Neus; Herrero García, Elsa; Mas Goñi, Mireia; Mendoza Irigoyen, Leandro; Olivares Albella, Ivana; Rodríguez García, Christian

Centro de trabajo: Hospital Universitario Bellvitge

Localidad: L' Hospitalet de Llobregat

Correo electrónico del primer firmante: neusvila@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La enfermedad asociada a *C. difficile* (EACD) está causada por cepas de *Clostridium difficile* (CDIF) productoras de una o más de las toxinas que es capaz de expresar (toxinas A, B y binaria). El cultivo anaerobio de la muestra fecal en medio selectivo seguido de la detección de toxina/s (cultivo toxigénico) es el método de referencia pero exige una incubación de 48h como mínimo. La detección de la/s toxina/s se puede realizar determinando su actividad tóxica sobre un cultivo celular tras 24h de incubación (la especificidad del ensayo se asegu-

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 427

EVALUACIÓN DE UN PROGRAMA DE CRIBADO EN UN SISTEMA DE VIGILANCIA ACTIVA PARA CHLAMYDIA TRACHOMATIS Y NEISSERIA GONORRHOEA

Autor/a/s: Vila Olmo, Neus; Herrero García, Elsa; Mas Goñi, Mireia; Mendoza Irigoyen, Leandro; Olivares Albella, Ivana; Rodríguez García, Christian

Centro de trabajo: Hospital Universitario Bellvitge

Localidad: L' Hospitalet de Llobregat

Correo electrónico del primer firmante: neusvila@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Chlamydia trachomatis (CT) es una de las más frecuentes infecciones de transmisión sexual. La infección puede ser asintomática pero sin diagnóstico ni tratamiento puede derivar en enfermedad pélvica inflamatoria, dolor abdominal crónico, cervicitis, endometritis, salpingitis, e infertilidad en la mujer. En el hombre puede causar uretritis, epididimitis, síndrome de Reiter y proctitis. Aunque se puede observar a cualquier edad, los grupos más afectados son los de población joven.

Neisseria gonorrhoeae (NG) es también una causa importante de enfermedad de transmisión sexual. Aunque la infección también puede ser asintomática, lo es con menor frecuencia que en el caso de CT, sobretudo en varones. Asimismo el colectivo más afectado es el de población joven sexualmente activa.

OBJETIVO:

Evaluar un programa de cribado para el diagnóstico de CT y NG en muestras clínicas mediante el uso de la amplificación de ácidos nucleicos por la técnica de reacción en cadena de la polimerasa a tiempo real PCR-tr

MATERIAL Y MÉTODOS:

El período evaluado comprende los años 2015 y 2016. El método que se utilizó fue la PCR-tr (Abbott CT-NG rtPCR).

RESULTADOS:

Se analizaron un total de 7708 muestras (n=3498 2015, n=4210 2016), 5759 frotis endocervical, 947 orina, 328 frotis uretral, 111 frotis rectal, 34 frotis orofaríngeo, 484 frotis vaginales, 45 muestras varias. El 81,81% de las muestras procedían de mujeres. Para CT se observaron 676(10,72%) muestras positivas representando una prevalencia del 6,51% en mujeres y de un 2,26% en varones. El grupo de edad de mujeres con mayor prevalencia de CT fue el de 15-19 años (16,53%) y el de varones fue el de 25-29 años (18,57%). Para NG se observaron 169 (2,19%) positivos; prevalencia en mujeres (0,95%) y en varones (1,24%). El grupo de edad de mujeres con mayor prevalencia de NG fue el de 15-19 años (2,07%) y el de varones fue el de 15-19 años (12,90%).

CONCLUSIONES:

1. La proporción de CT y NG fue elevada en el rango de población de menor edad (<30 años).
2. La proporción fue más elevada en varones tanto para CT como para NG.
3. Los programas de cribado como el evaluado, permiten establecer la adecuada prevención y tratamiento de los pacientes.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 428

PREVALENCIA DE HEPATITIS E EN EL ÁREA METROPOLITANA SUR DE BARCELONA

Autor/a/s: Vila Olmo, Neus; Herrero García, Elsa; Mas Goñi, Mireia; Mendoza Irigoyen, Leandro; Olivares Albella, Ivana; Rodríguez García, Christian

Centro de trabajo: Hospital Universitario Bellvitge

Localidad: L' Hospitalet de Llobregat

Correo electrónico del primer firmante: neusvila@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El virus de la hepatitis E (VHE) es la causa principal de hepatitis aguda en países en vías de desarrollo, sin embargo, cada vez es más frecuente la descripción de casos esporádicos de infección por VHE en países desarrollados. La principal vía de transmisión del VHE es la oro-fecal, a través del consumo de agua contaminada o de carne cruda o mal cocinada procedente de animales (cerdo, ciervo...) infectados por el virus.

OBJETIVO:

Estudiar la prevalencia de infección por VHE en el área metropolitana Sur de Barcelona.

MATERIAL Y MÉTODOS:

De marzo de 2015 a marzo de 2016 se estudiaron 447 muestras de suero de 437 pacientes enviadas al Servicio de Microbiología del Hospital Universitari de Bellvitge, para el estudio serológico de hepatitis E. Se analizó la presencia de anticuerpos específicos anti-VHE de tipo IgG mediante ELISA (recomWell HEV IgG-Mikrogen). Los datos demográficos y clínicos se recogieron retrospectivamente.

RESULTADOS:

De los 437 pacientes estudiados, el 56,3% fueron hombres (edad

media 52,1 años; SD= 15,9) y el 43,7% fueron mujeres (edad media 51,03 años, SD= 16,03). Los servicios del hospital que con mayor frecuencia solicitaron serología de VHE fueron: digestivo (33,4%), urgencias (18,9%), medicina interna (11,2%), cirugía general (6,4%), UCI (4,3%) y unidad de trasplante hepático (3,2%). Se detectaron anticuerpos anti-VHE IgG en el 25,6% de los pacientes (n= 112), de los cuales el 58,9% fueron hombres (n= 66, edad media= 58,8 años, SD= 14,6) y el 41,4% mujeres (n= 46, edad media= 59,3, SD= 14,1). El 86,4% de los pacientes con serología positiva eran de nacionalidad española, mientras el 13,6% restante eran de nacionalidades argentina, china, colombiana, georgiana, india, marroquí, peruana, uruguaya y vietnamita.

CONCLUSIONES:

La prevalencia de hepatitis E en nuestra área es relativamente alta, aunque similar a otras áreas del país. La mayoría de los pacientes con serología positiva eran de nacionalidad española y no tenían antecedentes de viajes a zonas endémicas.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 429

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y EPIDEMIOLÓGICAS DE LOS PACIENTES CON SEROLOGÍA POSITIVA FRENTE A BARTONELLA HENSELAE

Autor/a/s: Vila Olmo, Neus; Herrero García, Elsa; Mas Goñi, Mireia; Mendoza Irigoyen, Leandro; Olivares Albella, Ivana; Rodríguez García, Christian

Centro de trabajo: Hospital Universitario Bellvitge

Localidad: L'Hospitalet de Llobregat

Correo electrónico del primer firmante: neusvila@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Bartonella henselae es el agente causal de la enfermedad por arañazo de gato (EAG) y otras patologías sistémicas. El diagnóstico de la EAG se basa principalmente en la detección de IgG e IgM específicas en suero, sin embargo, se han de tener en cuenta criterios clínicos, epidemiológicos e histológicos.

OBJETIVOS:

Describir las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes con serología positiva frente a *B. henselae*.

MATERIAL Y MÉTODOS:

De Junio de 2015 a Noviembre de 2016 se estudiaron 87 muestras de suero de 75 pacientes enviadas al Servicio de Microbiología del Hospital Universitari de Bellvitge, para estudio serológico de *Bartonella henselae*. La detección de anticuerpos IgG e IgM se realizó por inmunofluorescencia indirecta (Vircell S.L.-Granada-España). Los datos demográficos y clínicos se recogieron retrospectivamente.

RESULTADOS:

De los 75 pacientes estudiados, el 50,7% fueron hombres (edad media=50,2; SD: 16,8) y el 49,3% fueron mujeres (edad media=50,8; SD=21,3). Se detectaron anticuerpos IgG frente a *Bartonella henselae* en 10 pacientes y en 2 de ellos se detectaron también IgM. Tras revisión de los datos clínicos, 4 pacientes habían sido diagnosticados de enfermedad por arañazo de gato, 3 presentaban fiebre de origen desconocido, 2 con neuroretinitis, y 1 con panuveítis. El 50% de los pacientes con serología positiva fueron hombres. La media de edad de los pacientes fue de 42,6 años (SD: 15,3). El 50% de los casos ocurrieron en el segundo trimestre del año. Cinco pacientes recibieron tratamiento antibiótico y todos evolucionaron favorablemente.

CONCLUSIONES:

La infección por *Bartonella henselae* es poco frecuente en nuestra área, siendo la enfermedad por arañazo de gato la forma de presentación más frecuente. Aunque el número de pacientes con serología positiva frente a *B. Henselae* fue muy bajo, se observó una marcada estacionalidad, siendo la mitad de los casos diagnosticados en el segundo trimestre del año.

EVALUACIÓN DE UN ELISA BASADO EN EL ANTÍGENO NS1 PARA LA DETECCIÓN DE ANTICUERPOS CONTRA EL VIRUS ZIKA

Autor/a/s: JOSEP BARRACHINA, IZASKUN ALEJO, ROSA ALBARRACIN, VERONICA GONZALO, MIGUEL J. MARTINEZ YOLDI

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINIC DE BARCELONA

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: barrachina@clinic.cat

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El virus Zika es un arbovirus emergente que ha causado una epidemia de grandes dimensiones en el continente americano. El virus Zika puede afectar al feto cuando infecta a las mujeres embarazadas ocasionando, entre otros, cuadros de microcefalia. El diagnóstico del virus Zika se basa en la detección del genoma viral por RT-PCR y en la detección de anticuerpos contra el virus. Las pruebas serológicas representan un importante problema diagnóstico, ya que existen frecuentes reacciones cruzadas con anticuerpos frente a otros virus del mismo género, como el dengue. Esto hace que en muchas ocasiones sean necesarias las laboriosas pruebas de neutralización, para discriminar si los anticuerpos son contra dengue o contra Zika.

OBJETIVOS:

Evaluar la utilidad de un nuevo ELISA basado en el antígeno NS1 del virus Zika para la detección de anticuerpos IgG e IgM contra el virus.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se evaluaron un total de 107 muestras para la detección de anticuerpos IgG y/o IgM contra el virus Zika con la técnica de ELISA-NS1. Los resultados se compararon con los obtenidos en las pruebas rutinarias de screening (inmunofluorescencia), las pruebas de neutralización (prueba de referencia serológica), las pruebas realizadas contra el virus dengue, y otros resultados de laboratorio disponibles para el Zika. Todas las pruebas se realizaron siguiendo las instrucciones del fabricante.

RESULTADOS:

Todas las muestras evaluadas con neutralización positiva o indeterminada (n=14) resultaron positivas con el ELISA IgG. Además, el ELISA también fue positivo en 5 muestras con neutralización negativa. 34 muestras positivas para IgG con inmunofluorescencia contra Zika, positivas para IgG contra dengue y negativas por neutralización contra Zika resultaron negativas en el ELISA IgG. En relación a las muestras con neutralización positiva o negativa, el ELISA presentó los siguientes valores: Sensibilidad=100%, Especificidad=82%, Valor Predictivo Positivo=62%, Valor Predictivo Negativo=100%. De 24 muestras positivas para IgM por inmunofluorescencia, 12 resultaron también positivas por ELISA IgM. 2 muestras negativas por inmunofluorescencia resultaron positivas por ELISA.

CONCLUSIÓN:

Los resultados indican una excelente utilidad para el ELISA IgG basado en el antígeno NS1 del virus Zika. El ELISA fue capaz de detectar todas las muestras confirmadas con IgG positiva frente al virus. De manera importante, pudo discriminar correctamente un gran número de muestras negativas, de forma que en estos casos se podría disponer de un resultado más rápido sin necesitar las pruebas de neutralización. El funcionamiento del ELISA IgM sin embargo, merece una evaluación más extensa, pues presenta una sensibilidad menor que la inmunofluorescencia.

ESTUDIO EPIDEMIOLÓGICO EN LA COMUNIDAD AUTÓNOMA DE GALICIA DEL VIRUS DE LA HEPATITIS B EN DONANTES DE SANGRE PROCEDENTES DE ZONAS CON ALTA PREVALENCIA

Autor/a/s: BEATRIZ FUENTES VILANOVA, ANA BELEN ABUIN OTERO, ME-

LANIA GOMEZ BARRAL, MARIA DEL MAR ALONSO GARCIA, SANDRA BARRALLOBRE NAYA, CARMEN BOTANA COUSELO, JOSE ANTONIO CASTRO FANDIÑO, SONIA ROCA OROSA, MARIA ISABEL FERREIRO MANEIRO.

Centro de trabajo: ADOS

Localidad: Santiago de Compostela

Correo electrónico del primer firmante: beafuentesvilanova@yahoo.es

INTRODUCCIÓN:

La infección por el virus de la hepatitis B se ha incrementado durante las últimas décadas y es endémica en muchos países. La prevalencia a nivel mundial según estudios analizados de la presencia del antígeno de superficie (HbsAg) en sangre es del 0.41%, con cifras que oscilan entre los distintos países europeos, teniendo los países del este y sur de Europa un mayor índice.

En nuestro centro hace años que está implantada una técnica NAT VHB en pool de 6 unidades. Aún así se ha realizado un estudio de prevalencia en población donante nacidos en Rumanía, país en el que la tasa de hepatitis B era de las más altas de Europa, si bien los grandes esfuerzos en vacunación de la población han conseguido disminuir su incidencia.

OBJETIVO:

Determinar el perfil serológico para el VHB de donantes procedentes de Rumanía.

MATERIAL Y MÉTODOS:

El programa informático e-Delphyn utilizado en nuestro centro generaba automáticamente la ampliación del perfil del virus de la hepatitis B cuando el donante procedía de Rumanía.

El perfil serológico aplicado:

VHB HbsAg PRIMA ChLIA (ABBOTT)

HbsAc/HbcAc ECLIA (COBAS)

Neutralización prueba confirmatoria ECLIA (COBAS).

NAT VHB/VIH/VHC Pool de 6, caso de NAT positiva se realiza en individual y discriminatorio (ROCHE)

RESULTADOS:

Se analizaron 152 donantes (77 hombres y 75 mujeres).

En 54 de ellos se encontraron alguno de los siguientes perfiles:

Perfiles encontrados:

1. HbsAg (POSITIVO)/Neutralización (POSITIVA)/HbsAc (NEGATIVO)/HbcAc (POSITIVO)/NAT (POSITIVA): 5 (4 hombres y 1 mujer)

Perfil compatible con infección activa

(dos de los varones presentaban además Ac-VHC ChLIA: POSITIVO)

2. HbsAg (NEGATIVO)/HbsAc (POSITIVO)/HbcAc (NEGATIVO)/NAT (NEGATIVO):

Perfil compatible con vacunación: 20 casos

13 Mujeres y 7 hombres

3. HbsAg (NEGATIVO)/HbsAc (POSITIVO)/HbcAc (POSITIVO)/NAT (NEGATIVO):

Perfil compatible con antecedentes de HB: 28 casos

10 Mujeres y 18 hombres

4. HbsAg (NEGATIVO)/HbsAc (POSITIVO)/HbcAc (POSITIVO)/NAT (POSITIVO): 0,66%

Perfil compatible con HB oculta : 1 caso

CONCLUSIÓN:

La comparativa entre la incidencia de los marcadores de hepatitis B en población de origen rumana con la de la población gallega y la de procedencia de otros países (asiáticos, latinoamericanos, etc) será necesaria para valorar la conveniencia de la determinación del HbcAc en nuestra población donante.

MISCELANEA

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 013

COMPARACIÓN DE LA CAPACIDAD DE RECUPERACIÓN DE CTCs EPCAM+ MEDIANTE LOS SISTEMAS CELLSEARCH E ISOFLUX

Autor/a/s: Beatriz Mediero Valeros, Virginia de la Orden García, Luís Francisco Sáenz Mateos, Pablo Ramirez Romero, Eduardo Diaz-Rubio García.

Centro de trabajo: Hospital Clínico San Carlos

Localidad: Madrid

Correo electrónico del primer firmante: bea.medierovaleros@gmail.com

RESUMEN:

OBJETIVO:

Comparación de técnicas para el aislamiento y conteo de células tumorales circulantes (CTCs) para cáncer colorrectal (CCR) y carcinoma hepatocelular (CHC)

INTRODUCCIÓN:

Las células tumorales circulantes (CTCs) son células raras que se encuentran en la sangre de los pacientes con tumores sólidos. La presencia de células tumorales circulantes podría ser de utilidad clínica como evidencia inicial del proceso metastático, marcador de riesgo de la posibilidad de metastatización y por tanto indicador de mal pronóstico y, por último como marcador para la monitorización de la respuesta al tratamiento. Estas células son indetectables por los métodos de imagen y de la mayoría de laboratorio, se precisan técnicas con gran sensibilidad y especificidad.

PACIENTES Y MÉTODO:

Se estudió a 21 pacientes con CCR metastásico sin tratamiento y 23 pacientes afectados de cirrosis y CHC (criterios de Milán) incluidos en la lista de trasplante hepático. El aislamiento inmunomagnético de las CTCs se realizó con anticuerpos anti-EpCAM por dos tipos de sistemas. En el sistema IsoFlux[®] el enriquecido celular se obtiene pasando la muestra a través de canales microfluídicos y se somete a una tinción inmunofluorescente con anti-CK, Hoechst 33342 y antiCD45, realizando el recuento celular en un microscopio de fluorescencia. El sistema CellTracks Autoprep system realiza automáticamente el aislamiento y el marcaje de membrana y núcleo de las células con anti-CK, DAPI y anti-CD-45. Tras la incubación de la muestra se realiza la cuantificación semiautomática de las CTCs por medio del CellTracks Analyzer II[®] System. Las CTCs se caracterizaron por su positividad para CK y DAPI, negatividad para CD45 y por sus características morfológicas. Se realizó el test de Shapiro-Wilk para comprobar si las variables seguían una distribución normal. Para comprobar si existen diferencias significativas entre las determinaciones de ambos métodos se utilizó la T de Wilcoxon con el software SPSS 17.0. Para la comparación de métodos se llevó a cabo una regresión Passing-Bablok utilizando el software Method Validator.

RESULTADOS:

Existen diferencias significativas según el test de Wilcoxon entre las CTCs determinadas por ambos métodos en las dos patologías ($P \leq 0.01$). En el 19% de los pacientes con CCR (4/21), el recuento de CTCs con el sistema CellSearch fue ≥ 3 (positivo), y en todos estos casos el recuento IsoFlux fue >30 CTCs. El sistema IsoFlux aisló >30 CTCs en el 33.3% de los casos (7/21). En los pacientes con CHC, hubo un único caso con CTCs ≥ 3 con el sistema CellSearch (4.3%, 1/23), hay que especificar que este sistema no está validado para esta patología y por tanto no tiene fijado un cut off. El método IsoFlux en dicho paciente aisló 102 CTCs, según este límite se observaron ≥ 102 CTCs en el 30.4% de los casos (7/23). La regresión Passing-Bablok reveló errores sistemáticos proporcionales entre los dos métodos en CCR, sin embargo dicho test no fue aplicable en CHC.

CONCLUSIONES:

Existen diferencias significativas entre la concentración de CTCs determinadas por los dos métodos en ambas patologías. A pesar de que los dos sistemas basan la captura celular en el anticuerpo anti-EpCAM, no existe correlación entre ambos métodos y tampoco una transferibilidad directa entre resultados para ninguno de los cánceres estudiados. Las diferencias observadas pueden explicarse por los diferentes principios aplicados en el aislamiento de las CTCs de cada

método y por la diferente eficiencia en el aislamiento de CTCs provenientes de tumores con baja expresión de EpCAM. Solamente un 10-30% de CHCs tienen expresión positiva de EpCAM por inmunohistoquímica, siendo mayoritariamente bajo su nivel de expresión, frente al 90% de los CRC con expresión de EpCAM de intensidad elevada.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 028

DESARROLLO DE UN MÉTODO PARA MEDIR SILDENAFILO Y N-DESMETIL SILDENAFILO EN PLASMA MEDIANTE HPLC-MS

Autor/a/s: Díaz González, M.Carmen; Montes Jiménez, Inés.

Centro de trabajo: Hospital Clínico Universitario San Carlos

Localidad: Madrid

Dirección del primer firmante:

Correo electrónico primer firmante: mcarmendiazgonzalez@gmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

El Sildenafil es un fármaco que funciona como inhibidor de la fosfodiesterasa tipo 5 que es la responsable de la degradación de GMPc. Una de sus aplicaciones es el tratamiento de la hipertensión pulmonar en niños. Se metaboliza principalmente por las isoenzimas hepáticas, siendo el metabolito principal circulante el N-desmetil-sildenafil que se encuentra en unas concentraciones plasmáticas del 40% respecto de las observadas para el Sildenafil.

OBJETIVO:

Desarrollo y validación de un método para la detección y cuantificación simultánea de Sildenafil y N-desmetil-Sildenafil en plasma mediante HPLC-MS.

MÉTODOS:

La separación cromatográfica se llevó a cabo con una columna de C18 a 35 °C. La elución se realizó en modo isocrático con una mezcla de acetonitrilo: ácido fórmico 1N (80:20) con un flujo de 0.7 mL/min. La detección del fármaco y su metabolito se realizó mediante un espectrómetro de masas monitorizándose los iones moleculares (ESI en modo positivo) $m/Z=475$ para el sildenafil y $m/Z=461$ para el N-desmetil-sildenafil. El procesado de la muestra consistió en una basificación a pH 9 con NaOH 1M y posterior extracción líquido-líquido con etil-acetato.

RESULTADOS:

El método se ha validado respecto a la linealidad, exactitud, precisión, límite de detección y de cuantificación. Para valorar el intervalo de linealidad se realizó una calibración de 10 puntos con disoluciones de estándares en agua medidos por triplicado. La exactitud se evaluó mediante ensayos de recuperación, añadiendo a una muestra cantidades conocidas del fármaco y su metabolito. El límite de detección se determinó como el valor mínimo detectable con una relación señal/ruido (S/N) mayor de 3. El límite de cuantificación se determinó como el valor mínimo con una S/N >10 y con un coeficiente de variación (CV%) menor del 10% para 10 repeticiones. La precisión intra-ensayo se evaluó midiendo 10 repeticiones de dos muestras con adiciones de 1000 ng/mL y 10 ng/mL del fármaco y su metabolito. La precisión inter-ensayo se evaluó midiendo durante 20 días dos muestras de plasma a las que se adicionó el fármaco y su metabolito (500 ng/mL) y las muestras de dos pacientes que habían ingerido el fármaco.

	SILDENAFILO	N-DESMETIL-SILDENAFILO
Intervalo de linealidad	2.5 - 2000 ng/mL $r^2=0,996$	1 - 2000 ng/mL $r^2=0,998$
Exactitud (Recuperación)	90% - 100%	85% - 95%
Límite de detección (S/N > 3)	2.5 ng/mL	1 ng/mL
Límite de cuantificación (S/N > 10)	5 ng/mL CV=9%	2.5 ng/mL CV=6%
Precisión intra-ensayo	1000 ng/mL CV=4.5% 10 ng/mL CV=15%	1000 ng/mL CV=3.5% 10 ng/mL CV=14%
Precisión inter-ensayo	Plasma con adición CV= 18% Plasma tras ingestión CV=15%	Plasma con adición CV= 15% Plasma tras ingestión CV=11%

CONCLUSIONES:

Los resultados de la validación muestran que se trata de un método

con un amplio intervalo de linealidad, con un bajo límite de detección y cuantificación y con una buena precisión y exactitud. Por tanto, el método desarrollado y validado en nuestro laboratorio puede utilizarse para detectar y cuantificar simultáneamente sildenafil y N-desmetil sildenafil en plasma para el seguimiento de niños con hipertensión pulmonar sometidos a tratamiento con este fármaco.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 036

INFLAMACIÓN DE LA SUPERFICIE OCULAR EN UN MODELO PARCIAL Y TOTAL DE SÍNDROME DE INSUFICIENCIA LÍMBICA.

Autor/a/s: Carmen García-Vázquez, Sara Galindo, Teresa Nieto-Miguel, Marina López-Paniagua, Margarita Calonge, Ana de la Mata, María Plata-Cordero, Esther Rey, Jose M. Herreras

Centro de trabajo: INSTITUTO UNIVERSITARIO DE OFTALMOBIOLOGÍA (IOBA)

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: carmen@ioba.med.uva.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

Las células madre responsables de la regeneración continua del epitelio corneal se localizan en el denominado limbo esclero-corneal, la zona de transición entre la córnea y la esclera-conjuntiva. Cuando se produce una disfunción o pérdida de estas células madre limbares se desarrolla el Síndrome de Insuficiencia Límica (SIL), patología que se caracteriza principalmente por la presencia de conjuntivalización, neovascularización y defecto epitelial corneal y por la aparición de dolor crónico y pérdida de visión. Actualmente, la reparación del epitelio de la superficie ocular después de haber sufrido un SIL es un gran desafío. Con el fin de estudiar con precisión la eficacia de nuevas terapias en el tratamiento de esta patología, es necesario desarrollar nuevos modelos animales que reproduzcan los diferentes grados de severidad del SIL en humanos.

OBJETIVO:

Desarrollar y clasificar modelos de SIL que engloben diferentes grados de inflamación de la superficie ocular (de leve a severo), y relacionarlos con los diferentes grados de severidad de SIL en humanos.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se desarrolló un modelo parcial de SIL en 6 conejos y un modelo total de SIL en 10 conejos. Para ello, en el ojo derecho de cada conejo se realizó una desepitelización completa de la córnea con n-heptanol y una peritomía limbar quirúrgica de 180° (modelo parcial) o 360° (modelo total). Se evaluó semanalmente la neovascularización corneal, la opacificación y el defecto epitelial utilizando una escala de 0 a 4 (de menor a mayor severidad) y realizando un seguimiento total de 11 semanas. Posteriormente, los conejos fueron eutanasiados y se recogieron los globos oculares para realizar un estudio histológico. Los tejidos se fijaron y se incluyeron en parafina, después se realizaron cortes en el micrótopo y se tiñeron con la técnica de tinción de PAS. Se evaluó el grado de daño tisular, la presencia de infiltrados inflamatorios y el número de células calciformes en el limbo y la córnea central.

RESULTADOS:

Las córneas de conejo de los modelos parcial y total de SIL desarrollaron opacidad, defectos epiteliales y neovascularización durante las 3-4 semanas posteriores a la lesión. La opacidad corneal, la ulceración y la neovascularización fueron significativamente mayores en el modelo total que en el modelo parcial. En 4 de los 10 conejos del modelo total se observó mayor severidad de los signos clínicos, desarrollándose una conjuntivalización que les cubría la córnea totalmente. En la histología se observó que el estroma corneal y limbar del modelo de SIL total presentaba una mayor desorganización y un número significativamente mayor de células inflamatorias y de células calciformes con respecto al modelo de SIL parcial.

Los resultados mostraron el desarrollo de diferentes grados progresivos de la enfermedad. Se desarrolló un SIL leve en la superficie ocular del 100% de los conejos con SIL parcial. En cambio, en el modelo total de SIL, se observó el desarrollo de un SIL moderado en la superficie ocular del 60% de los conejos y un SIL severo en el 40% de los conejos.

CONCLUSIONES:

Se ha desarrollado un modelo experimental eficiente de inflamación después de producir un SIL parcial o total. Se han observado grados progresivos de severidad (leve, moderado y severo), que se asemejan mucho a los grados que se producen en esta patología en humanos y por lo tanto, estos modelos serán de utilidad para el estudio preliminar de la eficacia de nuevos tratamientos para el SIL antes de realizar un posible ensayo clínico.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 156

LA HIPOXIA FAVORECE LA ACUMULACIÓN DE GRASA Y REGULA LA EXPRESIÓN DEL TRANSPORTADOR DE ÁCIDOS GRASOS CD36 EN EL HÍGADO

Autor/a/s: Esther Rey, Almudena Carrasco, Miriam Gil-Valle, Carmelo García-Monzón, Águeda Gonzalez-Rodriguez

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO SANTA CRISTINA (IIS-Princesa)

Localidad: MADRID

Correo electrónico del primer firmante: esther_fdz_rey@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La enfermedad de hígado graso no alcohólica (HGNA) se considera la manifestación hepática del síndrome metabólico y se caracteriza por la progresión de una esteatosis benigna a lesiones hepáticas más graves como esteatohepatitis, cirrosis e, incluso, hepatocarcinoma. De hecho, el acúmulo de grasa característico de esta enfermedad es debido a una desregulación en las rutas que modulan la homeostasis lipídica en este tejido, incluyendo aquellas que afectan a la captación de los ácidos grasos libres. Evidencias recientes indican que la severidad de HGNA se ve afectada por el síndrome de apnea obstructiva del sueño, una obstrucción recurrente de la vía aérea superior durante el sueño, caracterizada por períodos de hipoxia intermitente (HI). De hecho, la desregulación del gradiente normal de oxígeno en el hígado, que promueve la estabilización de los factores inducibles por hipoxia (HIFs), puede inducir esteatosis hepática e inflamación.

OBJETIVO:

Estudiar el impacto de la hipoxia en la captación hepática de ácidos grasos, centrándonos en investigar la modulación del transportador de ácidos grasos CD36 bajo condiciones de hipoxia.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Para la realización de este estudio se han utilizado tanto modelos murinos (ratones Vhl floxed-Ubc-Cre-ERT2 (VHL KO), que sobreexpresan de manera constitutiva los HIFs, y sus correspondientes controles, y ratones sometidos a un protocolo de hipoxia intermitente) como celulares (Huh7, línea celular de hepatoma humano). Se ha realizado un análisis histopatológico de los hígados de estos ratones mediante una tinción de hematoxilina/eosina y una tinción tricrómica de Masson. Además, se han determinado los niveles de expresión de CD36 por PCR cuantitativa a tiempo real, y su translocación a la membrana celular mediante inmunohistoquímica. Asimismo, en células Huh7 sometidas a un ambiente hipóxico se ha medido la acumulación de lípidos intracelulares y la expresión en membrana de CD36 mediante citometría de flujo, así como se ha determinado el contenido de mRNA de CD36 por PCR cuantitativa a tiempo real.

RESULTADOS:

El análisis histopatológico de los hígados procedentes de ratones VHL KO reveló signos de esteatohepatitis caracterizada por aparición de esteatosis, inflamación y ballooning. Asimismo, se detectó una esteatosis hepática leve en ratones sometidos a hipoxia intermitente. Cabe destacar que cuando se analizó tanto la expresión como la translocación a la membrana celular del transportador de ácidos grasos libres CD36, ambas se encontraron aumentadas en los dos modelos experimentales. De la misma manera, se observó un aumento en la acumulación de lípidos intracelulares en paralelo a un aumento tanto en la expresión como en la translocación de CD36 a la membrana plasmática en células Huh7 sometidas a un ambiente hipóxico.

CONCLUSIONES:

En conjunto, estos datos indican que la hipoxia favorece la acumulación de lípidos en el hígado, resaltando la importancia del transportador de ácidos grasos CD36 en este proceso, y sugieren que la hipoxia podría tener un papel patogénico clave en la aparición de esteatosis

¿CONGELAR ANTES O DESPUÉS DE LA CAPACITACIÓN SEMINAL?

Autor/a/s: Zautua Romero, Diana; Moreno Mayordomo, Raquel; Molina Villar, Juana; Holgado Gil María del Cielo; Callejo del Pozo, María Paz

Centro de trabajo: HOSPITAL CLINICO UNIVERSITARIO DE VALLADOLID

Localidad: VALLADOLID

Correo electrónico del primer firmante: didizautua@hotmail.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La inseminación artificial con semen de donante en nuestro centro se realiza con muestras solicitadas a bancos de semen autorizados externos.

Las técnicas de preparación de semen en reproducción asistida, también llamadas técnicas de capacitación, tienen como objetivo recuperar los mejores espermatozoides (espermatozoides móviles progresivos con morfología normal) del eyaculado y utilizarlos después en las distintas técnicas de reproducción asistida. Las dos técnicas más utilizadas son el swim-up y los gradientes de densidad. El resultado de esta técnica se expresa como número de espermatozoides móviles progresivos, es lo que se conoce como REM (recuperación de espermatozoides móviles progresivos).

Algunos bancos de semen ofrecen dos tipos de muestras seminales:

- Semen completo congelado
- Semen congelado tras capacitación (Ready Use)

Una vez recibido en nuestro centro, serán descongeladas para su utilización.

El Ready Use se puede utilizar directamente aunque en nuestro laboratorio se le realiza un lavado simple, mientras que a las muestras de semen completas se capacitan por gradientes de densidad.

OBJETIVOS:

Comparar la REM y tasa de gestación entre semen de donante capacitado tras su descongelación y semen capacitado Ready Use.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se recogieron datos de todas las muestras de semen de donante que se utilizaron para inseminación de donante entre los meses de Mayo de 2016 y Febrero de 2017. 40 se capacitaron en nuestro laboratorio por gradientes de densidad previa descongelación y en otras 12 se hizo la técnica de lavado simple. Se compararon las REM obtenidas en ambas muestras, y la tasa de gestación. Para ello se utilizó una cámara Makler, un microscopio de contraste de fases y los criterios del Manual de la OMS del año 2010 (5ª edición).

La estadística se realizó mediante el programa Excel, y se utilizaron las medias y desviaciones estándar de los parámetros.

RESULTADOS:

	Capacitación tras descongelación	Ready use
REM	8,1±5,5	7,0±4,2
Tasa de gestación	34,8%	30,4%

CONCLUSIONES:

No existen diferencias significativas ni en tasa de gestación ni REM pero sí que se observaron unos valores algo mayores en REM y tasa de gestación en muestras capacitadas tras la descongelación.

Esto puede deberse a que el plasma seminal contiene sustancias importantes para el mantenimiento de los espermatozoides durante la congelación. El plasma se elimina al capacitar la muestra, por lo que parece razonable que la capacitación se realice lo más tarde posible, siendo negativo eliminar el plasma seminal antes de congelar la muestra.

Debido a que el número de muestras de este estudio es muy limitado, sería necesario realizar más estudios para valorar si existen diferencias significativas entre ambas muestras.

LA IMPORTANCIA DEL BIOBANCO EN EL DESARROLLO DE NUEVOS BIOMARCADORES PARA EL ESTUDIO DE POLIQUISTOSIS AUTOSÓMICA DOMINANTE

Autor/a/s: Ana Isabel Rodríguez Fernández, Isabel Linares Dickler, Ana Belén Rodríguez Martín, Antonia Collado, Angel Miguel Garcia Lora

Centro de trabajo: Biobanco del Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitalario Universitario de Granada.

Granada

Correo electrónico del primer firmante : anai.rodriguez.exts@juntadeandalucia.es

INTRODUCCIÓN:

La Poliquistosis Renal Autosómica Dominante (EPAD) es la enfermedad genética hereditaria mas frecuente que produce la aparición progresiva de quistes renales, y en algunos casos también en otros órganos. Los pacientes muestran alteraciones en la Policistinas y por tanto en el cilio primario, lo que provoca la aparición de quistes renales. Los enfermos sufren insuficiencia renal, lo que conlleva el uso de terapias renales sustitutivas o de trasplante renal.

Objetivos: Se necesitan descubrir nuevos biomarcadores que puedan determinar el progreso de la EPAD. Con este fin, se está construyendo un Biobanco compuesto por muestras obtenidas de pacientes en diferentes estadios de la enfermedad.

MATERIAL Y MÉTODOS:

de cada paciente se están recogiendo muestras líquidas de sangre y orina, que son procesadas conservándose alícuotas de sangre total, fracción celular, plasma, suero y orina. De los pacientes que se les extirpa el riñón se están recogiendo las siguientes muestras biológicas: tejido renal y hepático, tejido de válvulas cardiacas, y fluido del quiste. Esta última debemos destacarla como una nueva muestra biológica. Todas las muestras son preservadas a -80°C. La muestras están siendo registradas en el programa SIBAI, y se están realizando los árboles genealógicos de las familias afectas.

RESULTADOS:

en la actualidad ya disponemos de una colección de muestras provenientes de 215 donantes, con 403 donaciones recogidas en diferentes estadios de la enfermedad. Estas donaciones han sido procesadas, dando lugar a un total de 941 muestras. Se tienen muestras de suero, orina, sangre total y DNA obtenido de sangre periférica. De 4 pacientes a los que se les ha extirpado el riñón se tiene además las muestras biológicas sólidas mencionadas, y fluido extraído del quiste. Todas las muestras están registradas en nuestras base de datos SIBAI, y se dispone de los datos clínicos correspondientes. Asimismo, se han realizado los arboles genealógicos de las familias. La colección se continua ampliando de manera prospectiva.

CONCLUSIONES:

la construcción del Biobanco de la EPAD pone a disposición de los investigadores muestras biológicas de pacientes en diferentes estadios de la enfermedad, pudiendo permitir el estudio de nuevos biomarcadores.

IMPORTANCIA DE LA FORMACIÓN CONTINUA EN LA PRAXIS EN LA PRE-ANALÍTICA EN UN LABORATORIO CLÍNICO

Autor/a/s: VILLARRUBIA MARTIN-VILLAMUELAS;ELVIRA, BOSCH GARVIA; CRISTINA, GUTIERREZ MELENDEZ ; MARIA DEL CARMEN, VALENTIN SANCHEZ ; NOELIA, GONZALEZ MONTES; ANA MARÍA, RODRIGUEZ RODRIGUEZ; INMACULADA, BLANCO GARCÍA; JOAQUIN, ESCOLANTE CRUZ; MIRIAM, GOMEZ GARCIA; RAQUEL

Centro de trabajo: COMPLEJO HOSPITALARIO DE TOLEDO

Localidad: TOLEDO

Correo electrónico del primer firmante: elvirubiamartin@yahoo.es

RESUMEN:

Una buena atención sanitaria es la base de una correcta práctica médica en el personal sanitario del Laboratorio Clínico fundamen-

talmente del Técnico Superior de Laboratorio de Diagnóstico Clínico y Biomédico cuyo papel importante está basado en el diagnóstico, monitorización y tratamiento de las diferentes patologías.

OBJETIVO:

Mejorar la comunicación entre el personal sanitario implicado en la obtención de muestras analíticas mediante unos correctos protocolos y directrices de trabajo asociado a la realización de cursos docentes de mejora y corrección de los errores hallados en esta fase prioritaria para el manejo de la etiopatología.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Estudio prospectivo durante un periodo de cinco meses donde se gestionaron 77.000 muestras procedentes del servicio de Urgencias en nuestro Hospital. Se realizó un estudio diario de número de muestras recibidas observando los errores cometidos diariamente. Para ello se clasificaron los errores observados en el Laboratorio de Urgencias elaborando un registro de todas las incidencias cometidas durante el periodo de estudio. Destacando dentro de las diferentes etapas del proceso de la Pre-analítica, muestras mal recogidas, errores de etiquetación, creación de peticiones incompletas, duplicación de peticiones de analíticas, muestras inadecuadas entre otros problemas.

RESULTADOS:

Entre otros resultados, destacamos posibles errores y efectos extraídos de las diferentes etapas de la pre-analítica; A) Atendiendo a la preparación de las muestras y transporte, se obtuvieron por muestras mal recogidas un 2.92 %, condiciones no óptimas de la muestra (debidas a un transporte con un protocolo para su procesamiento adecuado) un 3.89% y uno de sus efectos más destacados falta de información de la recogida. B) En cuanto a la recepción/alicuotación analizamos errores de identificación de la muestra con el paciente un 5.84%, no confirmaciones de las muestras (dentro de nuestro sistema de recepción debiendo ser registradas en un programa específico que se implantó en el laboratorio); un 9.74% y códigos ilegibles un 13.63% con sus posibles efectos más destacados como fallos de personal y exceso de trabajo. C) Dentro del registro de SIL se detectaron fallos como peticiones incompletas de primera orden y continuas ampliaciones un 38.96% y peticiones creadas por el propio laboratorio procedentes de servicios externos un 19.48% siendo sus posibles efectos demoras de resultados y errores de identificación. D) Con respecto a la solicitud de analíticas, doble etiquetado un 9.74% y una duplicación de la analítica un 13.63% destacando como error procesos de enfermería y desconocimientos de protocolos y gestión de peticiones. E) Analizando la cita previa, la administración errónea de contenedores adecuados y su información de recogida siendo sus efectos la desinformación un 33.12%. F) En la extracción de la muestra se observó en la no trazabilidad petición/muestra un 38.96%, muestra defectuosa o inadecuada un 48.70%. Siendo sus probables efectos mala praxis sobrecarga y lapsus.

CONCLUSIÓN:

Realizar un protocolo adecuado en el ámbito de la pre-analítica dentro de sus subprocesos, los cuáles deberían de dar una verdadera fiabilidad y seguridad en la calidad de los pacientes. Nuestro estudio es una buena herramienta para la identificación de numerosos errores observados comunes que deben de eliminarse con buenas prácticas y para ello aplicar unas correctas pautas en la realización del trabajo multidisciplinar. Por ello, hay que implantar un diseño de los procesos en los cuáles se cometen errores y que mediante ellos impidan u obstaculicen la posibilidad de cometerlos. Sería adecuado realizar de manera periódica cursos de formación que afiancen los conocimientos adquiridos y se informe acerca de las modificaciones que se pacten en los procesos y de los nuevos errores observados.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número: 415

CENTRALIZACIÓN Y AUTOMATIZACIÓN EN UN LABORATORIO DE BIOLOGÍA MOLECULAR

Autor/a/s: Martínez-Puchol, Ana Isabel; Roset, Alba; Isanta, Ricard; López-Cobo, María del Mar

Centro de trabajo: Hospital Clínico de Barcelona

Localidad: Barcelona

Correo electrónico del primer firmante: amartin4@clinic.ub.es

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN/OBJETIVOS:

Debido al incremento de las técnicas moleculares en los diferentes laboratorios del Hospital Clínico de Barcelona y la duplicidad de plataformas para llevarlas a cabo, se propuso la creación de una nueva área operativa con el objetivo de centralizar dichas pruebas.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Esta nueva área operativa consta de tres laboratorios principales (área de extracción de ácidos nucleicos, área de pre-PCR y área de post-PCR), además de otras zonas de soporte asociadas a éstos.

El área de extracción de ácidos nucleicos cuenta con un robot alícuotador, el cual prepara la muestra para poder ser introducida en un extractor automático siguiendo la información proporcionada por el sistema informático del laboratorio. Al finalizar la extracción, este robot retorna el producto extraído a un tubo debidamente identificado.

Posteriormente, en el área de pre-PCR, un segundo robot cuantifica la muestra para su normalización. Esta muestra normalizada se introduce en un tercer robot donde se lleva a cabo el ensamblaje de la PCR. Los oligonucleótidos utilizados en la reacción de amplificación están almacenados en una nevera acoplada a dicho robot.

En el área de post-PCR encontramos un último robot encargado de purificar el producto de PCR y prepararlo para su carga en los secuenciadores automáticos.

RESULTADOS:

La automatización y centralización de los anteriores procesos ha permitido unificar diferentes técnicas de biología molecular en un único laboratorio, disminuyendo el tiempo de respuesta en la entrega de resultados y abaratando costes debidos a procesos duplicados en los diferentes laboratorios del hospital.

Resumen Comunicación Científica - PANEL

Número:418

EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN CON QUERCETINA EN EL DESARROLLO PREIMPLANTACIONAL DE MÓRULAS DE RATÓN

Autor/a/s: HERNANDEZ ROLLAN, NURIA; TOBAJAS VEGA, CAROLINA; MATILLA PINTO, ELVIRA; MIJARES GORDÚN JOSÉ; MACÍAS GARCÍA BEATRIZ.

Centro de trabajo: Centro de Cirugía Jesús Usón Localidad: Cáceres

Correo electrónico primer firmante: nhernandez@ccmijesususon.com

RESUMEN:

INTRODUCCIÓN:

La quercetina es un flavonoide derivado de plantas con propiedades antioxidantes. Se ha investigado el efecto de la quercetina sobre la maduración nuclear de ovocitos porcinos y sobre el desarrollo de la activación partenogenética. Sin embargo, el efecto de la quercetina en el desarrollo preimplantacional de embriones murinos no está descrito.

OBJETIVO:

evaluar si la suplementación con quercetina de los medios de cultivo de embriones murinos obtenidos mediante fertilización in vitro (FIV) mejora el número de mórulas que llegan al estadio de blastocisto.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Ratonas de la línea B6D2 fueron estimuladas hormonalmente para inducir la ovulación. Los complejos de cumulus-ovocitos maduros se extrajeron de los oviductos y se realizó una FIV convencional. Tras la coincubación de los espermatozoides y los ovocitos, los cigotos se mantuvieron en cultivo hasta el estadio de mórula donde se dividieron en 4 grupos experimentales. FIV_{KSOM}: las mórulas se cultivaron en KSOM durante 24 horas hasta la fase de blastocisto (grupo de control, n = 28); FIV_{1µM}, FIV_{5µM}, FIV_{10µM}: las mórulas se transfirieron a medio KSOM suplementado con 1, 5 o 10µg /ml de quercetina y se cultivaron hasta la etapa de blastocisto (24 horas; n=22 en cada grupo).

RESULTADOS:

Se utilizó un chi-cuadrado para comparar grupos, y se consideró estadísticamente significativo un valor de p<0.05. Nuestros resultados mostraron que la tasa de desarrollo al estadio de blastocisto de los embriones tratados con quercetina durante 24 horas fue de 64.3% en FIV_{KSOM}, 45.4% para FIV_{10µM}, 9.1% para FIV_{5µM} y 13.6% para FIV_{1µM} (media en %; p>0.05).

CONCLUSIÓN:

Nuestros datos demuestran que la suplementación del medio de cultivo de embriones murinos obtenidos por FIV con quercetina durante 24 horas no mejora la tasa de desarrollo de mórula a blastocisto pareciendo incluso empeorar el desarrollo preimplantacional de los mismos. Deben realizarse más estudios con dosis más bajas de quercetina o exposiciones más cortas al tratamiento para comprobar si la quercetina mejora las tasas de desarrollo embrionario en modelo murino.

Resumen Comunicación Científica - ORAL

Número: 419

PROGRAMA DE FORMACIÓN EN MANEJO Y SELECCIÓN ESPERMÁTICA

Autor/a/s: TOBAJAS VEGA, CAROLINA, HERNANDEZ ROLLAN, NURIA MATILLA PINTO, ELVIRA DELGADO NIEBLA, ELENA; MIJARES GORDÚN JOSÉ.

Centro de trabajo: Centro de Cirugía Jesús Usón

Localidad: Cáceres

Correo electrónico del primer firmante: ctobajas@ccmijesususon.com

RESUMEN:

Los métodos de manejo y selección de espermatozoides son de vital importancia de cara a ofrecer buenos resultados en los programas de reproducción asistida.

La Clínica Norba y El Centro de Cirugía de Mínima Invasión Jesús Usón (CCMIJU) realizan estudios con el fin de crear un programa formativo basado en la experiencia clínica.

Entre los métodos actuales, la técnica de Swim up directo, Swim up indirecto y la centrifugación por gradientes de densidad son las más usadas. Cualquiera de estos métodos basados en la migración espermática va a producir una mejor subpoblación, basada en la diferenciación morfológica (Wainer et al 2004)

La tasa de fecundación en IAD siempre es mayor debido a la mejora de la calidad seminal según cualquier registro de la Sociedad Española de Fertilidad. Además en el artículo de Ricci et al., 2009 justifican el uso de los gradientes para IA debido a que se obtiene una fracción mayor de espermatozoides móviles totales. No obstante, cuanto mayor sea la manipulación, el tiempo de realización de la técnica o los métodos de preparación del semen, que incluyen un paso previo de centrifugación, pueden interferir con la función espermática y disminuir las tasas de fertilización, o incluso acabar en fallo de fecundación en casos más extremos (Mortimer, 1991). Existen excepciones a esta regla, ya que en las inseminaciones de donantes tenemos la obligación de realizar una centrifugación previa para extraer los crioprotectores o en casos de muestras contaminadas con VHC y VIH.

OBJETIVO:

Crear un programa de formación basado en la experiencia clínica, donde mostrar los diferentes resultados y técnicas a utilizar en la metodología del procesamiento del semen en IAC o IAD.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se realizó un programa en base a resultados de 206 inseminaciones (IAC e IAD), atendiendo a su cometido, se realizó swim up directo en las IAC y gradientes de densidad o swim up indirecto tanto en IAC como IAD.

Swim-up directo : Dos alícuotas de 0,5 ml del semen licuado se depositan en la parte inferior

de tubos Falcon que contienen 0,5-0,8 ml de medio de cultivo, y se incuban a 37°C durante 45 minutos. Los tubos se pueden inclinar para aumentar la superficie de la interfase. Una vez finalizada la incubación, se aspiran unos 350µl del sobrenadante y se resuspende con 1ml de medio IVF y se centrifuga a 400g por 10 minutos y se resuspende en el volumen a inseminar

Gradientes de densidad: Se realizan gradientes de densidad 40/80. Se recomienda usar volúmenes de 1-1,5 ml en cada capa. En primer lugar se deposita el de densidad 80, luego se añade encima lentamente el de 40 y posteriormente el semen de la misma manera. Se centrifuga a 400g durante 20'. Algunos autores recomiendan aspirar primero las capas superiores antes de recoger el pellet (Mortimer 2000). A continuación se añade 1ml de medio IVF y se centrifuga a 400g durante 10'. Una vez finalizada la centrifugación, se aspira el sobrenadante y se resuspende el pellet en el volumen deseado de medio de cultivo.

RESULTADOS Y CONCLUSIÓN:

De 206 inseminaciones llevadas a cabo a mujeres menores de 40 años, la tasa de gestación utilizando la técnica de swim-up directo fue de un 23% en IAC frente al 13% u 11% que tuvieron swim up indirecto o gradiente respectivamente. La tasa de gestación en IAD fue de un 16%. Además la media de todos los REM antes de la inseminación, mostró resultados de 22,25 millones, 22,41 millones y 43,9 millones para el directo, indirecto y gradiente respectivamente. En este programa formativo se adecuan los tiempos y el manejo de la muestra, formando a el personal en la conclusión de que, obtenido un número mínimo marcado por los parámetros de la OMS del 2010, es muy determinante la elección de la técnica que se va a emplear.

ÍNDICE DE AUTORES

Autor Primero	PÁGINAS
ABAL MORRAZO, GUADALUPE	158
ACOSTA SANCHEZ, ELISABET O.;	177
AGUDO MORENO, ANA;	86
AGUILAR AMADO, LAURA;	120
ALARCON ROMERO, ISABEL	177, 191
ALDREY REY, ANA	143
ALGAR ROMERO, ANA ISABEL;	72, 114
ALONSO ALVAREZ, VICTORINA;	186
ALONSO DIEZ, ISABEL;	65
ALONSO VAZQUEZ, MARIA MONSERRAT;	115
ALONSO, ISABEL	163
ALVAREZ JUSTEL, ALBA	194
ALVAREZ MORENO, ENCARNACION	156, 157, 173
ALVAREZ, VERONICA;	139
ARANGO GARCIA, BELEN;	70
ARAS IBARZABAL, MONICA;	199
ARES VIDAL, OLGA;	78
ARIAS UBILLOS, CRISTINA;	21
AYUSO LOPEZ, NATALIA;	178
BAJO ALMENDRAL MARIA ASUNCIÓN;	112, 113
BARBANCHO MARTIN, ALEJANDRO;	153
BARBERO GARCIA, MARIA MAGDALENA;	23
BARBERO GARCIA, MARIA MAGDALENA;	24
BARRACHINA, JOSEP;	202
BASSOLA CASANOVA, JESSICA;	17, 22
BELENGUER GARCIA, M ^a PILAR;	198
BELLIDO GUERRERO, CARMEN;	122, 123
BENITO PEREZ, MARIA ESPERANZA;	74
BERMEJO CASARES, FABIOLA;	10
BERNADO CARDÚS, EVA	170
BLANCO TATO, MARIA TERESA MARGARITA;	6
BLAZQUEZ, REBECA;	139
BOLIVAR RODRIGUEZ, DAVID;	14
BORONAT BELTRAN, JOSEFA;	60
BORREGO PAREDES, GEMMA;	23, 29, 130, 145
BORREGO VILLEGAS, RAUL	196
BOSCH GARVÍA, CRISTINA;	64
BRITO JORGE, AURELIA;	102
BUENO PARADAS, ANTONIO JAVIER;	9
BUITRAGO MOLINA, MONTSERRAT	38
BUSTO PETEIRO, CONSUELO;	125
CABALLERO MOYANO, FRANCISCO JAVIER;	151, 152, 153, 188
CALDERON ROBLES, PATRICIA;	10
CALDITO CID, CRISTINA;	49
CAMARA PERAGON, JUAN ANGEL;	54
CANTALEJO GUTIERREZ, ADOLFO	41
CAÑADAS-MARTOS, JORGE;	187
CARRASCO ZAFRA, MONICA	47
CARRERO BAZ, PILAR	88, 89
CARRILLO GUERRA, DAVID;	126
CARVAJAL ARREBOLA, CRISTINA;	7
CASTRO FÁBREGAS, ANNA M ^a ;	124
CASTRO VAL, PAZ	18
CEBALLOS PEREZ, IRENE MARGARITA;	61
CENTENO SALVADORES, PILAR;	180, 186

Autor Primero	PÁGINAS
CHANTAL RIVAS, MARIA;	111
COLMENA GARCIA, MARTA;	86
CONDE CAÑAMERO, MONTSERRAT	192
COUSELO NOYA, MARIA JESUS;	99
CUBIELLA GRANDA, ANGELA;	95
DAPENA PEREZ, YESICA	78
DE DIEGO QUINTANA, BEGOÑA;	199
DE LA FUENTE HUERGA, CARMEN	30, 53
DE SALAZAR, ADOLFO;	189
DIAZ DIAZ, PALOMA	19, 20
DIAZ GOMEZ, MARIA ANTONIA;	101
DIAZ GONZALEZ, M. CARMEN;	203
DIAZ HIGUERAS, ENCARNACION;	73, 198
DIAZ ROLDAN, MIRIAM	76
DIAZ ZAYAS, M ^a DOLORES	161, 162,
DOMINGUEZ LOPEZ, M ^a TERESA	163
DURO OLIVAS, YOLANDA	88
ESPIGARES GALLARDO, MARIA DE LOS ANGELES;	189
ESPINOSA ESPINOSA, ARACELI	43, 108
ESPINOSA ESPINOSA, MARIA DOLORES	76
ESTEBANEZ-GALLO, ANGEL;	97
ESTEVEZ RODRIGUEZ, RAQUEL;	100
FAFIAN ARES, MARIA LUISA;	150, 176
FERNANDEZ BAJO, M ^a TERESA.	84
FERNANDEZ MARTINEZ, MARIA MERCEDES;	51
FERNANDEZ ORGALES, MARIA JESUS;	15
FERNANDEZ SANTIAGO, MARIA DEL ROSARIO	159
FERRERO FERNANDEZ, MARIA JOSE	164
FIGUEROA GARCIA, MARIA DEL ROSARIO;	180
FIGUEROA LAMAS, PILAR	172
FUENTES CUENCA, MARIA SALUD;	176, 196
FUENTES REQUENA, GLORIA;	79
FUENTES VILANOVA, BEATRIZ;	202
FUMANAL DOMENECH, SONIA	74
GALDON MONTERO, FELIPE;	11
GALEANO FITO, CARLOS;	14
GALLARDO GODOY, ANTONIA	50
GALLEGO REVUELTA, MARIA JESUS;	23
GALVEZ FUENTES, MARIA DOLORES;	13
GARATE, SONIA;	105
GARCIA CAMAZANO, ROSA MARIA;	179
GARCIA CASADO, JAVIER;	138
GARCIA FERNANDEZ, GRACIA;	138
GARCIA GARCIA, M. CARMEN	159
GARCIA GARCIA, MARIA ISABEL	94
GARCIA GUZMAN, FRANCISCA	75
GARCIA HUERTAS, EVA MARIA	12
GARCIA JIMENEZ, MARIBEL;	156
GARCIA MARTINEZ, LAURA;	187
GARCIA POSE, MARIA ASUNCIÓN;	132
GARCIA VELA, JOSE HERMINIO;	146
GARCIA, NOELIA;	96
GARCIA-VAZQUEZ, CARMEN;	204
GASPON BARROS, BEGOÑA;	67
GEA LOPEZ, MARIA FERNANDA	77

Autor Primero	PÁGINAS
GIL FERNANDEZ, CONSUELO;	106
GIRO, ARIADNA;	93
GOMEZ ANGUIA, JOSEFA;	57
GOMEZ HOYOS, OLGA MARIA	39, 44, 46, 47, 160
GOMEZ MARTIN, M. MANUELA;	35
GONZALEZ ALVARADO, MARTA;	92
GONZALEZ BONILLA, JEZABEL;	91, 92
GONZALEZ DIAZ, TAMIA;	76
GONZALEZ DORADO, NURIA;	17
GONZALEZ FERNANDEZ, ANA MARIA;	181
GONZALEZ FUENTES, LAURA;	4
GONZALEZ GARCIA, LAURA;	80
GONZALEZ HENRIQUEZ, MARIA ISABEL;	132
GONZALEZ MARTINEZ, RAQUEL;	21
GONZALEZ MONTES, ANA MARIA	109
GONZALEZ RIEIRO, ISABEL;	39
GONZALEZ ROSA, MANUEL;	147, 181
GRANADOS SUAREZ, PILAR	193
GUERRERO CRESPILO, A.M.	168, 169
GUILLEN ESTEBAN, CARMEN;	104
GUILLEN ESTEBAN, PILAR;	32
GUTIERREZ ARIZA, MARINA CAMILA	8
GUTIERREZ MELENDEZ, MARIA DEL CARMEN;	119
GUZMAN LUJAN, CAROLA	95
HERNANDEZ ROLLAN, NURIA;	206
HERRERO BERROCAL, MARIA;	82
HITA SANCHEZ, MARIA TRINIDAD;	82
HONRUBIA HERRERA, ROSALIA;	37, 88, 104
IBAÑEZ GUERRERO, Mª LUCIA;	11
IGLESIAS DEL CUETO, ROMINA;	151
IZQUIERDO BAZAGA, AARÓN;	70
JANEIRO VARELA, PATRICIA;	79
JIMENEZ CHECA, MERITXELL;	127
JIMENEZ LOBATO, MARIA JOSE;	103
JUEZ TUR, Mª NIEVES;	197
JUNCO LARIA, INMACULADA;	114
JUNCO RODRIGUEZ, MONTSERRAT;	72
JUNQUERA GONZALEZ, MARIA JOSE;	172
LAO BRETONES, ROSA;	128
LAPUEBLA VIEL, CONSUELO;	104
LINARES DICKLER, ISABEL;	136, 137
LOPERA CANTERO, ANA BELEN;	143
LOPEZ BARDECI, ARÁNZAZU;	121
LOPEZ CABO, ANA MARIA;	149
LOPEZ CASTRO, RODRIGO	10
LOPEZ GUTIERREZ, MONTSERRAT	161
LOPEZ MONTERO, MARIA ESTIBALIZ	48, 49, 110, 134, 135
LOPEZ RUIZ FRANCISCO;	112
LOPEZ SANCHEZ, ISABEL	50
LOPEZ SANCHEZ, Mª LUISA	192
LOPEZ SANCHEZ, MANUEL;	183
LOPEZ VIDAL, ANTONIA MARIA;	55, 56
LOPEZ VILA, MARIA FE;	122
LOPEZ-GARCIA, JUAN ANTONIO;	5
LOSADA BALIÑA, MARIA CARMEN;	129
LUQUE JIMENEZ, ALFONSO JAVIER	52
MACIA VAZQUEZ, BEGOÑA;	58

Autor Primero	PÁGINAS
MANGAS GONZALEZ, FREDESVINDA	46
MANIVESA DEIVE, MONICA MARIA;	190
MARCILLA GARCIA, IRENE;	16
MARIN DIAZ, JUANA MARIA;	5
MARQUEZ SALAZAR, RAFAEL;	197
MARTIN ANDRES, MARIA FELICIDAD;	81
MARTIN GONZALEZ, MARIA LIDINA;	65
MARTIN MUÑOZ, MARIA PRESENTACIÓN;	178
MARTIN VEGA, JOSE VALERIO;	94
MARTINEZ BARRIOS, ESTEFANIA;	97
MARTINEZ FERNANDEZ, SANDRA;	190
MARTINEZ HUGUET, MIGUEL;	174
MARTINEZ LOPEZ, AMALIA	110
MARTINEZ MARTINEZ, ANA ISABEL;	66
MARTINEZ MORALES, DIEGO;	185
MARTINEZ NALDA, MARIA DEL CARMEN;	77, 148
MARTINEZ PALACIOS, GREGORIO	171
MARTINEZ VILARIÑO, MARIA LUZ	195
MARTINEZ-PUCHOL, ANA ISABEL;	206
MARTOS MARIN, MARIA DOLORES;	70
MEDIERO VALEROS, BEATRIZ;	203
MENDEZ LOPEZ, ISABEL, MARIA;	133
MERINO RIVILLA, PILAR;	144
MILLÁN MARTIN, JUAN CARLOS;	67
MOCHOLI MORENO, SUSANA;	175
MOHEDANO ZAMORA, JUANA;	102
MOLINA GARCIA, ANA GLORIA;	71
MONGE CAMACHO, MARIA DEL PATROCINIO;	30, 31, 32, 36
MONTES FRANCO, ANTONIA MARIA;	9
MORAL MORAL, JUANA;	61, 116
MORAL MORENO, MARIA DE LOS ANGELES	7
MORALES AGUILERA, MERCEDES;	33, 41
MORALES GALAN, PILAR;	154
MORALES IBAÑEZ, MARIA DE LA ENCARNACION	168
MORALES PLATILLERO, JAVIER;	179
MORAN MORAN, ROSALINA;	63
MORENO CASARES, ANTONIA MARIA;	130, 131, 133, 135
MORENO MAYORDOMO, RAQUEL;	87
MORENO SUAREZ, ELENA MARIA	8
MUÑO ANDRADE, MARIA JOSE	149, 157
MUÑO ANDRADE, MARIA JOSE;	149
MUÑOZ GOMEZ, REBECA	38
MUÑOZ JARA, RAQUEL	40
MUÑOZ SERRANO, MARIA JOSE	18
MURCIANO PERPIÑÁN, LAURA;	93
NAVAJAS, FRANCISCA;	43
NAVAS, LUIS CARLOS	6
NIETO SEGURA, CATALINA	195
NUÑEZ GARCIA, MARIA ANTONIA;	20
OCAÑA LOPEZ, MILAGROS:	69, 140, 141
OCAÑA UREÑA, CARMEN;	140
OLIVARES OSUNA, DAVID	89, 90
OLIVARES OSUNA, DAVID	90
ORTEGA DE FRANCISCO, ANA M.	75
ORTEGA PEREA, CAPILLA	111
ORTIZ MARTIN-SERRANO, MARIA DEL PILAR	51
PACHECO PENA, PATRICIA	109
PALOMAR ZORIO, CARMEN;	124

Autor Primero	PÁGINAS
PANADERO TAPIA, NURIA;	125
PASCUAL SUEIRO, CAMILA	53
PASTOR AGEA, MIGUEL;	7
PEDRERO GALLEGO, ANA BELEN	40
PEREZ GOMEZ, P.;	56
PEREZ NAVARRO, ELISABET	166
PEREZ PINAR, CARMEN;	182
PICO FERNANDEZ, FRANCISCO JAVIER;	128
PINO MARTIN, CARMEN;	35
PORTILLO JURADO, EVA MARIA	42, 108
PRIETO CASADO, PABLO;	184
PRIETO SAINZ, BELEN;	28
PRIETO, MIRIAM;	85
QUATTROCCHI GOMEZ, ALEJANDRA;	83
QUESADA GARCIA, MARIA JOSEFA	107
RABAZA GARRIDO, NURIA	169
RAMA RICO, JUANA;	141
RAMOS GUELFO, MARIA SALUD	165, 166
RAMOS PEREZ, JULIA	135
RAYA LLAMAS, RAQUEL	34, 52, 54
REDONDO CHOZAS, MARIA DOLORES;	100
REDONDO GRAO, MARIA JOSE;	136
REY JARQUE, ROSA;	28
REY, ESTHER	204
RIGUEIRO YÁÑEZ, OLGA ISABEL;	59
RIOS RAMOS, MARIA JOSEFA;	31, 102
ROBLES AMAYUELAS, VERONICA	45
ROCA, MELANI;	188
RODIL FERREIRO, REBECCA;	185
RODRIGUEZ AVILA, GABRIELA;	73
RODRIGUEZ FERNANDEZ, ANA ISABEL;	58, 205
RODRIGUEZ IGLESIAS, IRENE	91
RODRIGUEZ LOPEZ, MARIA DEL CARMEN;	56, 175
RODRIGUEZ LORENZO, LORENA;	117, 118
RODRIGUEZ MANSILLA, MARIA DEL CARMEN	158
RODRIGUEZ MORALES, OLGA LUCIANA	52, 148
RODRIGUEZ REBOLLO, ESTHER;	63
RODRIGUEZ, IDOIA	106
RODRIGUEZ, Y.;	155
ROMERO GARCIA , PAULA;	57
ROMERO GARCIA, MARIA LUISA	48
RONCERO GARCIA, YOLANDA	165, 167
ROS PEREZ, FRANCISCO JAVIER;	13
RUEDA DURAN, LUISA MARIA;	25, 26, 27, 99
RUIZ PEREDA, LUZ MARIA	191
RUIZ PEREZ, MARIA JOSEFA	170
SAA COSTAS, ELISA BEATRIZ	193
SAAVEDRA SERRANO, MARIA TERESA;	59
SALVADOR LORENZO, MARIA JOSE;	174
SAMPEDRO DE LA TORRE, INMACULADA CONCEPCION	173
SANCHEZ ARAUJO, MARTINA	171
SANCHEZ DEL VALLE, JESICA;	33
SANCHEZ HERNANDEZ, M. DE LA PAZ;	154
SANCHEZ PORRAS, ANGELES;	68, 69, 121
SANTANA ARMAS, CARMEN DEL PILAR;	68
SANTANA VERANO, MILAGROS;	19
SASTRE GARROTE, ANA MARIA;	62
SECADAS DIAZ, VICTOR;	15
SEGOVIA LUDEÑA, INMACULADA;	66

Autor Primero	PÁGINAS
SEGURA PEREZ, ANA MARIA;	12
SEIJAS SANTAMARIA, MARIA;	28
SIERRA ATIENZA, CELESTINA;	183
SOLA SALABERRI, Mª ANGELES	134
TEMPLADO BARROSO, AMPARO JUSTA	160
TOBAJAS VEGA, CAROLINA;	207
TORIBIO PRIETO, MARIA DEL CARMEN;	86, 87
TORRES CARRASCO, ELENA;	85
TORRES VELARDO, ALMUDENA;	167
TORRES, MARIA DE LOS ANGELES;	118
VALERA MARTÍ, SANDRA;	16
VALLINA MARTINEZ, ESTEFANIA	163
VARELA CANOURA, PATRICIA;	115
VARGA CUBILLO, BEGOÑA;	142
VAZQUEZ BARBA, ISABEL DOLORES;	155
VAZQUEZ RODRIGUEZ, MARIA ISABEL;	126
VEGA VARGAS, MARIA CONCEPCION;	123
VILA OLMO, NEUS;	199, 200, 201
VILA PLANELLS, MARIA JOSE;	58
VILLANUEVA FERNANDEZ, ANA MARIA;	71
VILLARRUBIA MARTIN-VILLAMUELAS, ELVIRA;	205
VIZCAINO HERNANDEZ, BELEN;	29
YÁNEZ PEREIRA, FRANCISCA	142
YEBRA ELIPE, BELEN;	83
YESTE, ZAIRA;	4
ZAPICO BELLOSO, ALICIA;	44
ZAUTUA ROMERO, DIANA;	205
ZHELYAZKOVA KAMENOVA, NEDYALKA;	101
ZORIO REYES, INMACULADA;	184