

Universidad Autónoma "Juan Misael Saracho"

Departamento de Investigación, Ciencia y Tecnología DICYT

8

ARTÍCULO DE
REVISIÓN

DOI: <https://doi.org/10.65558/fjjq4593ct82c>

CALIDAD DEL AGUA EN HEMODIÁLISIS Y RESISTENCIA BACTERIANA: REVISIÓN DE LA LITERATURA

WATER QUALITY IN HEMODIALYSIS AND BACTERIAL RESISTANCE:
A LITERATURE REVIEW

Fecha de recepción: 13/10/2025 | Fecha de aceptación: 16/12/2025

Zamora Rodríguez Nelson¹

¹ Médico Nefrólogo

Docente investigador Universidad Católica Boliviana San Pablo (UCB) Sede Tarija
Hospital Regional Universitario San Juan de Dios

ORCID: 0009-0004-9743-5533

Correspondencia del autor: nzamora@ucb.edu.bo¹

Tarija - Bolivia

CALIDAD DEL AGUA EN HEMODIÁLISIS Y RESISTENCIA BACTERIANA: REVISIÓN DE LA LITERATURA

¹Zamora Rodríguez Nelson

Médico Nefrólogo

Docente investigador Universidad Católica Boliviana San Pablo (UCB) Sede Tarija

Hospital Regional Universitario San Juan de Dios

ORCID:0009-0004-9743-5533

Tarija, Bolivia

RESUMEN

Este artículo revisó publicaciones sobre la calidad microbiológica del agua en centros de diálisis y la prevalencia de bacterias resistentes. Identificó mecanismos de resistencia bacteriana y destacó la necesidad de mejorar los protocolos de desinfección con el fin de incrementar el monitoreo microbiológico y optimizar los sistemas de tratamiento para garantizar la seguridad de los pacientes.

ABSTRACT

This article reviewed papers on the microbiological quality of water in dialysis centers and the prevalence of resistant bacteria. It identified mechanisms of bacterial resistance and highlighted the need to improve disinfection protocols, increase microbiological monitoring, and optimize treatment systems to ensure patient safety.

Palabras Clave: Hemodiálisis, Calidad del agua, Resistencia bacteriana, Biofilm, AAMI, ISO 23500, Genes de resistencia antibiótica, Integrones.

Keywords: Hemodialysis, Water Quality, Bacterial Resistance, Biofilm, AAMI, ISO 23500, Antibiotic Resistance Genes, Integrons.

1. INTRODUCCIÓN

La hemodiálisis HD es un tratamiento vital para pacientes con enfermedad renal en etapa terminal. Sin embargo, durante este proceso los pacientes están expuestos a grandes volúmenes de agua que pueden contener microorganismos patógenos, incluidas bacterias multidrogaresistentes MDR. La calidad del agua en los centros de HD es crítica para la seguridad del paciente, ya que la contaminación bacteriana puede causar infecciones graves, bacteriemias y reacciones febriles.

La resistencia bacteriana representa un problema de salud pública global, y los sistemas de agua de HD pueden actuar como reservorios de bacterias resistentes. Especies como *Pseudomonas aeruginosa*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Burkholderia cepacia* y *Acinetobacter spp* colonizan estos sistemas formando biofilmes en las superficies de distribución de agua. Aunque los procesos de tratamiento, como la filtración, ósmosis inversa y desinfección, eliminan una gran cantidad de patógenos, no logran erradicar por completo las bacterias resistentes ni los genes de resistencia ARGs.

Este artículo revisa la evidencia sobre la presencia de bacterias resistentes en el agua de HD, los mecanismos que permiten su persistencia, y las implicaciones para la práctica clínica.

2. MÉTODOS

Se realizó una búsqueda sistemática en las bases de datos académicas PubMed, Scopus y Google Scholar, utilizando los términos clave: "hemodialysis water quality", "antibiotic resistance in dialysis water", "bacterial contamination in dialysis water", "biofilm formation in dialysis systems", y "antimicrobial resistance genes in dialysis water". Se incluyeron estudios experimentales, observacionales y revisio-

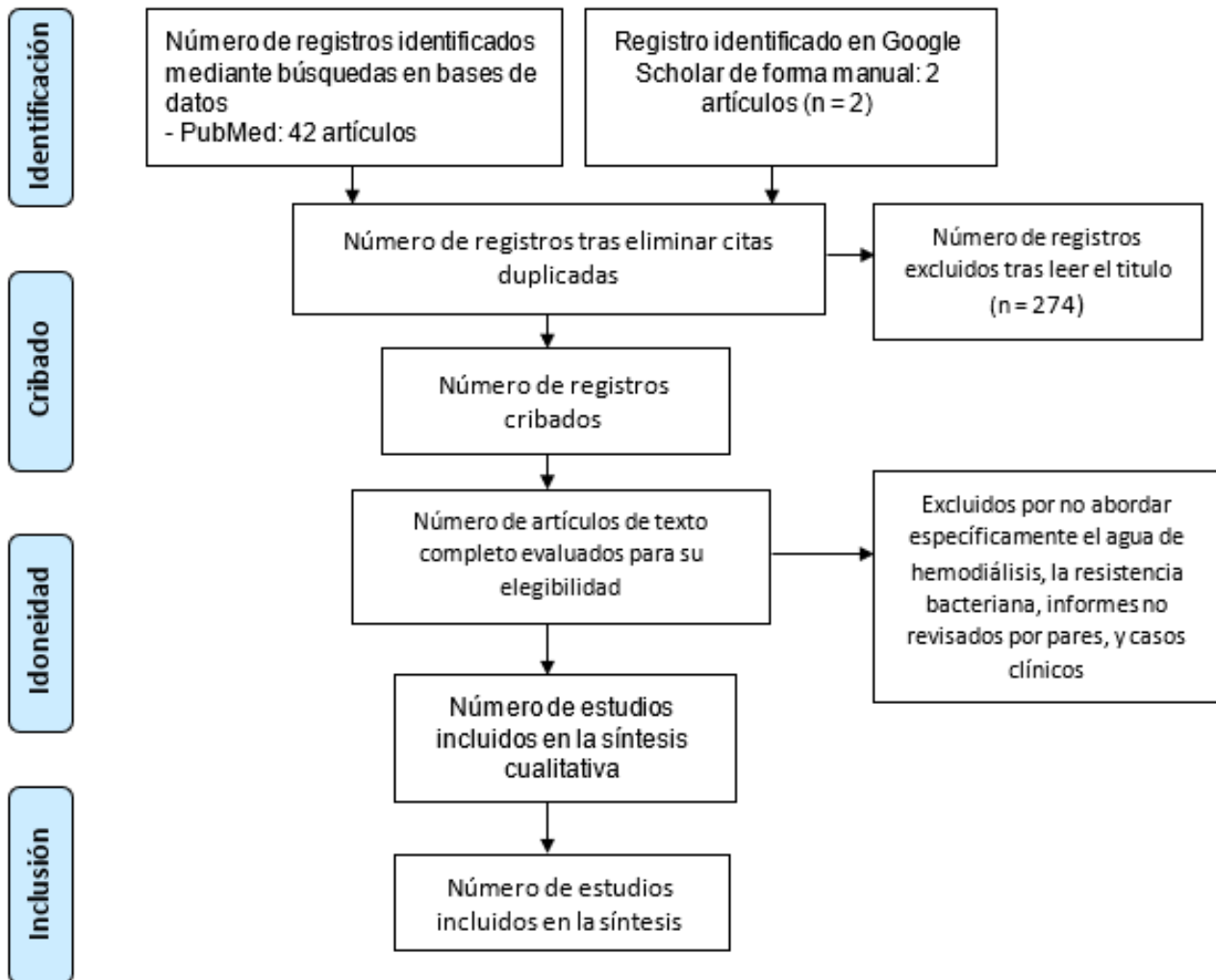
nes sistemáticas publicados entre 2000 y 2024, con un enfoque especial en los últimos cinco años, con el objetivo de obtener información actualizada sobre la calidad microbiológica del agua en sistemas de HD.

Los criterios de inclusión fueron estudios centrados en la calidad microbiológica del agua de hemodiálisis, investigaciones sobre la resistencia bacteriana, y publicaciones que hubieran sido revisadas por pares. Se excluyeron aquellos estudios que no abordaban específicamente el agua de hemodiálisis o la resistencia bacteriana, informes no revisados por pares y casos clínicos individuales sin un análisis microbiológico adecuado.

Para la extracción de datos, se organizaron los estudios en cuatro categorías principales: (a) bacterias aisladas (especies patógenas como *Pseudomonas spp.*, *Acinetobacter spp.*, *Stenotrophomonas maltophilia*, entre otras), (b) patrones de resistencia (resistencia a betalactámicos, aminoglucósidos, tetraciclinas, fluoroquinolonas, y clasificación como MDR/XDR), (c) métodos de tratamiento empleados (filtración, ósmosis inversa, desinfección con cloro, ultrafiltración, irradiación UV), y (d) estrategias de control implementadas (frecuencia de monitoreo microbiológico y protocolos de limpieza y desinfección).

Todo el proceso de búsqueda, selección y análisis de datos se realizó siguiendo la metodología recomendada por la tabla PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), asegurando así la transparencia y la calidad en la revisión sistemática de los estudios seleccionados. Al final del proceso, se seleccionaron 23 artículos relevantes que cumplieran con los criterios establecidos para la investigación (Figura 1) (Matthew,2021).

Figura 1 Diagrama de flujo PRISMA en 4 niveles



Fuente: Adaptado de (Matthew,2021)

3.RESULTADOS

3.1 Bacterias patógenas en agua de HD

Los estudios revisados identificaron consistentemente bacterias Gram negativas como los principales contaminantes en sistemas de agua de HD. Las especies más frecuentes incluyen *Pseudomonas* spp. (especialmente *P. aeruginosa*), *Stenotrophomonas maltophilia*, *Burkholderia cepacia*, *Acine-*

tobacter spp. (principalmente *A. baumannii*), *Klebsiella pneumoniae* y *Ralstonia pickettii* (ver Tabla 1). Estas bacterias son responsables de infecciones nosocomiales en pacientes de diálisis (Chaoui, 2022 pag 441). Su capacidad para colonizar sistemas de agua se debe a su resistencia intrínseca a múltiples antibióticos y su habilidad para sobrevivir en ambientes oligotróficos (Suman, 2013 pag 849) (Nguyen,2019 pag 389).

Tabla 1. Frecuencia de bacterias aisladas en agua de hemodiálisis contaminada

Bacteria	Especie	Frecuencia de Aislamiento	Notas
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	65.2% (15/23)	Alta prevalencia en pacientes de diálisis colonizados con MDRO.
<i>Pseudomonas spp.</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	25.5% (12/47)	Aislada del agua de hemodiálisis con significativa resistencia antibiótica.
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	34% (16/47)	Encontrada en el agua de hemodiálisis con cepas multirresistentes.
<i>Burkholderia cepacia</i>	<i>Burkholderia cepacia</i>	8.5% (4/47)	Presente en sistemas de agua de hemodiálisis, cepas MDR aisladas.
<i>Acinetobacter spp.</i>	<i>Acinetobacter baumannii</i>	Baja frecuencia 3 aislados	Encontrada en sistemas de agua hospitalaria, asociada con infecciones en entornos de diálisis.
<i>Escherichia coli</i>	<i>Escherichia coli</i> (ESBL)	Baja frecuencia 2 aislados	Identificada en dos casos de bacteriemia en pacientes de diálisis.
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus aureus</i> (ESBL)	Baja frecuencia 1 paciente	Cepa MRSA asociada con bacteriemia en pacientes de hemodiálisis.
<i>Enterobacterales</i>	Varias especies (p. ej., <i>Klebsiella</i>)	21.1% (15/71)	Productores de beta-lactamasa de espectro extendido, comunes en pacientes de diálisis.
<i>Enterococcus spp.</i>	<i>Enterococcus</i> resistente a vancomicina	2.8% (2/71)	Aislado de pacientes de diálisis, indicando resistencia a vancomicina.
Abreviaturas: MDR: Multidrogosresistente; ESBL: Beta-lactamasa de Espectro Extendido MRSA: <i>Staphylococcus aureus</i> Resistente a Metilina MDRO: Organismos Multidrogosresistentes.			

Fuente: Adaptado de Chaoui (2022); Gholipour (2024); Shamhuyashe (2024); y Vanegas (2020).

3.2 Formación de biofilmes

Los biofilmes son comunidades microbianas adheridas a superficies que desarrollan una matriz extracelular protectora, dificultando su eliminación con desinfectantes convencionales. *P. aeruginosa* y *S. maltophilia* son formadores eficientes de biofilmes (Suman, 2013 pag 849), y estos biofilmes persisten

incluso después de múltiples ciclos de desinfección. Además, proporcionan protección contra agentes antimicrobianos y sistemas inmunes, aumentando el riesgo de contaminación cruzada entre pacientes. La Tabla 2 detalla las especies con mayor capacidad de colonización y formación de biofilmes en sistemas de HD Chaoui (2022 pag 441), Zhu (2019 pag 45).

Tabla 2. Frecuencia de bacterias aisladas y formación de biofilm

Bacteria aislada	Frecuencia	Formación de biofilm
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	25.5% (7/47 aislados)	Biofilm de <i>Pseudomonas aeruginosa</i> en sistemas de agua de HD, aumenta su formación bajo ciertas condiciones.
<i>Acinetobacter baumannii</i>	Baja frecuencia (3 aislados en sistemas hospitalarios)	La formación de biofilm por <i>Acinetobacter</i> es frecuente en los sistemas de agua de diálisis
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	34% (16/47 aislados)	La formación de biofilm es un desafío importante en el control de infecciones en unidades de HD.
<i>Burkholderia cepacia</i>	8.5% (4/47 aislados)	La formación de biofilm por <i>Burkholderia cepacia</i> es resistente a varios antimicrobianos, aumentando el riesgo en pacientes.
<i>Pseudomonas spp.</i>	25.5% (12/47 aislados)	La formación de biofilm de <i>Pseudomonas</i> en equipos de diálisis es un problema crítico para la seguridad del paciente.
<i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	33% de los aislados de <i>Staphylococcus spp.</i> portaban el gen <i>mecA</i> (resistencia a Meticilina).	El MRSA forma biofilm en los sistemas de diálisis, lo que incrementa el riesgo de infecciones graves.
Abreviaturas: HD: Hemodiálisis MRSA: <i>Staphylococcus aureus</i> resistente a la meticilina mecA: Gen responsable de la resistencia a la meticilina en <i>Staphylococcus aureus</i>		

Fuente: Adaptado de Chaoui (2022) y Suman (2013).

3.3 Patrones de resistencia antibiótica

Las bacterias aisladas del agua de HD muestran altos niveles de resistencia a múltiples clases de antibióticos. Se observó alta resistencia a betalactámicos en *Pseudomonas spp.*, *Acinetobacter spp.* y *Burkholderia cepacia*, mientras que la resistencia a aminoglucósidos fue moderada a alta en especies Gram negativas. La resistencia a tetraciclinas fue particularmente alta en *S. maltophilia* y *Pseudomonas spp.*, y se documentó resistencia significativa a fluoroquinolonas en *P. aeruginosa* y *A. baumannii*.

La resistencia a carbapenémicos está en aumento, especialmente en *P. aeruginosa* y *A. baumannii*. Las cepas multirresistentes (MDR) presentan resistencia a tres o más clases de antibióticos, mientras que las cepas extensamente resistentes (XDR) mantienen sensibilidad a dos o menos clases. Los antibióticos de última línea como colistina e imipenem mantienen efectividad en algunos casos (Nguyen, 2019 pag 389). La Tabla 3 presenta los patrones detallados de resistencia por especie bacteriana Chaoui (2022 pag 441), Zhu (2019 pag 45).

Tabla 3. Frecuencia de bacterias aisladas antibióticos y resistencia bacteriana

Bacteria	Antibióticos Afectados	Nivel de Resistencia
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	CIP, CAZ, IMI, MER	MDR/XDR (3/12 MDR, 1/12 XDR); Resistencia al 16.67% a CIP y CAZ; 8.33% a IMI
<i>Acinetobacter baumannii</i>	CAR, CFA, AMP, GEN	MDR (Resistencia a 3 o más clases); 100% de resistencia a CFA (CAZ/CEP) y BL (AZT, PEN)
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	TSU, CTX, CIP	MDR/XDR (7/16 MDR, 3/16 XDR); 12.5% de resistencia a TSU; 25% a CAZ
<i>Burkholderia cepacia</i>	BL, CAR, CAZ, CIP	Resistencia del 25% a BL (TIC y CAZ)
<i>Escherichia coli</i>	CXTA, AMP, CIP, GEN	Cepas ESBL mostraron 100% de resistencia a GEN y TSU, y 80% a CIP
<i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	MET, CFA, CLI, VA	100% de los aislados de <i>S. aureus</i> en agua/biofilm analizados portaban el gen <i>mecA</i> (resistencia a Meticilina)
<i>Ralstonia pickettii</i>	CAZ, IMI, MER, GEN	Resistencia moderada. Aislada de brotes nosocomiales

Abreviaturas: CIP: Ciprofloxacina, CAZ: Ceftazidima, IMI: Imipenem, MER: Meropenem, CAR: Carbapenémicos, CFA: Cefalosporinas, AMP: Ampicilina, GEN: Gentamicina, TSU: Trimetoprim-Sulfametoxazol, CTX: Cefotaxime, VA: Vancomicina, BL: Betalactámicos, CXTA: Ceftriaxona, CEP: Cephalothin, AZT: Aztreonam, PEN: Penicilina, TIC: Ticarcilina, MET: Meticilina, CLI: Clindamicina, MDR: Multidrogorresistente, XDR: Extensivamente drogorresistente, ESBL: Beta-lactamasas de espectro extendido.

Fuente: Adaptado de Chaoui (2022) y Suman (2013)

3.4 Genes de resistencia antibiótica ARGs

En la revisión se encontró 35 genes de resistencia antibiótica en muestras de agua tratada de HD, incluyendo genes de betalactamasas (blaOXA-23, blaOXA-24, blaTEM, blaCTX-M), genes de resistencia a aminoglucósidos (aac(6')-Ib-cr), genes de resistencia a macrólidos (ermB), genes de resistencia a sulfonamidas (sul1), genes de resistencia a tetraciclinas (tetW), y genes de carbapenemasas (cphA, cphA-01). La mayor concentración de ARGs se encontró post-filtración de carbono, y aunque la ósmosis inversa reduce estos genes, no los elimina completamente (Zhu, 2019 pag 45).

3.5 Integrones y transferencia horizontal de genes

Los integrones, especialmente int1, son muy importantes en la diseminación de ARGs. Estos elementos genéticos móviles permiten la captura e integración de casetes genéticos de resistencia, la transferencia horizontal entre diferentes especies bacterianas, y la rápida adaptación y propagación de resistencia en poblaciones bacterianas. La presencia de int1 en cepas aisladas de agua de HD confirma el potencial de transmisión de resistencia en estos ambientes Rocha (2020 pag 1784), Zhu (2019 pag 45). La Tabla 4 resume los ARGs e integrones detectados por especie bacteriana.

Tabla 4. Bacterias aisladas y genes de resistencia

Bacteria	Genes de Resistencia	Integrones	Observaciones
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	blaOXA-23, blaTEM, cphA, ermB	int1	Resistencia significativa a carbapenémicos y beta-lactámicos; potencial riesgo de transmisión por agua.
<i>Acinetobacter baumannii</i>	blaOXA-23, blaOXA-24, aac(6')-Ib-cr	No detectado	Resistencia a carbapenémicos, no se detectaron genes de integrón en las cepas aisladas del agua.
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	sul1, tetW, ermB, cphA-01	int1 (clínico)	Alta prevalencia de genes de resistencia a tetraciclinas y sulfonamidas; potencial de transmisión horizontal.
<i>Burkholderia cepacia</i>	blaOXA-23, blaTEM, erm, cphA	No detectado	Aunque sensible a muchos antibióticos, aún es una amenaza en infecciones sanguíneas asociadas con dispositivos médicos.
<i>Escherichia coli</i>	blaCTX-M, blaTEM, ESBL	int1, blaTEM	Productora de beta-lactamasa de espectro extendido (ESBL), con capacidad de transferencia horizontal de genes.
<i>Staphylococcus aureus (MRSA)</i>	mecA, ermB, blaTEM	int1, mecA	Alta prevalencia de cepas resistentes a meticilina; los integrones facilitan la transmisión de genes de resistencia.
Abreviaturas: blaOXA-23: Beta-lactamasa OXA-23, blaTEM: Beta-lactamasa TEM, cphA: Gen de resistencia a carbapenémicos, ermB: Gen de resistencia a macrólidos, aac(6')-Ib-cr: Aminoglucósido acetiltransferasa, tetW: Gen de resistencia a tetraciclinas, sul1: Gen de resistencia a sulfonamidas, mecA: Gen de resistencia a meticilina, blaCTX-M: Beta-lactamasa de espectro extendido (ESBL). int1: Integrón tipo 1, int1 (clínico): Integrón tipo 1 en muestras clínicas.			

Fuente: Adaptado de Rocha (2020); Vanegas (2020); y Zhu (2019).

4. DISCUSIÓN

Con el fin de contextualizar los hallazgos microbiológicos dentro de los estándares internacionales

vigentes, la Tabla 5 compara los principales límites y recomendaciones establecidos por AAMI e ISO 23500 para la calidad del agua en HD

Tabla 5. Recomendaciones AAMI e ISO 23500 para la calidad del agua en HD

Parámetro	AAMI (RD52 / RD62)	ISO 23500-1:2024	Implicancia clínica
Recuento bacteriano total (CFU/mL)	≤ 200 CFU/mL	≤ 100 CFU/mL	Valores elevados se asocian a bacteriemia y reacciones pirógenas en pacientes en HD
Endotoxinas (EU/mL)	≤ 2.0 EU/mL	≤ 0.25 EU/mL	Endotoxinas inducen inflamación sistémica y eventos febriles
Agua ultrapura – bacterias	≤ 0.1 CFU/mL	≤ 0.1 CFU/mL	Requerida para hemodiálisis de alto flujo y HDF
Agua ultrapura – endotoxinas	≤ 0.03 EU/mL	≤ 0.03 EU/mL	Reduce inflamación crónica y eventos cardiovasculares
Frecuencia mínima de monitoreo microbiológico	Mensual	Mensual (semanal si hay no conformidades)	Monitoreo frecuente permite detección temprana de contaminación
Puntos de muestreo recomendados	Post-ósmosis inversa y punto de uso	Tanque, loop, punto de uso, "dead legs"	Identifica biofilms y fallas estructurales del sistema
Método de tratamiento base	Ósmosis inversa	Ósmosis inversa (obligatoria)	Barrera principal contra contaminantes químicos y microbiológicos
Tecnologías complementarias sugeridas	Ultrafiltración, UV	Ultrafiltración, UV-C	Mejoran control de biofilms y endotoxinas
Enfoque frente a biofilms	No específico	Recomendación explícita de control	Reconoce al biofilm como fuente persistente de contaminación
Abreviaturas: CFU;unidades formadoras de colonias; EU: unidades de endotoxina; HD: hemodiálisis; HDF: hemodiafiltración; UV: Ultravioleta			

Fuente: Adaptado de Committee on Technology (1988) e ISO (2024).

La contaminación microbiológica del agua de hemodiálisis, especialmente por bacterias multirresistentes y organismos formadores de biofilm, representa un riesgo persistente para la seguridad del paciente. Aunque las recomendaciones actuales, como ósmosis inversa, ultrafiltración y desinfección UV-C, han demostrado reducir la carga microbiana, su eficacia depende de la frecuencia de monitoreo, el diseño del sistema y la detección temprana de alertas microbiológicas.

Los estándares internacionales, como la ISO 23500-1, sugieren un monitoreo mensual en sistemas de agua que cumplen con los criterios de calidad, pero en centros con antecedentes de contaminación o biofilm, se recomienda un monitoreo semanal.

El monitoreo debe incluir puntos críticos como el tanque de almacenamiento, el circuito de distribución, las conexiones terminales y las zonas de estancamiento, ya que su omisión puede subestimar la carga microbiana (ISO, 2024).

4.1 Implicaciones clínicas de la contaminación bacteriana

Esta revisión demostró que la presencia de microorganismos multirresistentes en los sistemas de agua es una problemática persistente en los centros de diálisis. Las consecuencias clínicas de esta contaminación son múltiples, manifestándose principalmente como infecciones nosocomiales que incluyen bacteriemias, sepsis y endocarditis. Estas infecciones son particularmente preocupantes en la población de pacientes en HD, quienes presentan un estado de inmunosupresión relativa debido a su enfermedad renal crónica, la uremia y las comorbilidades asociadas (Edris, 2020 pag 122).

La morbilidad y mortalidad asociadas a estas infecciones son significativamente elevadas en pacientes inmunocomprometidos, y las opciones terapéuticas se ven severamente limitadas por los perfiles de resistencia multirresistente (MDR) y extensamente resistente (XDR) de los patógenos involucrados.

Esta situación clínica compleja subraya la necesidad urgente de implementar estrategias preventivas más efectivas en lugar de depender únicamente de enfoques terapéuticos, los cuales se ven cada vez más limitados por la resistencia antimicrobiana (Damasiewicz, 2012 pag 725-734).

4.2 Limitaciones de los sistemas de tratamiento actuales y persistencia bacteriana

A pesar de que los sistemas modernos de purificación de agua para hemodiálisis incorporan múltiples barreras de tratamiento, los resultados de esta revisión evidencian limitaciones significativas en su capacidad para eliminar completamente las bacterias resistentes y sus genes de resistencia. La ósmosis inversa, considerada el estándar de oro en el tratamiento de agua para HD (ISO, 2024), demuestra ser efectiva en la reducción de la carga bacteriana y de contaminantes químicos, pero los estudios analizados revelan que no elimina completamente los genes de resistencia antibiótica (Zhu, 2019 pag 45). Esta persistencia de ARGs en el agua tratada representa un riesgo continuo, ya que estos genes pueden ser adquiridos por bacterias ambientales a través de mecanismos de transferencia horizontal, perpetuando así el ciclo de resistencia.

La desinfección convencional mediante agentes químicos como el cloro, aunque efectiva contra bacterias planctónicas, resulta notablemente ineficaz contra los biofilmes establecidos en las superficies de los sistemas de distribución. Los biofilmes proporcionan una barrera física y química que puede conferir hasta 1000 veces mayor resistencia a los desinfectantes en comparación con las bacterias en estado planctónico. Esta característica explica por qué *Pseudomonas* spp., *S. maltophilia* y otras bacterias resistentes persisten en los sistemas a pesar de los protocolos regulares de desinfección Chaoui (2022 pag 441), Suman (2013 pag 849)

Las condiciones de estancamiento de agua, la temperatura ambiente y la presencia de nutrientes re-

siduales crean un ambiente propicio para el crecimiento bacteriano y la formación de biofilmes. Las superficies internas de tuberías, conexiones y válvulas proporcionan nichos ecológicos donde las comunidades bacterianas pueden adherirse y desarrollar estructuras de biofilm maduras. Una vez establecidos, estos biofilmes actúan como reservorios continuos de bacterias que se desprenden constantemente hacia el agua circulante, recontaminando el sistema incluso después de procedimientos de desinfección.

4.3 El desafío de los biofilmes y los mecanismos de resistencia

La resistencia de los biofilmes a los agentes antimicrobianos se debe a múltiples mecanismos que operan sinérgicamente. La matriz extracelular actúa como una barrera de difusión que limita la penetración de desinfectantes y antibióticos hacia las capas profundas del biofilm. Además, dentro del biofilm existe una heterogeneidad metabólica, donde las bacterias en las capas profundas presentan un metabolismo reducido o entran en estados de latencia, haciéndolas menos susceptibles a agentes antimicrobianos que requieren actividad metabólica para ejercer su efecto. La alta densidad celular dentro de los biofilmes también facilita la transferencia horizontal de genes de resistencia, incluyendo ARGs y elementos genéticos móviles como integrones y plásmidos. Esta transferencia genética horizontal es particularmente eficiente en el ambiente del biofilm, donde las células están en estrecha proximidad física y el ADN extracelular puede persistir en la matriz del biofilm Suman (2013 pag 849), Zhu (2019 pag 45)

4.4 Necesidad de estrategias integradas y tecnologías emergentes

La evidencia presentada en esta revisión demuestra que el abordaje actual del control microbiológico en sistemas de agua de HD es insuficiente y requiere una transformación hacia estrategias más integra-

das y multifacéticas. El paradigma tradicional, que se basa principalmente en la ósmosis inversa y la desinfección química periódica (ISO, 2024), debe evolucionar hacia un enfoque que combine múltiples tecnologías de barrera, monitoreo continuo avanzado y protocolos de mantenimiento preventivo optimizados.

La irradiación ultravioleta (UV), particularmente en las longitudes de onda UV-C, ha demostrado capacidad para inactivar microorganismos y degradar endotoxinas sin generar subproductos químicos peligrosos. La combinación sinérgica de UV con otros métodos de desinfección puede mejorar significativamente la eficacia antimicrobiana del sistema. Las concentraciones optimizadas de desinfectantes, aplicadas con protocolos que consideren el tiempo de contacto necesario para la penetración en biofilmes, representan otra área de mejora potencial (Oumokhtar, 2013 pag 122).

El monitoreo microbiológico debe trascender el simple recuento de colonias bacterianas y expandirse hacia la detección molecular de ARGs, la identificación de especies bacterianas específicas mediante técnicas de secuenciación, y la evaluación de la presencia de biofilmes en puntos críticos del sistema. La implementación de protocolos de monitoreo que cumplan rigurosamente con las normas AAMI (Association for the Advancement of Medical Instrumentation) (Technology, 1988) e ISO 23500 (ISO, 2024) es fundamental, pero estos estándares deben ser considerados como requisitos mínimos y no como objetivos finales. La frecuencia de muestreo microbiológico debe aumentarse, particularmente en sistemas con historial de contaminación o en centros que atienden poblaciones de alto riesgo.

El diseño de los sistemas de distribución de agua también requiere optimización. La configuración de sistemas en loop continuo, que minimizan los puntos de estancamiento, la selección de materiales de tubería con propiedades anti-adhesivas que dificulten la colonización bacteriana, y la eliminación de

"zonas muertas" donde el agua puede estancarse, son consideraciones de ingeniería críticas. Los programas de mantenimiento preventivo deben incluir no solo la desinfección química periódica, sino también procedimientos de limpieza mecánica que puedan remover físicamente los biofilmes establecidos. La limpieza y desinfección profunda del sistema completo, incluyendo tanques de almacenamiento, debe realizarse con una frecuencia basada en el monitoreo microbiológico continuo y no únicamente en calendarios fijos (Arip, 2022 pag 1).

4.5 Perspectivas futuras e investigación necesaria

Los hallazgos de esta revisión destacan áreas clave para la investigación futura en la seguridad microbiológica de los sistemas de agua de hemodiálisis, como el estudio de los mecanismos moleculares que favorecen la formación y resistencia de biofilmes. Entender estos procesos podría permitir el desarrollo de estrategias anti-biofilm específicas. Además, es esencial evaluar tecnologías emergentes, como la fotocatalisis y los recubrimientos antimicrobianos, mediante estudios controlados y multicéntricos (Arip, 2022 pag 1). Se requieren estudios longitudinales para entender los riesgos a largo plazo de la exposición a bacterias resistentes en pacientes de HD. La estandarización de protocolos de monitoreo microbiológico y el desarrollo de sistemas de alerta temprana basados en biosensores ayudarían a prevenir problemas clínicos. Finalmente, la investigación sobre la ecología microbiana de estos sistemas proporcionaría información vital para diseñar estrategias de control más efectivas y sostenibles.

5. CONCLUSIONES

La resistencia bacteriana en el agua de hemodiálisis constituye una amenaza significativa y multifacética para la seguridad de los pacientes, que requiere atención urgente de la comunidad médica, científica y de salud pública. Esta revisión exhaustiva de la literatura ha identificado hallazgos críticos que fundamentan la necesidad de reformular los enfoques

actuales de control microbiológico en los centros de diálisis. La prevalencia de bacterias resistentes, particularmente *Pseudomonas spp.*, *S. maltophilia*, *B. cepacia* y *Acinetobacter spp.*, en los sistemas de agua de HD no es un fenómeno aislado, sino una problemática persistente y generalizada. Estas bacterias no solo presentan perfiles de resistencia preocupantes clasificados como MDR o XDR, sino que también poseen características biológicas que facilitan su persistencia en ambientes hostiles.

La formación de biofilmes emerge como el factor crítico que permite la supervivencia bacteriana a pesar de los protocolos de desinfección convencionales. Estos biofilmes no son simplemente agregados bacterianos, sino ecosistemas complejos y organizados que confieren protección contra desinfectantes, facilitan la transferencia horizontal de genes de resistencia, y actúan como reservorios continuos de contaminación. La persistencia de ARGs en el agua tratada, incluso después de procesos de ósmosis inversa, demuestra que las tecnologías actuales, aunque efectivas en muchos aspectos, no son suficientes para eliminar completamente las amenazas microbiológicas. La presencia de integrones, particularmente *int11*, en las cepas aisladas confirma que los sistemas de agua de HD no solo albergan bacterias resistentes, sino que también proporcionan un ambiente propicio para la evolución y diseminación de nuevos mecanismos de resistencia.

Las recomendaciones derivadas de esta revisión son claras y urgentes. La optimización del tratamiento de agua debe ir más allá de la dependencia exclusiva en la ósmosis inversa, incorporando tecnologías complementarias como la ultrafiltración de punto de uso y la irradiación UV en configuraciones sinérgicas que proporcionen múltiples barreras de protección. La intensificación del monitoreo microbiológico debe incluir no solo recuentos bacterianos convencionales, sino también la detección molecular de ARGs, la identificación de especies específicas mediante técnicas de secuenciación, y la evaluación

sistemática de biofilmes en puntos críticos del sistema. Los protocolos de desinfección deben ser reformulados específicamente para abordar biofilmes establecidos, incorporando no solo agentes químicos, sino también métodos mecánicos de remoción física.

El mantenimiento preventivo debe transformarse de un enfoque reactivo basado en calendarios fijos a un sistema proactivo guiado por datos de monitoreo continuo. La limpieza regular de tanques de almacenamiento y sistemas de distribución debe incluir procedimientos validados para la remoción de biofilmes, y el diseño de nuevos sistemas debe incorporar principios de ingeniería que minimicen los puntos de estancamiento y utilicen materiales con propiedades anti-adhesivas. La investigación continua sobre los mecanismos de formación de biofilmes, la dinámica de transferencia de ARGs, y la evaluación rigurosa de tecnologías emergentes es fundamental para el desarrollo de estrategias de control de próxima generación (Technology, 1988).

El futuro de la hemodiálisis segura depende de la adopción de una estrategia integral que reconozca la complejidad del desafío microbiológico y responda con soluciones multifacéticas. Esta estrategia debe combinar tratamiento avanzado de agua mediante tecnologías complementarias, monitoreo microbiológico riguroso y continuo que incluya detección molecular, protocolos de desinfección optimizados específicamente contra biofilmes, diseño de sistemas basado en principios de prevención de colonización, y mantenimiento preventivo guiado por datos. Solo mediante esta aproximación integral será posible mitigar efectivamente el riesgo de infecciones asociadas a resistencia antibiótica y garantizar la seguridad de los millones de pacientes que dependen de la hemodiálisis para su supervivencia. La implementación de estas recomendacio-

nes requiere inversión económica, capacitación del personal y compromiso institucional, pero el costo de la inacción, medido en términos de morbilidad, mortalidad y propagación de resistencia antibiótica, es inaceptablemente alto.

6. LIMITACIONES DEL ESTUDIO

Esta revisión presenta algunas limitaciones que deben ser consideradas al interpretar sus hallazgos:

- Existe una heterogeneidad metodológica significativa entre los estudios incluidos, particularmente en los métodos de muestreo, los puntos de recolección de agua y las técnicas microbiológicas empleadas.
- No fue posible realizar un metaanálisis cuantitativo, debido a la variabilidad en los diseños de estudio, los desenlaces reportados y la falta de datos comparables entre investigaciones.
- La mayoría de los estudios disponibles corresponden a series observacionales o estudios transversales, lo que limita la inferencia causal entre la contaminación del agua y los desenlaces clínicos.
- Es probable la existencia de sesgo de publicación, dado que los centros con eventos de contaminación tienden a reportar con mayor frecuencia sus resultados.
- Se observó una variabilidad regional importante en los estándares aplicados, la infraestructura de tratamiento de agua y los recursos disponibles, lo que puede limitar la generalización de los hallazgos a todos los contextos.

Este artículo es una revisión de literatura; no se incluyeron datos de pacientes. El autor declara que no tiene conflictos de interés relacionados con este trabajo.

7. BIBLIOGRAFÍA

- ISO. (2024). ISO 23500-1:2024 Preparation and quality management of fluids for haemodialysis and related therapies — Part 1: General requirements (Ed. 2). International Organization for Standardization.
- Arip, M. S. (2022). Review on plant-based management in combating antimicrobial resistance—Mechanistic perspective. . *Frontiers in Pharmacology*, , 13, 879495. <https://doi.org/10.3389/fphar.2022.879495>
- Berns. (2003). Infection with Antimicrobial-resistant Microorganisms. *Seminars in Dialysis*, 30–37. DOI: 10.1046/j.1525-139x.2003.03009.x
- Chaoui L, C. T. (2022). Identification and assessment of antimicrobial resistance bacteria in a hemodialysis water treatment system. *J Water Health*, , 441-453. DOI: 10.2166/wh.2022.267
- Damasiewicz MJ, C. J. (2012). Microbial contamination of water used for hemodialysis: an overview of water treatment systems and associated health risks. *Clin Nephrol*, 78(6):386-391. DOI: 10.1590/S0036-46652009000100007
- Edris, S. E.-H. (2020). Identification of bacterial isolates from dialysis water used at two hemodialysis public units in Jeddah, Saudi Arabia. . *Pan African Medical Journal*, 16, 122.
- Gao, R. &. (2021). Antibiotic resistance fate in the full-scale drinking water and municipal wastewater treatment processes: A review. *Environmental Engineering Research*, 26(4), 200324. DOI: <https://doi.org/10.4491/eer.2020.324>
- Ghafari, S. A. (2024). Potentially pathogenic culturable bacteria in hemodialysis waters. . *BMC Microbiology*, 24, 276. DOI: 10.1186/s12866-024-03430-1
- Gholipour, S. N. (2024). Antibiotic resistance pattern of waterborne causative agents of healthcare-associated infections: A call for biofilm control in hospital water systems. . *Journal of Infection and Public Health*. DOI: 10.1016/j.jiph.2024.102469
- Heidarieh H, M. R. (2016). Contamination of dialysis water with antimicrobial resistant bacteria: mechanisms and impact on patients. . *J Nephrol*, 29(5):589-597. DOI: 10.4103/1119-3077.183293
- Looney W, M. K. (2009). *Stenotrophomonas maltophilia*: Emerging pathogen in hemodialysis units. *Nephrol Dial Transplant*. , 1208-1212. DOI: 10.1099/jmm.0.076513-0
- Matthew, P. (2021). The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *The British Medical Journal*, 372 n71. doi: <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Montanari R, G. M. (2009). Antibiotic resistance in the hemodialysis water systems: strategies and improvements.. *J Hosp Infect*, 285-290. doi: <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Nguyen DB, A. M. (2019). Hemodialysis-associated infections. In: . *Infection Control in Dialysis*., 389-408. doi: 10.1016/B978-0-323-52978-5.00025-2
- Oumokhtar, B. L. (2013). Prevent infection linked to the dialysis water in a hemodialysis center in Fez city (Morocco). *Pan African Medical Journal*, , 16, 122. DOI: 10.11604/pamj.2013.16.122.2877
- Pontoriero G, Q. G. (2003). Water treatment in hemodialysis: review of best practices and challenges. . *Nephrol Dial Transplant*., 1104-1110. DOI: 10.1093/ndt/gfg1074

-  Ripanda, A. S. (2023). Antibiotic-resistant microbial populations in urban receiving waters and wastewaters from Tanzania. . *Environmental Chemistry and Ecotoxicology*, 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.enceco.2022.10.003>
-  Rocha, V. F. (2020). Outbreak of *Stenotrophomonas maltophilia* and *Burkholderia cepacia* bloodstream infections at a hemodialysis center. . *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 103(5), 1784-1790. DOI: 10.4269/ajtmh.20-1035
-  Shamhuyashe, G. v. (2024). Colonisation with multidrug-resistant organisms among dialysis patients at Universitas Academic Hospital. . *South African Journal of Infectious Diseases*, , 1-12. doi: 10.4102/sajid.v39i1.607
-  Suman E, V. B. (2013). The bacterial biofilms in dialysis water systems and the effect of the sub inhibitory concentrations of chlorine on them. . *J Clin Diagn Res*, 849-852. doi: 10.7860/JCDR/2013/5118.2956
-  Committee on Technology. (1988). Medical technology assessment directory: A pilot reference to organizations, assessments, and information resources. National Academies Press. <https://doi.org/10.17226/1090>
-  Thakali, O. (2021). Release of antibiotic-resistance genes from hospitals and a wastewater treatment plant in the Kathmandu Valley, Nepal. *Water*, , 13(19), 2733. <https://doi.org/10.3390/w13192733>
-  Thet, M. K. (2019). Outbreak of nonfermentative gram-negative bacteria (*Ralstonia pickettii* and *Stenotrophomonas maltophilia*) in a hemodialysis center: gram-negative bacteria outbreak in hemodialysis unit. . *Hemodialysis International*, 23(3), E83–E89. DOI: 10.1111/hdi.12722
-  Vanegas, J. M.-O. (2021). Post-antibiotic era in hemodialysis? Two case reports of simultaneous colonization and bacteremia by multidrug-resistant bacteria. *Brazilian Journal of Nephrology*,, 43(4), 597-602. doi: 10.1590/2175-8239-JBN-2020-0070
-  Zhu X, Y. C. (2019). Assessment of antibiotic resistance genes in dialysis water treatment processes. . *Front Environ Sci Eng*,, 13(3):45. DOI: 10.1007/s11783-019-1136-1