



FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD



EVALUACIÓN DE CUATRO VARIABLES CLÍNICAS DE PACIENTES CON
PARVOVIRUS PARA PROGNOSIS DE LA ENFERMEDAD EN LA CIUDAD
DE QUITO CINCO AÑOS ATRÁS



AUTOR

EDGAR GABRIEL MÁRQUEZ ESPINOZA

AÑO

2018



FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

EVALUACIÓN DE CUATRO VARIABLES CLÍNICAS DE PACIENTES
DIAGNOSTICADOS CON PARVOVIRUS PARA PROGNOSIS DE LA
ENFERMEDAD EN LA CIUDAD DE QUITO CINCO AÑOS ATRÁS.

Trabajo de Titulación presentado en conformidad con los requisitos
establecidos para optar por el título de Médico Veterinario Zootecnista.

Profesor Guía

Olga Alexandra Angulo Cruz

Médica veterinaria zootecnista

Autor

Edgar Gabriel Márquez Espinoza

Año

2018

DECLARACIÓN DEL PROFESOR GUÍA

“Declaro haber dirigido este trabajo, Evaluación de cuatro variables clínicas de pacientes diagnosticados con parvovirus para prognosis de la enfermedad en la ciudad de Quito cinco años atrás, a través de reuniones periódicas con el estudiante Edgar Gabriel Márquez Espinoza, en el semestre 2018-2, orientando sus conocimientos y competencias para un eficiente desarrollo del tema escogido y dando cumplimiento a todas las disposiciones vigentes que regulan los Trabajos de Titulación”.

Olga Alexandra Angulo Cruz

Médica Veterinaria Zootecnista

C.I. 1714976295

DECLARACIÓN DEL PROFESOR CORRECTOR

“Declaro haber revisado este trabajo, Evaluación de cuatro variables clínicas de pacientes diagnosticados con parvovirus para pronosis de la enfermedad en la ciudad de Quito cinco años atrás, del estudiante Edgar Gabriel Márquez Espinoza, en el semestre 2018-2, dando cumplimiento a todas las disposiciones vigentes que regulan los Trabajos de Titulación”.

Marco Rafael Coral Almeida

PhD. En Ciencias Veterinarias, MSc. En salud Animal Tropical y
Epidemiológica, médico Veterinario Zootecnista

C.I. 1714505821

DECLARACIÓN DE AUTORÍA DEL ESTUDIANTE

“Declaro que este trabajo es original, de mí autoría, que se han citado las fuentes correspondientes y que en su ejecución se respetaron las disposiciones legales que protegen los derechos de autor vigentes”.

Edgar Gabriel Márquez Espinoza

C.I. 1719244137

AGRADECIMIENTOS

A Dios por haberme permitido estudiar, entender y culminar con mi carrera, ya que sin Él nada de esto sería posible. A mi familia Marcia, Edgar, Andrea por ser las personas más importantes de mi vida por su amor, apoyo, paciencia y por levantarme cada vez que caía. A mi perro Army por enseñarme que no se necesita hablar para decir tanto. A mis profesores, en especial a la Dra. Alexandra Angulo, por creer en mí y compartir sus enseñanzas. Al personal médico, auxiliares y administrativos del Hospital Veterinario Medipet por enseñarme tanto y por su inapreciable ayuda. A mis amigos Pame, Gabriel, José, Martín, Day, Carlos, Majo por hacer de esta etapa de mi vida inolvidable y por su amistad.

DEDICATORIA

A Dios por abrir mis ojos y permitirme ver y estudiar sus maravillas. A mí mismo como muestra de mi inicio como Médico Veterinario con vocación y pasión por los animales. A mi familia y amigos. Al personal médico, auxiliares y administrativos del Hospital Veterinario Medipet.

RESUMEN

El *parvovirus canino* (CPV) es un virus altamente contagioso causante de severas diarreas sanguinolentas debido a la destrucción de las criptas intestinales de un cachorro infectado. El objetivo de este estudio fue evaluar cuatro variables clínicas de pacientes caninos diagnosticados con parvovirus, para pronóstico de la enfermedad a partir de fichas clínicas del periodo 2012 a 2017. La investigación se realizó en el Hospital Veterinario Medipet en el Distrito Metropolitano de Quito. Dentro de este periodo (2012-2017), se presentaron a consulta externa 60.225 pacientes con diferentes afecciones médicas, de los cuales 17.483 pacientes (29%) acudieron por una consulta específica de gastroenterología, con 165 (0.9%) diagnosticados con parvovirus. Las variables fueron recolectadas a partir de las fichas clínicas, para posteriormente ser tabuladas y codificadas con la finalidad de elaborar una base de datos y así poder aplicar el test de regresión logística, para elaborar un modelo de probabilidad de ocurrencia o no de muerte del paciente infectado. Los resultados de la regresión logística fueron divididos en tres clases que son bueno o mal pronóstico y variables que no tienen relación; de esta manera, para un buen pronóstico se obtuvo que a mayor peso y edad ($p < 0.05$) la probabilidad de muerte disminuye. Neutropenias ($p < 0.10$), deshidratación ($p < 0.05$) y la presencia de comorbilidades ($p < 0.10$) incrementan la probabilidad de muerte del paciente. Por otro lado, las variables que no presentaron relación ($p > 0.05$) fueron leucocitos, eosinófilos e hipoglucemia. En conclusión, las variables estudiadas pueden proponer un pronóstico de esta enfermedad, considerando el análisis individual de las mismas.

ABSTRACT

Canine parvovirus (CPV) is a highly contagious virus that causes severe bloody diarrheas due to the destruction of the intestinal crypts of an infected puppy. The aim of this study was to evaluate four clinical variables of dogs diagnosed with *parvovirus*, for prognosis of the disease from clinical records of the period 2012 - 2017. The research was carried out in the Veterinary Hospital "Medipet" in the Metropolitan District of Quito. In this period (2012-2017), 60.225 patients went for external consultation with different medical affections, of these, 17.483 patients (29%) came for a specific consult of gastroenterology and 165 puppies (0.9%) were diagnosed with *parvovirus*. Variables were collected from clinical records, for later be tabulated and codified, in order to develop a data base and then be able to apply logistic regression test. This test allowed developing a probability model of occurrence or not about death of the infected patient. The results of logistic regression were divided in three groups that are good prognosis, bad prognosis and those variables who had no relation. In this way, for a good prognosis, it was observed that higher age and weight ($p < 0.05$) decrease the probability of death. On the other hand, neutropenia ($p < 0.10$), dehydration ($p < 0.05$) and presence of comorbidities ($p < 0.10$), increase the probability of death. By the way, variables that had not relation ($p > 0.05$) with forecast were leukocytes, eosinophil and hypoglycemia. In conclusion, the variables that were studied can propose a forecast of the disease, considering the individual analysis of them.

ÍNDICE

Capítulo I: INTRODUCCIÓN	1
1.1 Objetivos.....	2
1.1.1 Objetivo General	2
1.1.2 Objetivos Específicos.....	2
1.2 Hipótesis (pregunta de investigación).....	2
Capítulo II. Marco Teórico.....	3
2.1 Agente Etiológico.....	3
2.1.1 Cepas de Parvovirus.....	4
2.2 Características de la enfermedad.....	4
2.2.1 Patogenia.....	4
2.2.2 Signología en pacientes con parvovirus.....	5
2.2.3 Diagnóstico	5
2.2.4 Tratamiento.....	6
2.3 Hemograma	6
2.3.1 Células medidas en el hemograma.....	7
2.4 Alteración de valores hematológicos	9

2.5 Hipoglucemia.....	11
Capítulo III. Materiales y Métodos.....	13
3.1 Ubicación.....	13
3.2 Población y Muestra	13
3.3 Criterios de inclusión y exclusión.....	13
3.4 Materiales.....	13
3.5 Variables.....	14
3.6 Metodología	19
3.7 Análisis Estadístico	19
Capítulo IV. Resultados y Discusión.....	21
4.1 Estadística descriptiva de las variables.....	21
4.2 Estadística analítica de las variables: Regresión logística. ...	27
4.3 Discusión.....	29
4.4 Limitaciones.....	31
Capítulo V: Conclusiones y Recomendaciones	32
4.5 Conclusiones	32
4.6 Recomendaciones.....	32
REFERENCIAS	34

ANEXOS	38
--------------	----

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 Parvovirus canino (Wu & Rossmann, 2012).....	3
Figura 2 Histograma de la variable: Edad	21
Figura 3 Histograma de la variable: Peso	21
Figura 4 Histograma de la variable: Leucocitos.....	22
Figura 5 Histograma de la variable: Neutrófilos.....	22
Figura 6 Histograma de la variable: Eosinófilos	23
Figura 7 Histograma de la variable: Hematocrito	23
Figura 8 Histograma de la variable: VCM.....	24
Figura 9 Histograma de la variable: CMHC.....	24
Figura 10 Histograma de la variable: Hemoglobina.....	25
Figura 11 Histograma de la variable: Porcentaje de deshidratación	25
Figura 12 Histograma de la variable: Hipoglucemia	26
Figura 13 Histograma de la variable: Estado del paciente	26
Figura 14 Histograma de la variable: Casos con comorbilidad.....	27
Figura 15 Medidas de tendencia central de la variable: Edad	23
Figura 16 Medidas de tendencia central de la variable: Peso	23
Figura 17 Medidas de tendencia central de la variable: Leucocitos	23
Figura 18 Medidas de tendencia central de la variable: Neutrófilos	24
Figura 19 Medidas de tendencia central de la variable: Eosinófilos	24

Figura 20 Medidas de tendencia central de la variable: Hematocrito	24
Figura 21 Medidas de tendencia central de la variable: VCM	25
Figura 22 Medidas de tendencia central de la variable: CMHC.....	25
Figura 23 Medidas de tendencia central de la variable: Hemoglobina	25
Figura 24 Medidas de tendencia central de la variable: Porcentaje de deshidratación	26
Figura 25 Regresión logística de la variable: Neutrófilos	27
Figura 26 Regresión logística de la variable: Porcentaje de deshidratación	27
Figura 27 Regresión logística de la variable: Comorbilidades.....	28
Figura 28 Regresión logística de la variable: Edad	29
Figura 29 Regresión logística de la variable: Peso	29
Figura 30 Regresión logística de la variable: CMHC	30
Figura 31 Regresión logística de la variable: Leucocitos	30
Figura 32 Regresión logística de la variable: Eosinófilos	31
Figura 33 Regresión logística de la variable: VCM.....	31
Figura 34 Regresión logística de la variable: Hematocrito	32
Figura 35 Regresión logística de la variable Hemoglobina	32
Figura 36 Regresión logística de la variable: Hipoglucemia	33
Figura 37 Regresión logística de la variable comorbilidades	33
Figura 38 Modelo multinomial 1	34
Figura 39 Modelo multinomial 2	34

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Variables en estudio.....	14
Tabla 2 Hemograma.....	22

Capítulo I: INTRODUCCIÓN

La parvovirus canina es una enfermedad infecciosa de tipo viral causada por el *Parvovirus canino*; es un agente que pertenece a la familia *Parvoviridae*, género *Protoparvovirus*, especie *Protoparvovirus* tipo 1 (Faz, Martínez, Quijano, & Fajardo, 2016).

La signología común de esta infección viral son diarreas mucoides que evolucionan a hemorrágicas, generando serios problemas entéricos, generando a su vez complicaciones secundarias que llegan a causar la muerte de un paciente infectado (Ortega, Martínez, Bautista, Fajardo, & Quijano, 2017). El hemograma no es una herramienta que permite obtener el diagnóstico definitivo de parvovirus; pero es una herramienta clínica que permite valorar al paciente con el tratamiento que se está aplicando; además, de proponer un pronóstico al paciente, valorando sus alteraciones como leucopenia, linfopenia, neutropenia, etc. (Castro, y otros, 2013).

El presente estudio tiene como propósito principal generar una fórmula de pronosis evaluando el hemograma, algunas variables clínicas básicas y comorbilidades en pacientes diagnosticados con parvovirus. De esta manera se obtendrá una herramienta para dar una pronosis de futuros pacientes con parvovirus que sea confiable y fácil de interpretar para médicos veterinarios; adicionalmente facilitar la comunicación a propietarios sobre la probabilidad de que el paciente sobreviva o no.

Los datos por evaluar son de fichas clínicas de pacientes diagnosticados con parvovirus del Hospital Veterinario Medipet entre los años 2012-2017; los datos obtenidos serán tabulados y codificados en una matriz de Excel para realizar análisis estadísticos mediante correlación de Pearson y regresión lineal. De

esta manera, al ser un estudio de tipo observacional, retrospectivo y analítico no se requiere un capital para su realización.

1.1 Objetivos

1.1.1 Objetivo General

Evaluar cuatro variables clínicas de pacientes caninos diagnosticados con parvovirus, para pronosis de la enfermedad a partir de fichas clínicas del periodo 2012 a 2017 del Hospital Veterinario Medipet de la ciudad de Quito.

1.1.2 Objetivos Específicos

- Generar una base de datos a partir de fichas clínicas de perros con parvovirus del Hospital Veterinario Medipet de un periodo de 5 años mediante observación directa con la finalidad de analizarlos y clasificarlos.
- Analizar mediante test estadísticos de los datos recolectados de las historias clínicas del hospital en un paquete estadístico (Rstudio) con la finalidad de seleccionar variables representativas para establecer un pronóstico de la enfermedad.

1.2 Hipótesis (pregunta de investigación)

Las variables clínicas permiten establecer una fórmula de pronosis de vida de caninos con parvovirus.

Capítulo II. Marco Teórico

2.1 Agente Etiológico

El parvovirus canino (CPV), es un virus que pertenece al género *Protoparvovirus*, familia *Parvoviridae*, causante de una enfermedad altamente contagiosa que puede causar la muerte en perros, principalmente en cachorros (Zhou, Zeng, Zhang, & Li, 2017).

Es un virus no envuelto de cadena simple con genoma ADN entrelazado, que codifica dos proteínas de cápside que son VP1 y VP2; además, dos proteínas no estructurales NS1 y NS2 que colaboran en la replicación del ADN, ensamblaje y regulación en la expresión de los genes (Faz, Martínez, Quijano, & Fajardo, 2016).

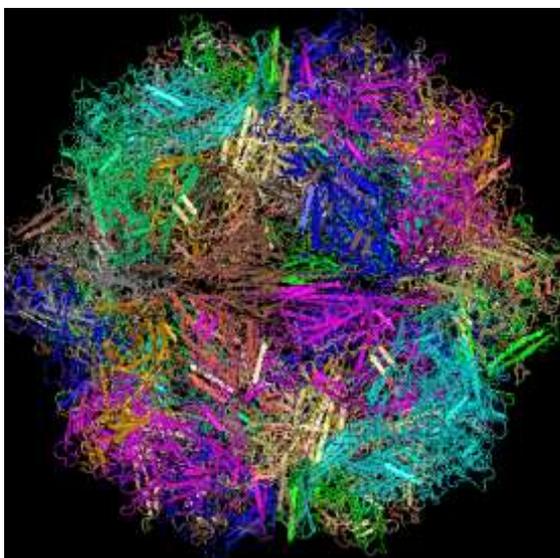


Figura 1. Parvovirus canino. Tomada de (Wu & Rossmann, 2012)

2.1.1 Cepas de Parvovirus

A través de los años, el virus ha presentado diferentes mutaciones, causando nuevas variantes antigenicas como es el caso de CPV-2. En 1980 se descubrió una variante denominada CPV-2a, en 1984 se identificó CPV-2b y en el año 2001 CPV-2c fue detectada. Muchos autores mencionan que no hay diferencias en signos clínicos en pacientes infectados con algunas de estas variantes (Ortega, Martínez, Baitista, Fajardo, & Quijano, 2017).

2.2 Características de la enfermedad

2.2.1 Patogenia

CPV se transmite directa y rápidamente a través de la vía fecal-oral o a través de la exposición oro nasal por fómites contaminados. Al ingresar el virus se replica en el linfonodo de la orofaringe, linfonodos mesentéricos y en el timo. Aproximadamente en tres a cuatro días el virus se disemina, mediante vía hematogena, a las criptas intestinales del intestino delgado. Al parecer existe afinidad del virus a células que se encuentran en constante y rápida mitosis. De esta manera, las células del epitelio intestinal tienen el más alto porcentaje de mitosis debido al cambio de dieta y micro flora intestinal, aumentando el tropismo del virus. De esta manera, CPV destruye células germinales de la cripta intestinal causando que las microvellosidades colapsen y se atrofien. Durante este periodo las vellosidades pierden la capacidad de absorber nutrientes de la dieta, provocando diarreas severas. Además, el timo se ve afectado debido a su rápida división celular, causando severas linfopenias (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

2.2.2 Signología en pacientes con parvovirus

Inicialmente el paciente presenta signos inespecíficos como letargia, anorexia, depresión y fiebre. Posteriormente, se presentan signos típicos como son vómitos y diarreas que se originan en el intestino delgado siendo de aspecto mucoso que evolucionan a hemorrágicas. En este punto se genera dolor abdominal agudo causando que el paciente se encuentre más aletargado. Debido a la pérdida de electrolitos y proteínas a lo largo del tracto intestinal, el paciente se observa deshidratado y se puede generar rápidamente un shock hipovolémico. Además, las constantes diarreas pueden causar intususcepción en el intestino empeorando la evolución del paciente (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

Por otro lado, la infección genera cambios hematológicos, debido a la destrucción de células hematopoyéticas principalmente de varios tipos de leucocitos, ya que la inflamación y destrucción del epitelio intestinal demanda grandes cantidades de leucocitos, neutrófilos específicamente (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

2.2.3 Diagnóstico

Un análisis hematológico o parámetros bioquímicos no son específicos como diagnóstico de CPV, pero estos pueden sugerir los posibles diferenciales, valorar la condición del paciente intrahospitalario y proponer una posible prognosis (Castro, y otros, 2013).

Para obtener un diagnóstico definitivo de parvovirus se puede realizar la obtención del virus en heces fecales, serología y necropsia con histopatología (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

El método más utilizado para el diagnóstico de parvovirus es realizar un inmunoensayo absorbente cromatográfico el cuál detecta partículas de antígeno de parvovirus usando como muestra heces de un paciente infectado (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

2.2.4 Tratamiento

El tratamiento consiste en realizar una terapia de apoyo ya que no existe un tratamiento específico en contra del agente viral. El tratamiento básico consiste en realizar una fluido terapia con cristaloides para tratar la deshidratación y restaurar el volumen sanguíneo, corregir desbalances de electrolitos. Además, se debe corregir la hipoglucemia, combinación de antimicrobianos, antieméticos, analgésicos, soporte nutricional y de ser necesario antiparasitarios (Goddard & Leisewitz, Canine Parvovirus, 2010).

2.3 Hemograma

El hemograma es una herramienta y examen de laboratorio más solicitado, que forma un pilar fundamental en cuanto a la obtención de un diagnóstico o para evaluación de pacientes. El hemograma utiliza sangre del paciente y realiza un análisis de medidas absolutas o en porcentaje del tipo celular, además de agregar características morfológicas de los diferentes tipos de células presentes en la sangre del paciente (leucocitos, eritrocitos y plaquetas) (Torres, 2015).

2.3.1 Células medidas en el hemograma

2.3.1.1 Línea blanca

Los leucocitos son cualquier célula perteneciente a la línea blanca como son: neutrófilo, eosinófilo, monocito, linfocitos o basófilo (Añasco, 2017). Todas estas células, se encargan de la defensa del organismo, mediante distintos mecanismos (Salazar, 2017).

Los neutrófilos, eosinófilos y basófilos, se denominan polimorfonucleados debido a que presentan un núcleo segmentado. Otra característica de este tipo de células es la presencia de gránulos en su citoplasma que se tiñen de diferente color dando nombre a la célula: basófilos de color azul, eosinófilos de color rojo y los neutrófilos son incoloros (Salazar, 2017).

Los monocitos son células de mayor tamaño presentan un núcleo redondo y un citoplasma grisáceo, estas células pueden diferenciarse en macrófagos, células epiteliales o células gigantes multinucleadas. Su función principal es realizar fagocitosis, además, reguladoras de la respuesta inflamatoria liberando diferentes mediadores quimiotácticos, células presentadoras de antígenos a linfocitos (Coppo, 2010, págs. 38-39).

Los linfocitos son células que se caracterizan por presentar un núcleo redondo y escaso citoplasma. Estas células se dividen en linfocitos B, que participan en la respuesta humoral generando anticuerpos; y linfocitos T que participan en la respuesta celular generando diferentes mediadores químicos (Coppo, 2010, pág. 39).

2.3.1.2 Línea roja

Los eritrocitos son las células de forma redondeada bicóncava sin núcleo, su función principal es la de transportar oxígeno a todo el organismo en la vía arterial, mientras que en la vía venosa sacar el dióxido de carbono hacia el exterior. Esta función se completa junto con la hemoglobina que es una proteína que se adhiere al eritrocito para transportar oxígeno, dióxido de carbono o monóxido de carbono (Coppo, 2010, págs. 42-43).

El volumen corpuscular medio (VCM) es un índice hematimétrico que sirve para medir en micras el tamaño del eritrocito y así diferenciar el tipo de anemia que se pueda generar. Para completar esta diferenciación existe otro índice hematimétrico que se denomina concentración media de hemoglobina corpuscular (CMHC) que mide la concentración promedio de hemoglobina en los eritrocitos (Coppo, 2010, pág. 47).

2.3.1.3 Plaquetas o trombocitos

Las plaquetas son pequeños fragmentos citoplasmáticos anucleados provenientes de una célula denominada megacariocito. Las plaquetas cumplen diferentes funciones como son: detener la hemorragia mediante la agregación plaquetaria y la cascada de coagulación, mantiene la integridad vascular y promueve la reparación vascular (Coppo, 2010, pág. 50).

2.4 Alteración de valores hematológicos

2.4.1 Aumento de línea blanca

Tomando en cuenta los valores referenciales, el aumento de alguno de los tipos de leucocitos, sea en número o en porcentaje; se le va a denominar con el nombre de la célula más el sufijo “osis” o “filia” (Salazar, 2017).

La leucocitosis, es el aumento de leucocitos totales en circulación y puede tener diferentes causas como: infecciones, neoplasias, intoxicaciones, hemorragias o hemólisis. Aunque se debe recalcar que valorar cada leucocito es más específico para un diagnóstico o pronóstico (Salazar, 2017).

La basofilia, es el incremento de los basófilos y se observa en hipersensibilidad y alteración de lipoproteínas. La eosinofilia, es el incremento de los eosinófilos y se observa en alergias, parasitosis, granuloma eosinofílico, neoplasias. La neutrofilia, es el incremento de los neutrófilos y se observa en infecciones, destrucción tisular o inflamación séptica o aséptica (Salazar, 2017).

La monocitosis, es el incremento de los monocitos y se observa en enfermedades supurativas crónicas, piogranulomatosas, necróticas, malignas, hemolíticas, hemorrágicas o enfermedades autoinmunes. La linfocitosis, se caracteriza por un número elevado de linfocitos y se observa en inflamación crónica, infección bacteriana o viral, enfermedades autoinmunes o neoplasias (Salazar, 2017).

2.4.2 Disminución de línea blanca

La disminución se observa cuando algún tipo de leucocito disminuye ya sea en número o porcentaje del valor de referencia. Se denominará el tipo de

leucocitos más el sufijo “penia”. Se debe mencionar que la basopenia y monocitopenia no se mencionan clínicamente (Salazar, 2017).

La leucopenia, es la disminución de leucocitos circulantes totales se observa en destrucción excesiva por un proceso inflamatorio y la enfermedad primaria de médula ósea. Al igual que la leucocitosis, se debe valorar cada leucocito por separado (Salazar, 2017).

La eosinopenia, es la disminución de eosinófilos circulantes y se observa en enfermedades de curso agudo y en hiperadrenocorticismo. La neutropenia, es la disminución de neutrófilos y se observa en endotoxemias, infecciones virales o bacterianas fulminantes y administración que generen supresión de médula ósea. La linfopenia, se caracteriza por la disminución de linfocitos circulantes, se observa en enfermedades víricas, hepatitis, quilotórax, linfangiectasia (Salazar, 2017).

2.4.3 Aumento y disminución de hematocrito

El hematocrito es el volumen que los eritrocitos ocupan en la sangre, y está directamente relacionado con el número de eritrocitos circulantes. La disminución del hematocrito se denomina anemia, se pueden causar por hemorragias o hemolisis. El aumento del hematocrito se denomina policitemia y puede ser causado por un proceso primario de médula ósea, reacción a niveles bajos de oxígeno o neoplasias (Vaden, Knoll, Smith, & Tilley, 2011).

2.4.4 Aumento y disminución de VCM

El VCM es una medición que sirve para determinar el tipo de anemia que presenta el paciente valorando el tamaño del eritrocito. El aumento del VCM se denomina macrocítico, esto significa que el tamaño del eritrocito es mayor al tamaño normal, esto se produce por una liberación de eritrocitos inmaduros por parte de la médula ósea con el fin de compensar el déficit de eritrocitos circulantes, esto sucede en hemorragias ligeras o agudas. Por otro lado, la disminución del VCM se denomina microcítico, siendo de menor tamaño al normal, esto sucede cuando hay hemorragias severas o crónicas y la médula ósea libera eritrocitos aún más inmaduros (Vaden, Knoll, Smith, & Tilley, 2011).

2.4.5 Disminución y concentración normal de CMHC

El CMHC es una medición que junto al VCM clasifican el tipo de anemia. Esta medición valor la concentración de hemoglobina en el eritrocito. La disminución de CMHC se denomina hipocrómica; esto significa que los eritrocitos poseen menor cantidad de hemoglobina por media de volumen. La concentración normal de CMHC se denomina normocrómica (Vaden, Knoll, Smith, & Tilley, 2011).

De esta manera la anemia se puede clasificar: macrocítica normocrómica, macrocítica hipocrómica, microcítica hipocrómica y normocítica normocrómica; esta última se observa en enfermedades medulares ya que la médula ósea no produce eritrocitos nuevos (Añasco, 2017).

2.5 Hipoglucemia

Es la disminución de la concentración plasmática de glucosa en sangre. Una causa del descenso de glucosa en sangre, en pacientes con parvovirus, es la

anorexia que genera la infección, ya sea por dolor, náuseas y vómitos (Gascón, Marca, Loste, & Palacio, 2010). Además, en otros estudios, se ha observado que los niveles bajos de glucosa en sangre y leucocitos bajos son indicativos de que un paciente no sobreviva a la infección con CPV (Castro, y otros, 2013).

Capítulo III. Materiales y Métodos

3.1 Ubicación

El presente estudio se elabora en el Hospital Veterinario Medipet, que se encuentra en la provincia de Pichincha, cantón Quito, en la avenida Brasil entre Santiago Duarte y Jalil. El hospital tiene un alcance de trabajo nacional ya que se han recibido pacientes de distintas ciudades del país. En el hospital se utilizará fichas clínicas de pacientes diagnosticados con parvovirus.

3.2 Población y Muestra

La población que se utilizara en el estudio serán los pacientes atendidos el Hospital Veterinario Medipet desde el año 2012 hasta el 2017, que son un total de 60225 pacientes, 17483 son pacientes gastroentéricos; y la muestra del estudio son los pacientes diagnosticados con parvovirus en un total de 165 pacientes que cumplen con los criterios de inclusión y exclusión.

3.3 Criterios de inclusión y exclusión

Para realizar este estudio son incluidos aquellos pacientes caninos diagnosticados verdaderos positivos con parvovirus canino que se le haya realizado hemograma de cualquier raza, sexo y hasta el año de edad. Se excluirán a perros mayores a un año y que no se haya realizado hemograma.

3.4 Materiales

- Para la realización del presente estudio se van a utilizar fichas clínicas de pacientes diagnosticados con parvovirus.
- Computadora

- Paquete estadístico R

3.5 Variables

Tabla 1

Variables en estudio

Variables	Tipo Variable	Definición	Indicador	Unidad de medida	Ítems	Instrumentos
Leucocitos	Cuantitativa	Cantidad de leucocitos circulantes	de Disminución o aumento de glóbulos blancos de su límite normal	$10^9/L$	Leucopenia Normal Leucocitosis	Conteo hemático
Neutrófilos	Cuantitativa	Cantidad de neutrófilos maduros circulantes	de Aumento o disminución de neutrófilos de su límite normal	$10^9/L$	Neutropenia Normal Neutrofilia	Conteo hemático

Monocitos	Cuantitativa	Cantidad de monocitos circulantes	de	Aumento o disminución de su límite normal	o $10^9/L$	Monocitopenia Normal Monocitosis	Conteo hemático
Eosinófilos	Cuantitativa	Cantidad de eosinófilos circulantes	de	Aumento o disminución de su límite normal	o $10^9/L$	Eosinopenia Normal Eosinofilia	Conteo hemático
Hematocrito	Cuantitativa	Cantidad de GR inmaduros circulantes	de	Aumento de su límite normal	de %	Anemia Normal	Conteo hemático
VCM	Cuantitativa	Tamaño de GR		Aumento de tamaño de GR	de fL	Microcítica	Conteo

		circulantes	de su tamaño original			Normal Macroscítica	hemático
CMHC	Cuantitativa	Cantidad de concentración de hemoglobina circulante	de Disminución de la concentración de hemoglobina de la normal en GR	g/L		Hipocrómica Normocrómica	Conteo hemático
hemoglobina	Cuantitativa	Cantidad de hemoglobina circulante	de Disminución de concentración normal	g/L		Aumento Normal Bajo	Medición directa
Hipoglucemia	Cuantitativa	Cantidad de glucosa circulante	de Disminución de glucosa de su límite			Si No	Medición directa

				normal				
Porcentaje de deshidratación	Cuantitativa	Grado de deshidratación del paciente por los signos clínicos de la enfermedad	de	Grado de deshidratación	de %		Aumento Normal	Medición directa
Edad	Numérica	Edad al momento de la atención del paciente	al	edad del paciente	del Meses	meses		Observación directa
Peso	Numérica	Peso al momento de la atención del paciente	al	peso del paciente	del Kilogramos	#de kilos		Observación directa
Estado del paciente	Descriptiva	El paciente es dado de alta de la infección o	es	Dado de alta o muerto	Dado de alta	de o	Dado de alta o muerto	Observación directa

		murió		muerto		
Casos con comorbilidad	Descriptiva	Pacientes presentan otra enfermedad adicional al parvovirus	enfermos por dos o más patologías	Número de casos	Si No	Observación directa

3.6 Metodología

Para la elaboración del presente estudio se recolectaron las fichas de pacientes diagnosticados con parvovirus del año 2012 al año 2017 y de esta manera se estableció una base de datos para una plantear una posible fórmula de pronosis para futuros pacientes. Este estudio se realiza obteniendo los datos de las fichas basándose en las variables mencionadas anteriormente. (Anexos ficha)

El presente trabajo corresponde a un estudio de tipo observacional, transversal y retrospectivo; debido a que se los datos obtenidos provienen de hechos que han sucedido y son registrados sin intervenir en su curso natural dando un corte al tiempo y exponiendo lo que sucede (Manterola & Otzen, 2014).

Para la aplicación de los test se utiliza el paquete estadístico Rstudio para de esta manera observar si existe relación entre las variables para finalmente obtener una fórmula de pronosis para los futuros pacientes.

3.7 Análisis Estadístico

3.7.1 Estadística Descriptiva

Se realiza los cálculos de media que se define como el resultado de dividir la suma total de un conjunto de datos para el número total de datos (Universidad Privada de Tacna, 2012). También se calcula la mediana que es el resultado de dividir el conjunto de datos en partes iguales (Universidad Privada de Tacna, 2012). Y se calcula el dato que posea la mayor frecuencia dentro del conjunto de datos, que se denomina moda (Universidad Privada de Tacna, 2012). Por

otro lado, se calcula la desviación estándar que es el resultado que muestra la variabilidad de los datos con relación a su media (UNAM, 2011).

3.7.2 Estadística Analítica

Se utiliza el test estadístico de regresión logística, su función es predecir y exponer una variable binaria o dicotómica; es decir, adquiere solo dos productos, siendo sí o no, bueno o malo, vivo o muerto, etc. De esta manera, permite crear un modelo probabilístico de ocurrencia o no, dado en función de variables independientes que pueden ser cuantitativas o cualitativas (Universidad Rafael Urdaneta, 2011).

Capítulo IV. Resultados y Discusión

4.1 Estadística descriptiva de las variables

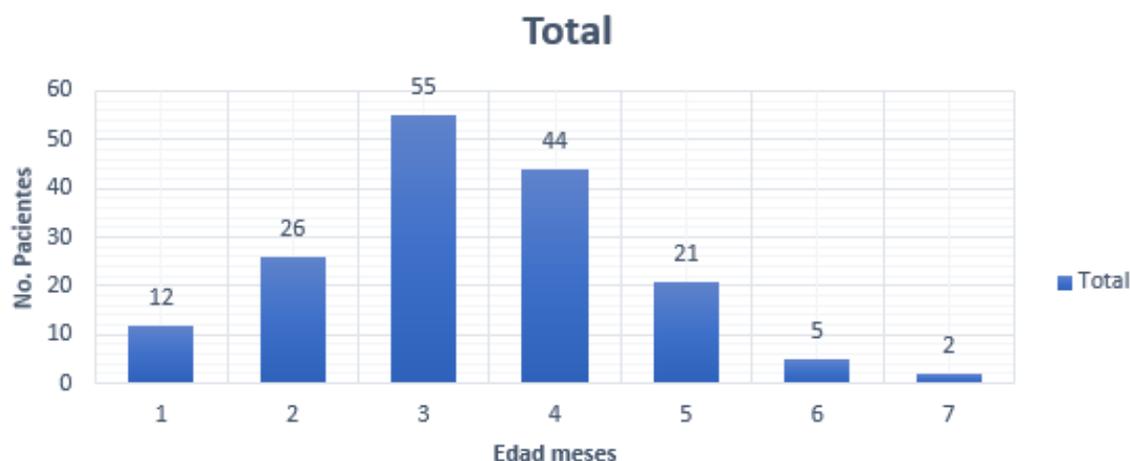


Figura 2 Histograma de la variable: Edad

Como se observa en las figuras dos y quince (Anexo 3), el 33,5% de los animales (55/165 pacientes) que presentaron la infección por parvovirus se encuentran entre los tres meses de edad.



Figura 3 Histograma de la variable: Peso

En las figuras 3 y 16 (Anexo 3) se observa que el 40% de los animales (66/165 pacientes), con infección por parvovirus, se encuentran entre 4 a 5,8 kilogramos de peso vivo.

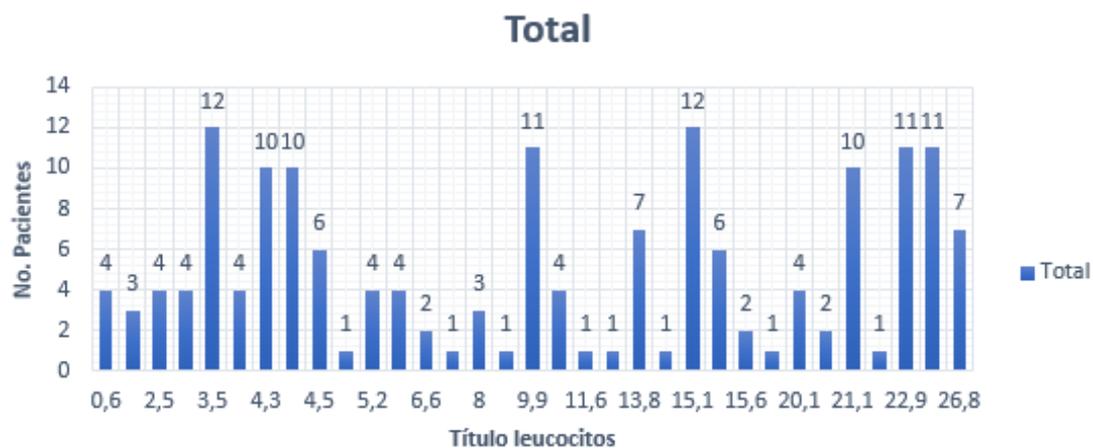


Figura 4 Histograma de la variable: Leucocitos

En las figuras 4 y 17 (Anexo 3) se observa que existe gran dispersión entre la cantidad de leucocitos circulantes de los pacientes, el 29% de animales (47 pacientes) hacia la leucocitosis y el 40% (66 pacientes) presentaron leucopenia.

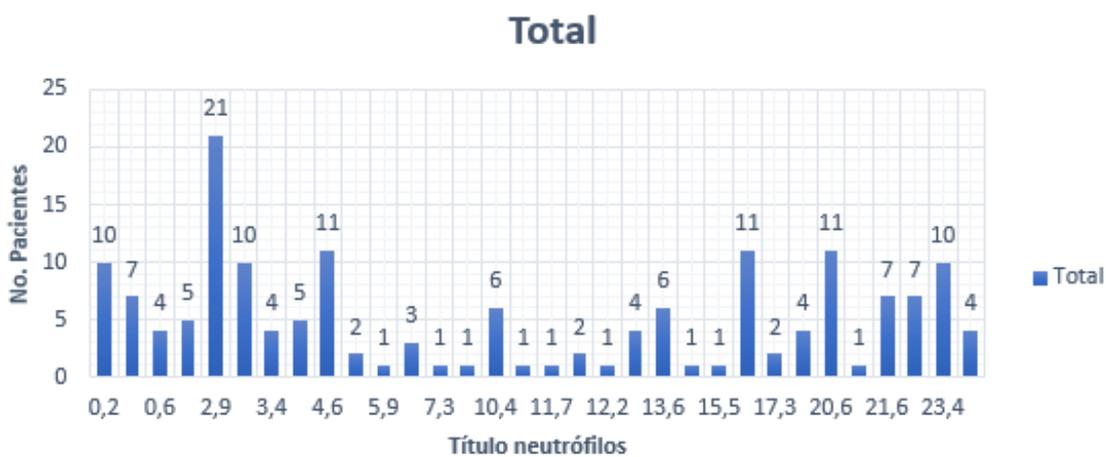


Figura 5 Histograma de la variable: Neutrófilos

Como se observan en las figuras 5 y 18 (Anexo 3), la cantidad de neutrófilos circulantes se observa con amplia dispersión entre sí (8.4); notándose que el 42% de los animales (69 pacientes) presentaron neutrofilia y el 40% (66 pacientes) neutropenia.

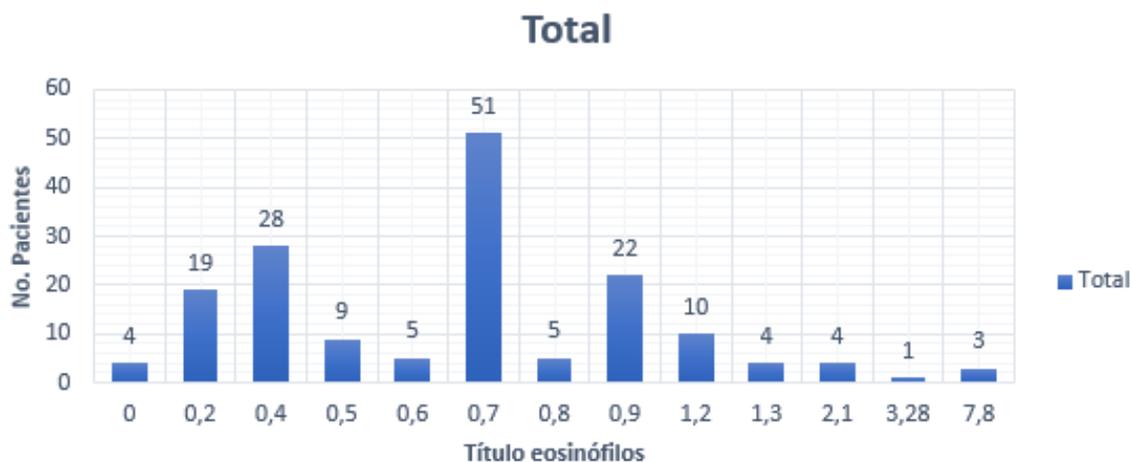


Figura 6 Histograma de la variable: Eosinófilos

En las figuras 6 y 19 (Anexo 3) se observa que la dispersión entre los eosinófilos es de 1.04. De esta manera, el 5% de animales (8 pacientes) presentaron eosinofilia.

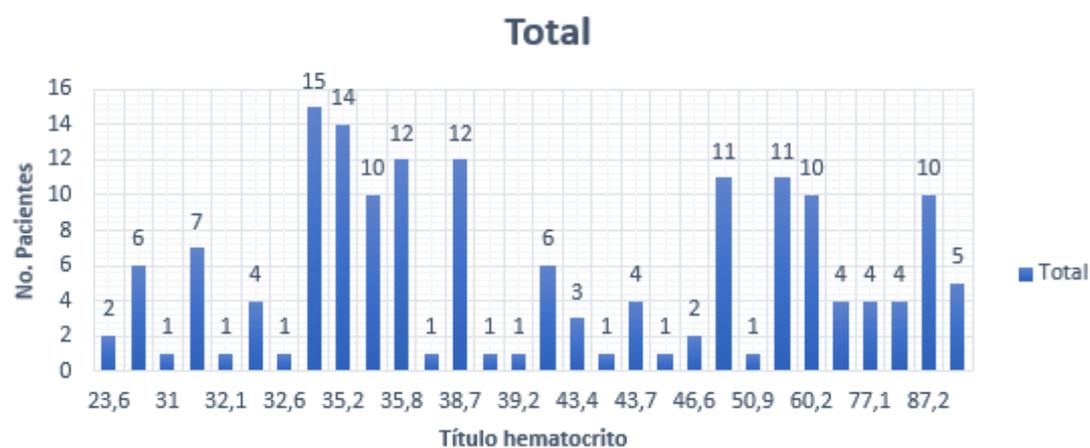


Figura 7 Histograma de la variable: Hematocrito

En las figuras 7 y 20 (Anexo 3) se observa que el hematocrito tiene una amplia desviación con respecto a su media de 17.8. El 53% de animales (87

pacientes) presento disminución del hematocrito (anemia) y el 23% (37 pacientes) su hematocrito se presentó elevado (policitemia).

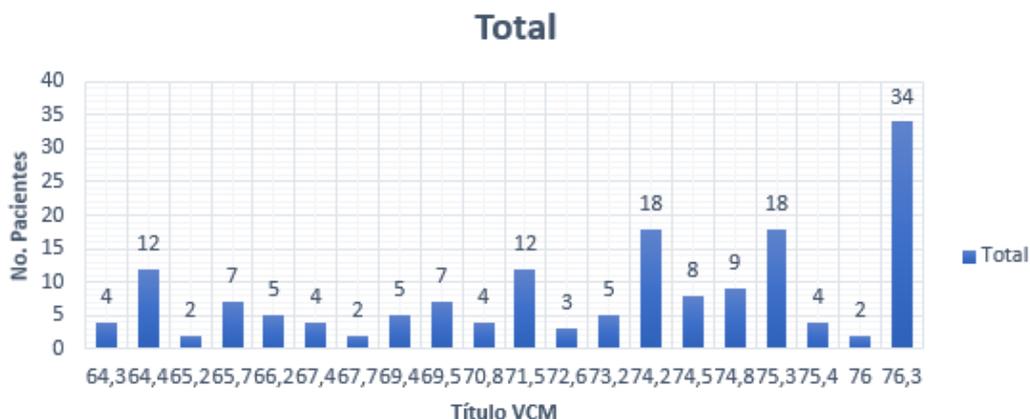


Figura 8 Histograma de la variable: VCM

En las figuras 8 y 21(Anexo 3) se observa el 61.5% de animales (101 pacientes) presentaron el VCM aumentado (macrocitosis).

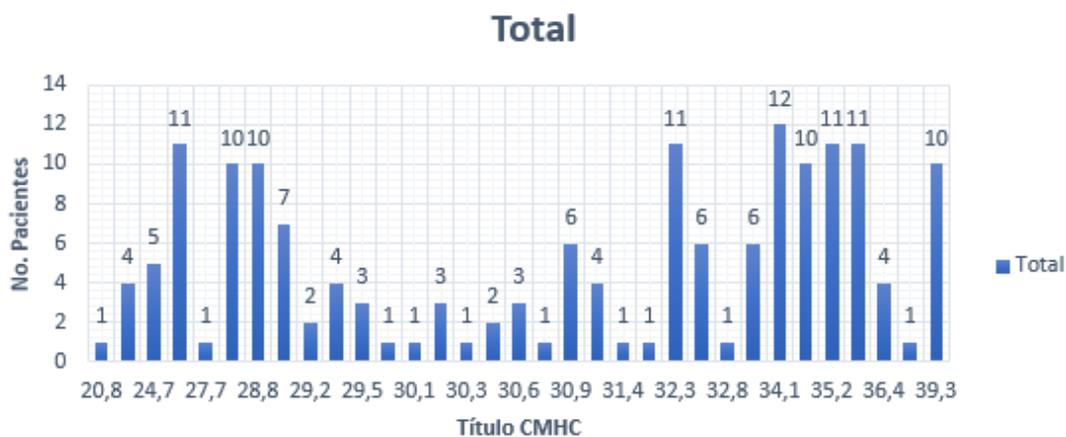


Figura 9 Histograma de la variable: CMHC

En las figuras 9 y 22 (Anexo 3) se observa que 58 pacientes (35.5%) presento el CMHC disminuido (hipocromía); mientras que el 62% (102 pacientes) presentaron normocrómica.

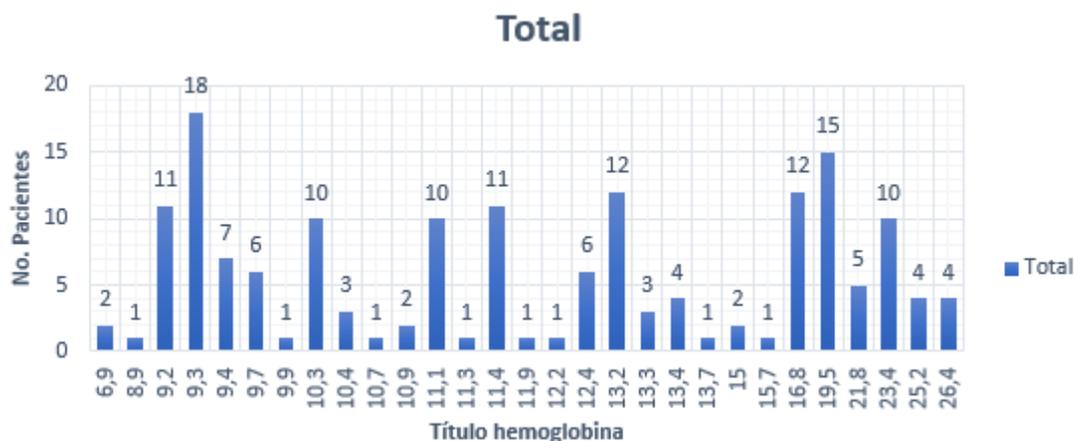


Figura 10 Histograma de la variable: Hemoglobina

Como se observa en las figuras 10 y 23 (Anexo 3), presenta la desviación de 5.1 con respecto a la media; 62 pacientes presentaron disminución de hemoglobina (38%) y el 23.5% (38 pacientes) presentaron aumento de hemoglobina

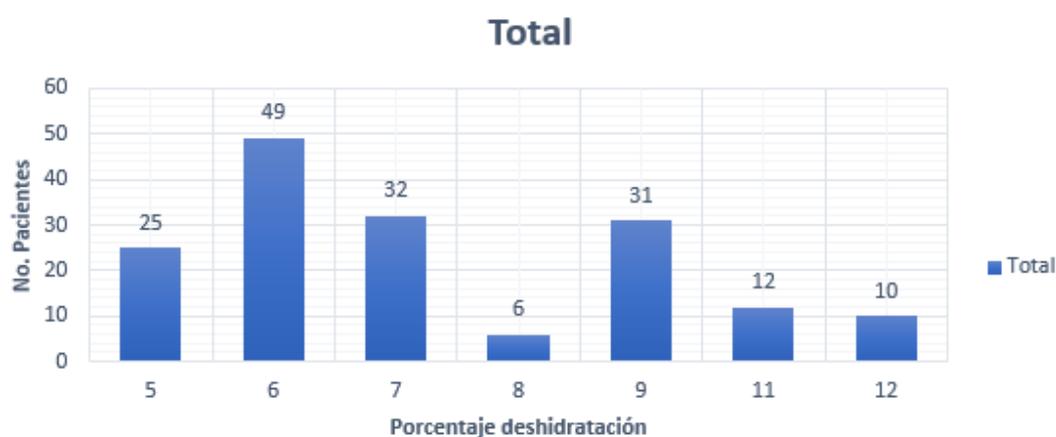


Figura 11 Histograma de la variable: Porcentaje de deshidratación

En las figuras 11 y 24 (Anexo 3) se observa que el porcentaje de deshidratación se observa en todos los pacientes, presenta una desviación de 2.05 con respecto a su media de 7.4

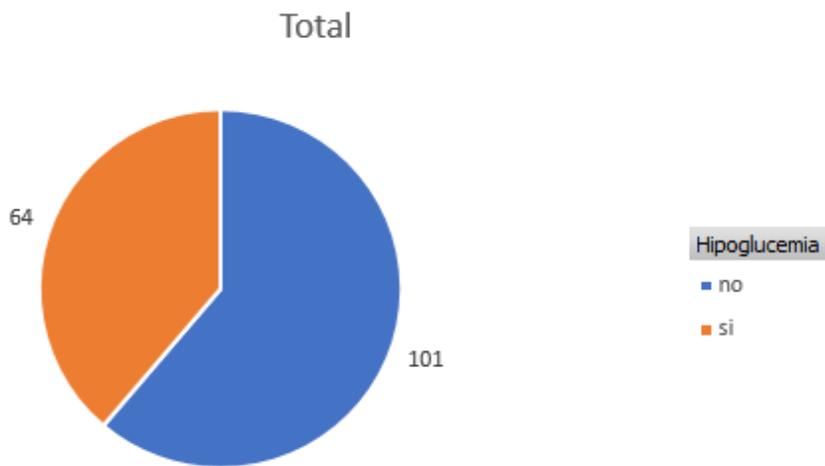


Figura 12 Histograma de la variable: Hipoglucemia

En la figura 12 se observa que el 61.5% no presento hipoglucemia y el 39% si presento hipoglucemia.

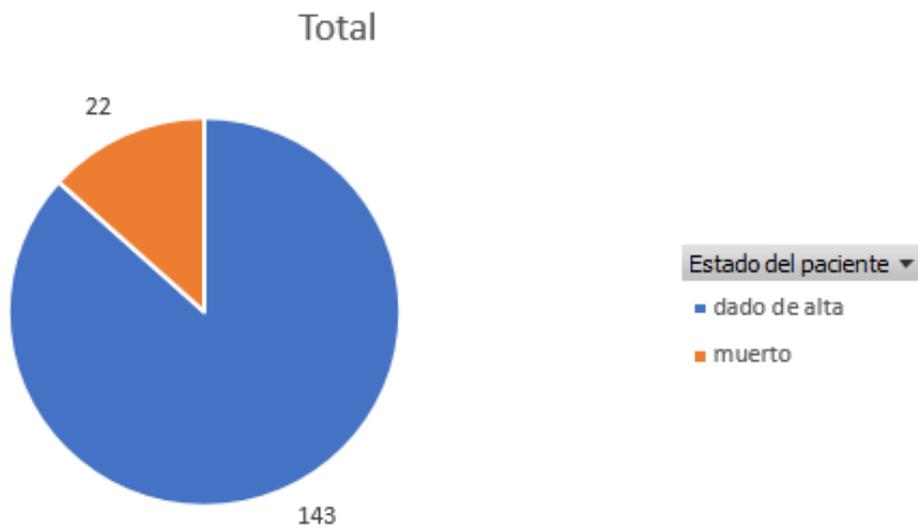


Figura 13 Histograma de la variable: Estado del paciente

En la figura 13 se observa que el 13.5% (22 pacientes) murieron a causa de la infección mientras que el 87% fue dado de alta.

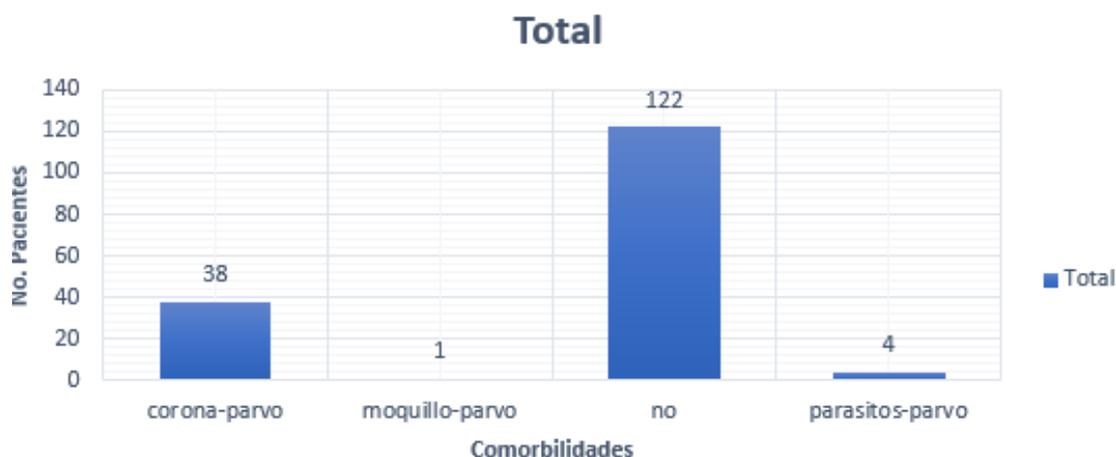


Figura 14 Histograma de la variable: Casos con comorbilidad

En la figura 14 se observa que el 74.5% (122 pacientes) no presento comorbilidades, el 23.5% (38 pacientes) presentaron infección por *coronavirus* y por *parvovirus*, el 3% presento *parvovirus* y parásitos, mientras que el 1% presento moquillo (*distemper*) y *parvovirus*.

4.2 Estadística analítica de las variables: Regresión logística.

4.2.1 Resultados de variables que se relacionan con un mal pronóstico (Anexo 4.1)

La variable neutrófilos, se obtuvo como resultado diferencia significativa de 0.0439 y un estimado de 0.05526. Esto quiere decir que a mayor cantidad de neutrófilos circulantes la probabilidad de muerte aumenta.

La variable denominada porcentaje de deshidratación se observa que hay diferencia significativa ($2.68e-06$) y un estimado de 2.2880, lo que indica que mientras el paciente se encuentre más deshidratado, la probabilidad de muerte aumenta.

Las variables de comorbilidad se obtuvieron que la comorbilidad 1 (*Coronavirus-parvovirus*) presente diferencia significativa (0.0135) y un estimado de 1.2458, por lo que la probabilidad de muerte de un paciente que presente esta comorbilidad aumenta. En la comorbilidad 5 (*parasitosis-*

parvovirus) presenta diferencia significativa (0.0218) y un estimado de 2.4159, es decir que la presencia de esta comorbilidad en un paciente, la probabilidad de muerte aumenta.

4.2.2 Resultados de variables que se relacionan con un buen pronóstico (Anexo 4.2)

La variable edad, se obtuvo como resultado diferencia significativa de $6.93e-06$ y un estimado de -1.1941, de esta manera a mayor edad del paciente, la probabilidad de que fallezca disminuye.

En la variable peso, se obtuvo diferencia significativa de $1.06e-06$ y un estimado de -1.9877, es decir, a mayor peso del paciente, la probabilidad de muerte disminuye.

La variable CMHC (Concentración media de hemoglobina corpuscular) se observa que existe diferencia significativa (0.0337) y un estimado de -0.1281. Esto quiere decir que a mejor cantidad de CMHC la probabilidad de que muera el paciente disminuye.

4.2.3 Resultados de variables que no son representativas

Las siguientes variables no presentan diferencia significativa, por lo tanto, las variables que se mencionan no presentan relación para elaborar un modelo de pronosis (ver anexo 4.3)

4.2.4 Modelo multinomial (Anexo 4.4)

Los resultados del modelo multinomial casi siempre son los mejores, debido a que se ajustan mucho mejor a las condiciones que se ponga a prueba. En este estudio el modelo multinomial no es el más ajustado, debido a que las características en estudio son fisiológicas, lo que quiere decir que no siguen un orden común en todos los pacientes que entraron en el estudio; por lo que este tipo de modelo no se ajusta para realizar un pronóstico, optando por utilizar modelos individuales.

4.3 Discusión

4.3.1 Variables con mal pronóstico

En este estudio, las variables que están relacionadas con un mal pronóstico son: la disminución de neutrófilos circulantes, el aumento del porcentaje de deshidratación y la presencia de comorbilidades.

Con referencia a esto, Goddard, Leisewitz, Christopher, Duncan & Becker en 2008 mencionan que los neutrófilos, pueden ser indicadores de un pobre o mal pronóstico, específicamente neutropenias severas, debido a que es el tipo celular más numeroso; lo que se asemeja a lo encontrado en este estudio, ya que la afección del sistema inmune para responder a infecciones y empeoran la condición del paciente.

Por otro lado, la deshidratación juega un papel importante en la prognosis, lo que se asemeja a lo mencionado con Miranda, Carvalheira, Parrish & Thompson en 2015 ya que la deshidratación, es un factor predisponente para que el pronóstico de un paciente con parvovirus sea desfavorable, debido a que el volumen sanguíneo circulante como el de fluidos intracelulares son reducidos lo que puede conllevar a fallas multiorgánicas y la muerte.

En cuanto a las comorbilidades, la comorbilidad por *parvovirus* y *coronavirus* y *parvovirus* y parásitos presentan un alto riesgo de mal pronóstico en este estudio, como lo menciona Duijvestjin et al en 2016 mencionan que la severidad de ambas infecciones aumente debido a que ambas complicaciones afectan al tracto gastrointestinal, propiciando desmesuradamente la pérdida de electrolitos, fluidos, integridad del epitelio intestinal y otros, causando una mayor debilidad del paciente y que su respuesta inmunitaria se vea aún más comprometida.

4.3.2 Variables con buen pronóstico

Como se encontró en este estudio, las variables edad, peso y CMHC están relacionados con buen pronóstico del paciente.

A más edad y peso la posibilidad de muerte disminuye, de lo contrario aumenta. Esto lo explica Miranda et al en 2015 en cuanto a la edad la protección de los anticuerpos maternos transmitidos a los cachorros y la presencia de inmunidad específica inducida por la vacunación y en cuanto al peso, determina la morfología de su cuerpo y de sus órganos y la capacidad de ganar reservas energéticas, inmunes, etc.

La variable CMHC a pesar de presentar relación para establecer un pronóstico, es un factor hematimétrico, que tiene la función de medir la cantidad de hemoglobina presente en el eritrocito (Vaden et al, 2011). Por lo que el CMHC no ha sido estudiada en cuanto a brindar pronóstico, de esta manera queda abierta a realizar más estudios.

4.3.3 Variables que no tienen relación

La variable leucocitos, en este estudio, no presentan relación para un modelo de prognosis. Goodard et al en 2008 menciona que los leucocitos son el tipo celular que provee información sobre el estado de salud del paciente, establece posibles diagnósticos, respuesta al tratamiento y establecer pronósticos, específicamente leucopenias severas. Por otro lado, Sykes, 2014 menciona que la leucopenia puede observarse en diferentes infecciones o en inflamación del tracto gastrointestinal y diarreas por lo que no es específico para establecer diagnóstico ni pronóstico, debido a que puede observarse leucopenia si existe neutropenia, monocitopenia o linfopenia.

Los eosinófilos no presentan diferencia significativa para establecer un pronóstico. Tomando en cuenta a Duijvestjin et al, 2016 menciona que el incremento de linfocitos T, debido a enfermedades de origen infeccioso, altas concentraciones de cortisol liberadas de manera endógena limitan la producción de eosinófilos en la médula ósea, por lo que los eosinófilos circulantes disminuyen.

En el presente estudio la hipoglicemia es una variable que no tiene relación para establecer pronósticos ya que no se realizó titulación de glucosa, sino

solamente se verificó si presentó o no presentó hipoglicemia. De esta manera Castro et al 2013, propone que, al realizar análisis bioquímicos con titulación de glucosa, encontrando títulos menores a 60 mg/dL se relacione con un mal pronóstico aquellos pacientes que presentan hipoglicemia, resultando la muerte en dos días sin tratamiento.

4.4 Limitaciones

Un fenómeno común en la mayoría de las investigaciones en cuanto a pronóstico de parvovirus, incluyendo a este estudio, es que no se logró realizar un modelo multinomial para establecer fórmulas más exactas para prognosis, debido a que son variables fisiológicas que no siguen un patrón en común. Por lo que, en todos estos casos, se ha optado por analizar las variables de manera individual.

Capítulo V: Conclusiones y Recomendaciones

4.5 Conclusiones

Las variables clínicas que se relacionan con buen pronóstico de parvovirus tomando en cuenta fichas clínicas, fueron mayor edad y peso. Dichas relaciones evidencian que los cachorros presentan mayores reservas ayuda a los pacientes a sobrevivir a dicha enfermedad.

Las variables neutropenia, deshidratación y la presencia de comorbilidades influyen en un mal pronóstico debido a que el daño al tracto gastrointestinal, la pérdida de fluido y la disminución de defensas va a comprometer la vida del paciente.

Además, se obtuvieron variables que no tienen relación para establecer pronóstico como son leucocitos, eosinófilos, hipoglicemia, debido a que estas se pueden alterar por trastornos secundarios propios del animal y más no por la enfermedad como factor principal.

4.6 Recomendaciones

A todo paciente con parvovirus se recomienda realizarle un análisis coproparasitario para determinar la presencia o ausencia de parásitos y a su vez categorizar los parásitos que se encuentren para así tener una mayor precisión en la aplicación de tratamientos y establecer pronósticos más acertados.

Igualmente, se recomienda realizar titulación de glucosa para determinar valores críticos de hipoglucemia, con la finalidad de determinar eficazmente el pronóstico del paciente.

Aplicar un criterio similar del presente estudio con una población mayor de pacientes y verificar o establecer diferencias a los resultados de esta investigación.

Para futuras investigaciones se recomienda incluir variables tales como: región del país, condiciones climáticas al momento de la infección, tomando en cuenta que esto puede influir al paciente en un mal pronóstico. Además, otras variables a considerar son proteínas de fase aguda, plaquetas con el objetivo de obtener resultados más exactos.

REFERENCIAS

- Añasco, C. (2017). *Perfil hematológico en perros a 3,825 metros de altitud con gastroenteritis viral en su fase inicial*. Recuperado el 08 de abril de 2018, de Universidad Nacional del Antiplano Puno: http://tesis.unap.edu.pe/bitstream/handle/UNAP/4658/A%C3%B1asco_Coyla_Charo_Anali.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Carrasquilla, A., Núñez, K., Chacón, A., & Guerrero, M. (diciembre de 2016). *Regresión lineal simple y múltiple: aplicación en la predicción de variables naturales relacionadas con el crecimiento microalgal*. Recuperado el 08 de abril de 2018, de Discover Scientific: https://www.researchgate.net/publication/311548169_Regresion_lineal_simple_y_multiple_aplicacion_en_la_prediccion_de_variables_naturales_relacionadas_con_el_crecimiento_microalgal
- Castro, T., Cubel, R., Gonçalves, L., Costa, E., Marcello, G., Labarthe, N., & Mendes, F. (septiembre de 2013). *Clinical, hematological, and biochemical findings in puppies with coronavirus and parvovirus enteritis*. Recuperado el 26 de marzo de 2018, de Pubmed: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3743577/>
- Coppo, J. (2010). *Interpretación de análisis clínicos en perros y gatos*. Salta, Argentina: Universidad Católica de Salta.
- Duijvestijn, M., Mughini, L., Schuurman, N., Schijf, W., Wagenaar, J., & Egberink, H. (16 de septiembre de 2016). *Enteropathogen infections in canine puppies: (Co-) occurrence, clinical relevance and risk factors*. Recuperado el 24 de mayo de 2018, de Science Direct: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378113516303492?via%3Dihub#sec0075>
- Faz, M., Martínez, J., Quijano, I., & Fajardo, R. (6 de noviembre de 2016). *Reliability of clinical diagnosis and laboratory testing techniques currently*

used for identification of canine parvovirus enteritis in clinical settings. Recuperado el 26 de marzo de 2018, de Pubmed: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5289263/>

Gascón, M., Marca, M., Loste, A., & Palacio, J. (2010). *INSULINOMA: A PROPÓSITO DE UN CASO CLÍNICO.* Recuperado el 08 de abril de 2018, de Universidad Autónoma de Barcelona: <https://ddd.uab.cat/pub/clivetpeqani/11307064v17n4/11307064v17n4p201.pdf>

Goddard, A., & Leisewitz, A. (06 de octubre de 2010). *Canine Parvovirus.* Recuperado el 01 de abril de 2018, de Science Direct: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S019556161000094X?via%3Dihub>

Goddard, A., Leisewitz, A., Christopher, M., Duncan, N., & Becker, P. (27 de marzo de 2008). *Prognostic usefulness of blood leukocyte changes in canine parvoviral enteritis.* Recuperado el 23 de mayo de 2018, de Journal of veterinary internal medicine: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1939-1676.2008.0073.x>

Laguna, C. (2014). *Correlación y regresión lineal.* Recuperado el 08 de abril de 2018, de Instituto Aragonés de ciencias de la salud: <http://www.ics-aragon.com/cursos/salud-publica/2014/pdf/M2T04.pdf>

Manterola, C., & Otzen, T. (2014). *Estudios observacionales. Los diseños utilizados con mayor frecuencia en investigación clínica.* Recuperado el 08 de abril de 2018, de Universidad Nacional Abierta y a Distancia Colombia: <http://repository.unad.edu.co/bitstream/10596/5137/1/art42.pdf>

Miranda, C., Carvalheira, J., Parrish, C., & Thompson, G. (06 de agosto de 2015). *Factors affecting the occurrence of canine parvovirus in dogs.* Recuperado el 24 de mayo de 2018, de Science Direct:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378113515300018?via%3Dihub>

Ortega, A., Martínez, J., Bautista, L., Fajardo, F., & Quijano, I. (24 de junio de 2017). *Identification of co-infection by rotavirus and parvovirus in dogs with gastroenteritis in Mexico*. Recuperado el 04 de abril de 2018, de Science direct:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1517838216310668?via%3Dihub>

Salazar, P. (2017). *Valor pronostico del hemograma en cachorros Canis familiaris con gastroenteritis hemorrágica en el Distrito de Trujillo, Perú*. Recuperado el 08 de abril de 2018, de Universidad privada Antenor Orrego:

http://repositorio.upao.edu.pe/bitstream/upaorep/2943/1/RE_MED.VETE_PRISCILLA.SALAZAR_PPRONOSTICO.DE.HEMOGRAMA_DATOS.PDF

Sykes, J. (2014). *Canine and feline infectious diseases*. St. Louis, Missouri, United States: Elsevier Saunders.

Torres, M. (11 de noviembre de 2015). *Cell blood count. Clinical interpretation*. Recuperado el 05 de abril de 2018, de Science direct: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0716864015001480>

UNAM. (2011). *Medidas de tendencia central y dispersión*. Recuperado el 2 de enero de 2018, de UNAM: <http://asesorias.cuautitlan2.unam.mx/Laboratoriovirtualdeestadistica/DOCUMENTOS/TEMA%202/1.%20MEDIDAS%20DE%20TENDENCIA%20CENTRAL%20Y%20DISPERSION.pdf>

Universidad Privada de Tacna. (2012). *Medidas de tendencia central*. Recuperado el 08 de abril de 2018, de Universidad Privada de Tacna: <https://uptprobest.files.wordpress.com/2008/02/act-04-medidas-tendencia-central.pdf>

- Universidad Privada de Tacna. (2012). *Medidas de tendencia central*. Recuperado el 2 de enero de 2018, de Universidad Privada de Tacna: <https://uptprobest.files.wordpress.com/2008/02/act-04-medidas-tendencia-central.pdf>
- Universidad Rafael Urdaneta. (2011). *Regresión logística*. Recuperado el 26 de abril de 2018, de Fondo editorial Universidad Rafael Urdaneta: <http://www.uru.edu/fondoeditorial/libros/pdf/manualdestatistix/cap10.pdf>
- Vaden, S., Knoll, J., Smith, F., & Tilley, L. (2011). *Pruebas de laboratorio y procedimientos de diagnóstico*. Buenos Aires, Argentina: Intermédica.
- Wu, H., & Rossmann, M. (2012). *The canine parvovirus empty capsid structure*. Recuperado el 15 de abril de 2018, de Pubmed: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/pdb/2CAS>
- Zhou, P., Zeng, W., Zhang, X., & Li, S. (31 de marzo de 2017). *The genetic evolution of canine parvovirus – A new perspective*. Recuperado el 01 de abril de 2018, de Pubmed: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5376324/>

ANEXOS

Anexo 1: Ficha clínica de un paciente con parvovirus



HOSPITAL VETERINARIO
MEDIPET

Dirección: Av . Brasil N47-362 entre Santiago Duarte y Jalil (Sector La Concepción)
Teléfono: 6042980 / 2447468 / 0981259144 Email: info@medipet.com.ec
www.medipet.com.ec
Quito-Ecuador

Fecha: 02-04-2017

Propietario: [REDACTED]

Paciente: Cooper

Sexo: Macho

Raza: Mestizo

Edad: 2 meses

Especie: Canino

FICHA CLÍNICA

Paciente llega a consulta debido a que desde el primer día que lo tienen, presenta heces blandas y vómitos esporádicos, está decaído e inapetente.

Peso: 0.45 gramos

EXAMEN CLÍNICO:

Mucosas pálidas

TLLC 3 seg

Pliegue cutáneo: 2 seg

Auscultación: FC: 135 lat/min, Campos Pulmonares: No se Ausculta anormalidades.

Pulso Femoral: Fuerte y Concordante

Frecuencia Respiratoria: 36 resp/min

Palpación Abdominal: Leve molestia abdominal hacia craneal, asas intestinales levemente inflamadas.

Linfonodos: normales

T°: 39.8°C

Deshidratación: 8%

DDX: Parvovirus/Gastroenteritis por Imprudencia Alimentaria/Parasitosis

EXÁMENES COMPLEMENTARIOS

BIONOTE Antigen Rapid CPV/CCV Ag Test Kit

URANOTEST Distemper-ADENO

Hemograma

RESULTADOS DE LABORATORIO PARVOVIRUS Y CORONAVIRUS

Rapid Test KIT PARVOVIROSIS CANINA

CPV/CCV Ag

MUESTRA: Heces

RESULTADO: POSITIVO

DISTEMPER Y ADENOVIRUS

Rapid Test KIT DISTEMPER CANINO

CDV/ CAV Ag

MUESTRA: Suero Sanguíneo

RESULTADO: NEGATIVO

Diagnóstico: Parvovirosis canino positivo

Se queda en hospital para observación y tratamiento de este

Tratamiento: Ver hoja de hospitalización

Anexo 2: Hemograma de un paciente con parvovirus

Tabla 2

Hemograma

HEMOGRAMA CANINO MINDRAY				
PRUEBA	RESULTADO	UNIDAD	REFERENCIA	
WBC	17.8	10*/uL	6.0-17.0	ALTO
LYM#	5.5	10*/uL	0.8-5.1	ALTO
MON#	0.9	10*/uL	0.0-1.8	NORMAL
GRAN#	11.4	10*/uL	4.0-12.6	NORMAL
LYM%	30.8	%	12.0-30.0	ALTO
MON%	5.3	%	2.0-9.0	NORMAL
GRAN%	63.9	%	60.0-83.0	NORMAL
RBC	4.52	10*/UI	5.50-8.5	BAJO
HGB	10.1	g/dL	11.0-19.0	BAJO
HCT	31.8	%	39.0-56.0	BAJO
MCV	70.4	fL	62.0-72.0	NORMAL
MCH	22.3	pg	20.0-25.0	NORMAL
MCHC	31.7	g/dL	30.0-38.0	NORMAL
RDW	17.9	%	11.0-15.5	ALTO
PLT	655	10*/uL	117-460	ALTO
MPV	9.9	fL	7.0-12.9	NORMAL
PDW	16.4			
PCT	0.648	%		
EOS %	37	%		

Anexo3: Resultado de estadística descriptiva de las variables

```
> mean(Edad.meses)
[1] 3.357576
> median(Edad.meses)
[1] 3
> tabla1<-table(Edad.meses)
> tabla1
Edad.meses
 1  2  3  4  5  6  7
12 26 55 44 21  5  2
> sd(Edad.meses)
[1] 1.254025
> hist(Edad.meses)
```

Figura 15 Medidas de tendencia central de la variable: Edad

```
> mean(Peso.kg)
[1] 4.364667
> median(Peso.kg)
[1] 4.1
> tabla2<-table(Peso.kg)
> tabla2
Peso.kg
 0.6  0.76  0.85   1  1.2  1.3  1.4  1.5  1.75  1.9  2  2.2  2.38  2.5
 1  1  1  4  1  1  1  1  4  3  1  7  2  8
 2.6  2.7  2.8  2.9  3  3.1  3.2  3.3  3.4  3.6  3.7  3.8  3.9  3.95
 1  3  4  1  6  6  2  2  5  4  2  5  1  1
 4  4.1  4.2  4.3  4.4  4.5  4.6  4.7  5  5.2  5.3  5.6  5.7  5.8
 3  5  3  8  3  6  4  7  2  11  1  4  7  2
 6.1  6.3  6.5  7.4  7.6  7.7  7.8  8  11.8  12  13.35  14  17.5
 2  1  1  1  4  1  1  1  2  2  1  1  2
```

```
> sd(Peso.kg)
[1] 2.683795
> hist(Peso.kg)
```

Figura 16 Medidas de tendencia central de la variable: Peso

```
> mean(leucocitos)
[1] 12.04667
> median(leucocitos)
[1] 9.9
> tabla3<-table(leucocitos)
> tabla3
leucocitos
 0.6  1  2.5  3.2  3.5  4  4.3  4.4  4.5  4.7  5.2  5.3  6.6  7.3  8  8.9
 4  3  4  4  12  4  10  10  6  1  4  4  2  1  3  1
 9.9 10.7 11.6 13.7 13.8 14.4 15.1 15.4 15.6 18.2 20.1 20.7 21.1 22.5 22.9 25.6
 11  4  1  1  7  1  12  6  2  1  4  2  10  1  11  11
26.8
 7
```

```
> sd(leucocitos)
[1] 8.301774
> hist(leucocitos)
```

Figura 17 Medidas de tendencia central de la variable: Leucocitos

```

> mean(neutrofilos)
[1] 10.34061
> median(neutrofilos)
[1] 6.8
> tabla4<-table(neutrofilos)
> tabla4
neutrofilos
 0.2  0.4  0.6  2.1  2.9  3.1  3.4  3.5  4.6  5.5  5.9  6.8  7.3  7.9 10.4 11.6
 10   7   4   5  21  10   4   5  11   2   1   3   1   1   6   1
11.7 11.8 12.2 12.5 13.6 14.4 15.5 16.9 17.3 17.6 20.6 21 21.6 22.3 23.4 24.9
 1   2   1   4   6   1   1  11   2   4  11   1   7   7  10   4
> sd(neutrofilos)
[1] 8.433939
> hist(neutrofilos)

```

Figura 18 Medidas de tendencia central de la variable: Neutrófilos

```

> mean(eosinofilos)
[1] 0.8138182
> median(eosinofilos)
[1] 0.7
> tabla5<-table(eosinofilos)
> tabla5
eosinofilos
 0  0.2  0.4  0.5  0.6  0.7  0.8  0.9  1.2  1.3  2.1  3.28  7.8
 4  19  28   9   5  51   5  22  10   4   4   1   3
> sd(eosinofilos)
[1] 1.042098
> hist(eosinofilos)

```

Figura 19 Medidas de tendencia central de la variable: Eosinófilos

```

> mean(Hematocrito)
[1] 46.89455
> median(Hematocrito)
[1] 38.7
> tabla6<-table(Hematocrito)
> tabla6
Hematocrito
23.6 28.9 31 31.7 32.1 32.2 32.6 33.5 35.2 35.4 35.8 37.6 38.7 38.8 39.2 40.1
 2   6   1   7   1   4   1  15  14  10  12   1  12   1   1   6
43.4 43.5 43.7 45 46.6 47.7 50.9 54.4 60.2 64.6 77.1 78.4 87.2 91.2
 3   1   4   1   2  11   1  11  10   4   4   4  10   5
> sd(Hematocrito)
[1] 17.86156
> hist(Hematocrito)

```

Figura 20 Medidas de tendencia central de la variable: Hematocrito

```

> mean(VCM)
[1] 72.25939
> median(VCM)
[1] 74.2
> tabla8<-table(VCM)
> tabla8
VCM
64.3 64.4 65.2 65.7 66.2 67.4 67.7 69.4 69.5 70.8 71.5 72.6 73.2 74.2 74.5 74.8
  4  12   2   7   5   4   2   5   7   4  12   3   5  18   8   9
75.3 75.4  76 76.3
 18   4   2  34
> sd(VCM)
[1] 4.120515
> hist(VCM)

```

Figura 21 Medidas de tendencia central de la variable: VCM

```

> mean(CMHC)
[1] 31.70242
> median(CMHC)
[1] 32.3
> tabla7<-table(CMHC)
> tabla7
CMHC
20.8 22.4 24.7 27.4 27.7 27.9 28.8 28.9 29.2 29.3 29.5  30 30.1 30.2 30.3 30.4
  1   4   5  11   1  10  10   7   2   4   3   1   1   3   1   2
30.6 30.8 30.9 31.2 31.4 31.9 32.3 32.6 32.8 33.6 34.1 34.6 35.2 35.8 36.4 36.5
  3   1   6   4   1   1  11   6   1   6  12  10  11  11   4   1
39.3
 10
> sd(CMHC)
[1] 3.89114
> hist(CMHC)

```

Figura 22 Medidas de tendencia central de la variable: CMHC

```

> mean(Hemoglobina)
[1] 13.89636
> median(Hemoglobina)
[1] 11.4
> tabla9<-table(Hemoglobina)
> tabla9
Hemoglobina
 6.9  8.9  9.2  9.3  9.4  9.7  9.9 10.3 10.4 10.7 10.9 11.1 11.3 11.4 11.9 12.2
  2   1  11  18   7   6   1  10   3   1   2  10   1  11   1   1
12.4 13.2 13.3 13.4 13.7  15 15.7 16.8 19.5 21.8 23.4 25.2 26.4
  6  12   3   4   1   2   1  12  15   5  10   4   4
> sd(Hemoglobina)
[1] 5.129207
> hist(Hemoglobina)

```

Figura 23 Medidas de tendencia central de la variable: Hemoglobina

```
> mean(Porcentaje.deshidratacion)
[1] 7.406061
> median(Porcentaje.deshidratacion)
[1] 7
> tabla10<-table(Porcentaje.deshidratacion)
> tabla10
Porcentaje.deshidratacion
 5  6  7  8  9 11 12
25 49 32  6 31 12 10
> sd(Porcentaje.deshidratacion)
[1] 2.056806
> hist(Porcentaje.deshidratacion)
> |
```

Figura 24 Medidas de tendencia central de la variable: Porcentaje de deshidratación

Anexo 4: Resultado de regresión logística de las variables

Anexo 4.1: Resultado de variables con mal pronóstico

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~neutrofilos, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ neutrofilos,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.7427 -0.6095 -0.4437 -0.4153  2.2759

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.52301    0.43044  -5.861 4.59e-09 ***
neutrofilos  0.05526    0.02743   2.015  0.0439 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 125.41  on 163  degrees of freedom
AIC: 129.41

Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Figura 25 Regresión logística de la variable: Neutrófilos

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~Porcentaje.deshidratacion, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ Porcentaje.deshidratacion,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.97481 -0.03574 -0.01139 -0.00363  2.38318

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -23.3716    4.8955  -4.774 1.81e-06 ***
Porcentaje.deshidratacion  2.2880    0.4875   4.694 2.68e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.583  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 26.178  on 163  degrees of freedom
AIC: 30.178

Number of Fisher Scoring iterations: 8
```

Figura 26 Regresión logística de la variable: Porcentaje de deshidratación

```

> summary(glm(característica.estado.del.paciente~característica.comorbilidad, family=binomial))

Call:
glm(formula = característica.estado.del.paciente ~ característica.comorbilidad,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.1774  -0.4136  -0.4136  -0.4136   2.2367

Coefficients:
                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)      -2.4159    0.3300  -7.320 2.48e-13 ***
característica.comorbilidad1  1.2458    0.5045   2.469  0.0135 *
característica.comorbilidad2 17.9820 1455.3976  0.012  0.9901
característica.comorbilidad5  2.4159    1.0531   2.294  0.0218 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 116.33  on 161  degrees of freedom
AIC: 124.33

Number of Fisher scoring iterations: 14

```

Figura 27 Regresión logística de la variable: Comorbilidades

Anexo 4.2: Resultado de variables con buen pronostico

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~Edad.meses, family=binomial))
```

```
Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ Edad.meses,
     family = binomial)
```

```
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.2972  -0.4782  -0.2685  -0.1487   2.5850
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   1.4713     0.6869   2.142  0.0322 *
Edad.meses   -1.1941     0.2656  -4.496 6.93e-06 ***
```

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 129.58 on 164 degrees of freedom
Residual deviance: 101.44 on 163 degrees of freedom
AIC: 105.44
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Figura 28 Regresión logística de la variable: Edad

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~Peso.kg, family=binomial))
```

```
Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ Peso.kg, family = binomial)
```

```
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.97286  -0.31502  -0.10674  -0.02179   2.22285
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   3.7797     1.0042   3.764 0.000167 ***
Peso.kg       -1.9877     0.4073  -4.880 1.06e-06 ***
```

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 129.583 on 164 degrees of freedom
Residual deviance: 66.838 on 163 degrees of freedom
AIC: 70.838
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 8
```

Figura 29 Regresión logística de la variable: Peso

```

> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~CMHC, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ CMHC, family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.9489 -0.5919 -0.4576 -0.4000  2.2652

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  2.0993     1.8444   1.138  0.2550
CMHC        -0.1281     0.0603  -2.124  0.0337 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 124.92  on 163  degrees of freedom
AIC: 128.92

Number of Fisher Scoring iterations: 5
> |

```

Figura 30 Regresión logística de la variable: CMHC

Anexo 4.3: Resultado de variables que no tiene relación

```

> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~leucocitos, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ leucocitos,
    family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.6658 -0.5566 -0.4886 -0.4592  2.1873

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.31682     0.44062  -5.258 1.46e-07 ***
leucocitos   0.03444     0.02724   1.265  0.206
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 127.99  on 163  degrees of freedom
AIC: 131.99

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

Figura 31 Regresión logística de la variable: Leucocitos

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~eosinofilos, family=binomial))
```

```
Call:
```

```
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ eosinofilos,  
     family = binomial)
```

```
Deviance Residuals:
```

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.9941	-0.5247	-0.5247	-0.5000	2.0695

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-2.0577	0.2797	-7.356	1.89e-13 ***
eosinofilos	0.2064	0.1618	1.276	0.202

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 129.58 on 164 degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 128.17 on 163 degrees of freedom
```

```
AIC: 132.17
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Figura 32 Regresión logística de la variable: Eosinófilos

```
> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~VCM, family=binomial))
```

```
Call:
```

```
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ VCM, family = binomial)
```

```
Deviance Residuals:
```

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.6554	-0.5510	-0.4941	-0.4741	2.1173

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	2.32285	3.79302	0.612	0.54
VCM	-0.05835	0.05294	-1.102	0.27

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 129.58 on 164 degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 128.40 on 163 degrees of freedom
```

```
AIC: 132.4
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Figura 33 Regresión logística de la variable: VCM

```

> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~Hematocrito, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ Hematocrito,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.5465  -0.5423  -0.5370  -0.5234   2.0573

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.75068    0.65033  -2.692   0.0071 **
Hematocrito  -0.00260    0.01315  -0.198   0.8433
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 129.54  on 163  degrees of freedom
AIC: 133.54

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

Figura 34 Regresión logística de la variable: Hematocrito

```

> summary(glm(caracteristica.estado.del.paciente~Hemoglobina, family=binomial))

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ Hemoglobina,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.5687  -0.5585  -0.5380  -0.4957   2.1233

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.49280    0.67475  -2.212   0.0269 *
Hemoglobina  -0.02780    0.04743  -0.586   0.5578
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 129.22  on 163  degrees of freedom
AIC: 133.22

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

Figura 35 Regresión logística de la variable Hemoglobina

```

> summary(glm(característica.estado.del.paciente~característica.hipoglucemia, family=binomial))

Call:
glm(formula = característica.estado.del.paciente ~ característica.hipoglucemia,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.5829 -0.5829 -0.5030 -0.5030  2.0641

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -2.0037     0.3075  -6.516 7.23e-11 ***
característica.hipoglucemia1  0.3173     0.4616   0.687   0.492
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 129.11  on 163  degrees of freedom
AIC: 133.11

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

Figura 36 Regresión logística de la variable: Hipoglucemia

```

> summary(glm(característica.estado.del.paciente~característica.comorbilidad, family=binomial))

Call:
glm(formula = característica.estado.del.paciente ~ característica.comorbilidad,
     family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.1774 -0.4136 -0.4136 -0.4136  2.2367

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    -2.4159     0.3300  -7.320 2.48e-13 ***
característica.comorbilidad1  1.2458     0.5045   2.469  0.0135 *
característica.comorbilidad2 17.9820    1455.3976   0.012  0.9901
característica.comorbilidad5  2.4159     1.0531   2.294  0.0218 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 129.58  on 164  degrees of freedom
Residual deviance: 116.33  on 161  degrees of freedom
AIC: 124.33

Number of Fisher Scoring iterations: 14

```

Figura 37 Regresión logística de la variable comorbilidades

Anexo 4.4: Resultados de modelos multinomiales

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-6.073e-05 -2.100e-08 -2.100e-08 -2.100e-08  5.331e-05

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -4.132e+02  1.172e+06  0.000   1.000
Edad.meses    -3.189e+00  8.061e+04  0.000   1.000
Peso.kg       -2.120e+01  4.313e+04  0.000   1.000
leucocitos    -1.404e+00  9.160e+03  0.000   1.000
neutrofilos   1.527e+00  4.761e+03  0.000   1.000
eosinofilos   9.736e+00  5.247e+04  0.000   1.000
Hematocrito   8.736e-01  5.646e+03  0.000   1.000
CMHC          1.574e+00  1.770e+04  0.000   1.000
VCM           9.666e-01  1.976e+04  0.000   1.000
Hemoglobina  -1.317e+00  1.836e+04  0.000   1.000
Porcentaje.deshidratacion  3.535e+01  3.710e+04  0.001   0.999
caracteristica.hipoglucemia  9.035e-01  2.149e+05  0.000   1.000
caracteristica.comorbilidad -2.114e+01  4.992e+04  0.000   1.000

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 1.2958e+02 on 164 degrees of freedom
Residual deviance: 1.9487e-08 on 152 degrees of freedom
AIC: 26

```

Figura 38 Modelo multinomial 1

```

Call:
glm(formula = caracteristica.estado.del.paciente ~ neutrofilos +
    caracteristica.comorbilidad + Porcentaje.deshidratacion,
    family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.824   0.000   0.000   0.000   2.253

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   -3.365e+02  7.098e+04 -0.005   0.996
neutrofilos   -1.604e-01  1.970e-01 -0.814   0.416
caracteristica.comorbilidad1 -6.765e+01  1.577e+04 -0.004   0.997
caracteristica.comorbilidad2 -4.665e+01  2.166e+05  0.000   1.000
caracteristica.comorbilidad5 -8.695e+01  2.016e+04 -0.004   0.997
Porcentaje.deshidratacion   3.720e+01  7.887e+03  0.005   0.996

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 129.583 on 164 degrees of freedom
Residual deviance: 18.366 on 159 degrees of freedom
AIC: 30.366

Number of Fisher Scoring iterations: 24

```

Figura 39 Modelo multinomial 2

