



**INEI**  
Instituto Nacional de  
Enfermedades Infecciosas  
"Dr. Carlos G. Malbrán"



**ANLIS  
MALBRÁN**  
ADMINISTRACIÓN NACIONAL DE LABORATORIOS  
E INSTITUTOS DE SALUD "DR. CARLOS G. MALBRÁN"

# MANUAL DE INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS DE INTÉRÉS MÉDICO POR MALDI- TOF (MALDI Biotyper – Bruker Daltonics)

**CONSTANZA G. TAVERNA, MATIAS E. VIVOT,  
BARBARA A. ARIAS, CRISTINA E. CANTEROS  
ANLIS-INEI DR. CARLOS G. MALBRAN,  
DEPARTAMENTO MICOLOGÍA**

CABA, ARGENTINA, 2021

Taverna CG, Vivot ME, Arias BA, Canteros CE. Manual de interpretación de resultados para la identificación de levaduras de interés médico por MALDI-TOF (MALDI Biotyper – Bruker Daltonics). Ciudad Autónoma de Buenos Aires: ANLIS Dr.C.G.Malbrán, 2021.

Disponible en: <http://sgc.anlis.gob.ar/handle/123456789/2417>

**“Este recurso es el resultado del financiamiento otorgado por el Estado Nacional, por lo tanto queda sujeto al cumplimiento de la Ley N° 26.899 y la política de gestión del conocimiento de la ANLIS”.**



[Este obra está bajo una Licencia Creative Commons Attribution 4.0 International \(CC BY 4.0\)](#)

# **MANUAL DE INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS DE INTERÉS MÉDICO POR MALDI-TOF (MALDI BIOTYPER – BRUKER DALTONICS)**

**Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina, 2021**

## Contenido

TABLA DE CONTENIDO O ÍNDICE .....	<b>iError! Marcador no definido.</b>
INTRODUCCIÓN .....	6
OBJETIVOS .....	9
METODOLOGÍA .....	10
Consideraciones generales en la identificación de levaduras por MALDI-TOF .....	14
RESULTADOS .....	15
Tabla 1. Listado por especie de levaduras de la división <i>Ascomycota</i> en la base LevDMic versión 2 .....	16
Tabla 2. Listado por especies de levaduras división <i>Basidiomycota</i> en la base LevDMic versión 2 .....	17
Tabla 3. Resultados de identificación utilizando la base de datos extendida de levaduras de la división <i>Ascomycota</i> .....	18
Tabla 4. Resultados de identificación utilizando la base de datos extendida de levaduras de la división <i>Basidiomycota</i> .....	20
Tabla 5. Resultados de identificación de los complejos <i>Cryptococcus gattii</i> y <i>Cryptococcus neoformans</i> utilizando la base de datos LevDMic versión 2 .....	21
RECOMENDACIONES PARA LA IDENTIFICACION DE LEVADURAS .....	22
1. DIVISIÓN ASCOMYCOTA .....	22
<i>Blastobotrys</i> .....	22
<i>Candida</i> .....	22
<i>Clavispora</i> .....	26
<i>Cyberlindnera</i> .....	26
<i>Debaryomyces</i> .....	27
<i>Diutina</i> .....	27
<i>Hanseniaspora</i> .....	28
<i>Geotrichum</i> .....	28
<i>Kazachstania</i> .....	29
<i>Kluyveromyces</i> .....	29
<i>Kodamaea</i> .....	30
<i>Lodderomyces</i> .....	30
<i>Magnusiomyces</i> .....	30
<i>Metschnikowia</i> .....	31
<i>Meyerozyma</i> .....	31
<i>Ogataea</i> .....	31
<i>Pichia</i> .....	31
<i>Saccharomyces</i> .....	33

<i>Starmerella</i> .....	33
<i>Trichomonascus</i> .....	34
<i>Wickerhamiella</i> .....	34
<i>Wickerhamomyces</i> .....	34
<i>Yarrowia</i> .....	35
<i>Zygosaccharomyces</i> .....	35
<b>2. DIVISIÓN BASIDIOMYCOTA</b> .....	<b>36</b>
<i>Apiotrichum</i> .....	36
<i>Bulleromyces</i> .....	37
<i>Cryptococcus</i> .....	37
<i>Cutaneotrichosporon</i> .....	38
<i>Cystobasidium</i> .....	39
<i>Filobasidium</i> .....	40
<i>Hannaella</i> .....	40
<i>Malassezia</i> .....	40
<i>Moesziomyces</i> .....	41
<i>Naganishia</i> .....	42
<i>Papiliotrema</i> .....	43
<i>Rhodotorula</i> .....	44
<i>Sporobolomyces</i> .....	44
<i>Sterigmatomyces</i> .....	45
<i>Trichosporon</i> .....	45
<i>Vanrija</i> .....	47
CONCLUSIONES .....	48
BIBLIOGRAFÍA.....	49
ANEXO 1 Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Ascomycota</i> .....	54
ANEXO 2 Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Basidiomycota</i> .....	57

## INTRODUCCIÓN

La identificación definitiva convencional de levaduras, basada en las características morfológicas, fisiológicas y bioquímicas de las mismas, fue considerada por mucho tiempo la técnica de referencia para identificación de levaduras. Sin embargo, con el auge de las técnicas moleculares y la utilización de estas técnicas en la identificación y clasificación de levaduras, se demostró que la identificación convencional no era suficiente para la correcta diferenciación de especies. Además, se describieron un gran número de nuevas especies que no era diferenciables por sus características fenotípicas de otras especies cercanas filogenéticamente. Hoy en día la técnica de referencia para la identificación de levaduras se basa en la secuenciación del ADN ribosomal, y, en algunos casos, en otros genes; sin embargo, éstas técnicas moleculares son costosas, requieren tiempo y personal especializado, por lo que en general están restringidas a laboratorios de referencia.

La técnica de MALDI-TOF MS revolucionó la identificación de los microorganismos ya que permite la identificación de una amplia variedad de géneros y especies de forma muy rápida, sencilla, con muy buena especificidad y es aplicable en los laboratorios clínicos. Esta técnica demostró ser útil en la identificación precisa de un gran número de levaduras; inclusive es capaz de diferenciar algunos grupos de especies relacionadas que no pueden ser diferenciadas por sus características fenotípicas. Sin embargo, esta técnica también tiene sus limitaciones, las cuales que deben ser tenidas en cuenta a la hora de informar un resultado. De aquí surge la necesidad de determinar la eficiencia de la técnica en la identificación de distintos microorganismo con el fin de diseñar recomendaciones que permitan a los laboratorios clínicos dar informes precisos y confiables.

### Consideraciones sobre la nomenclatura y taxonomía de las levaduras:

Debido a la utilización de las técnicas de biología molecular en los últimos años ha sido posible establecer de manera más certera las relaciones evolutivas de las levaduras. Esto ha llevado tanto a la reclasificación de una amplia variedad de especies en base a sus relaciones filogenéticas así como a la descripción de un amplio número de nuevas especies crípticas, que antes nos podían diferenciarse de otras por sus características fenotípicas. En 2011 se consensó cambiar el código internacional de nomenclatura binomial (estado sexual con un nombre y estado asexual con otro) utilizada para los hongos, a una nomenclatura uninomial, donde se acepta un solo nombre, sin importar el estado sexual en el que se encuentre. [1]

Dentro de las levaduras de la división *Ascomycota*, el género *Candida* involucra un gran número de especies de importancia clínica y es el género de levaduras aislado con mayor frecuencia en infecciones fúngicas humanas. Sin embargo, debemos tener en cuenta que éste género ha sufrido grandes cambios en su nomenclatura y taxonomía. Esto se debe a que el género *Candida* fue creado como un género que involucraba especies de levaduras anamórficas o asexuales con caracteres fenotípicos que no permitían clasificarlas en otros géneros. Luego, con la utilización de las técnicas de biología molecular, fue posible conocer las relaciones filogenéticas de estas especies y clasificarlas en nuevos géneros o en géneros ya descritos. Por lo expuesto, en esta guía observaremos que una amplia variedad de especies, que antes eran clasificadas como pertenecientes al género *Candida*, ahora pertenecen a otros géneros como: *Clavispora*, *Cyberlindnera*, *Debaryomyces*, *Diutina*, *Kodamaea*, *Kluyveromyces*, *Meyerozyma*, *Pichia*, *Starmerella*, *Wickerhamiella*, *Wickerhamomyces*, *Yamadazyma*, entre otros.

De igual manera, las levaduras de la división *Basidiomycota*, sufrieron un gran número de cambios taxonómicos y de nomenclaturas en los últimos años. Aquí nombraremos solamente las de mayor relevancia en clínica humana:

- La especie formal *Cryptococcus gattii* fue re-clasificada en cinco especies que sólo pueden ser

diferenciadas por técnicas de biología molecular: *Cryptococcus gattii sensu stricto*, *Cryptococcus deuterogattii*, *Cryptococcus bacillisporus*, *Cryptococcus tetragattii* y *Cryptococcus decagattii*. Por otro lado, la especie formal *Cryptococcus neoformans* fue re-clasificada en dos especies que sólo pueden ser diferenciadas por técnicas de biología molecular: *Cryptococcus neoformans* (antes *C. neoformans* var. *grubii*) y *Cryptococcus deneoformans* (antes *C. neoformans* var. *neoformans*). Además, debemos considerar la existencia de híbridos *C. neoformans* x *C. deneoformans*, así como la existencia de híbridos *C. deneoformans* x *C. gattii*, *C. neoformans* x *C. gattii* y *C. neoformans* x *C. deuterogattii*. [2]

- La clase *Tremellomycetes* sufrió una profunda revisión, la que incluyó cambios en los géneros formales *Cryptococcus* y *Trichosporon*. Las especies de importancia clínica dentro del antiguo género *Cryptococcus* fueron clasificadas en los géneros *Cryptococcus*, *Cutaneotrichosporon*, *Filobasidium*, *Naganishia*, *Papiliotrema* y *Vanrija*. Las especies de importancia clínica dentro del antiguo género *Trichosporon* fueron clasificadas en los géneros *Apiotrichum*, *Cutaneotrichosporon* y *Trichosporon*. [3]
- La subdivisión *Pucciniomycotina* también tuvo una profunda revisión, con cambios en el género formal *Rhodotorula*. Las especies de importancia clínica dentro de este género fueron clasificadas en los géneros *Cystobasidium* y *Rhodotorula*. [4]

**En esta guía utilizaremos la nueva nomenclatura de las levaduras y entre paréntesis la nomenclatura antigua. También utilizaremos el término "Complejo" o "Complejo de especies" para referirnos a grupos de especies crípticas o hermanas que fueron descriptas como tales debido a su alta cercanía filogenética y que no pueden diferenciarse por los métodos fenotípicos convencionales.**

## JUSTIFICACIÓN

La red nacional de espectrometría de masa (RENAEM) se creó con el propósito de compartir experiencias, formar grupos de trabajo colaborativos y transferir actualizaciones desarrolladas por los laboratorios de referencia nacionales para generar homogeneidad y excelencia en diagnósticos oportunos y confiables, y así mejorar la eficiencia y efectividad del sistema de salud. En este marco, el Departamento Micología del ANLIS-INEI "Dr. Carlos G. Malbrán" ha desarrollado y validado, junto con otros laboratorios participantes de la RENAEM, una base de datos complementaria al sistema MALDI Biotyper, llamada LevDMic, con cepas regionales de levaduras de importancia clínica. Esta base complementaria permitió una mejora en los valores de "score" obtenidos en la identificación de levaduras posibilitando así la identificación de un mayor número de aislados así como la identificación de especies con poca o ninguna representación en las bases de datos del proveedor. [5] Esta base, la cual ya se encuentra en su segunda versión, es de acceso gratuito y fue transferida a varios laboratorios del país así como a laboratorios de referencia de otros países de Latinoamérica con el objetivo de socializar los conocimientos y las mejoras alcanzadas en nuestro laboratorio. Este manual pretende ser una ayuda en la interpretación de los resultados obtenidos por el equipo MALDI Biotyper de Bruker Daltonics para consultar de forma sencilla y rápida los alcances de la técnica en la identificación de levaduras de interés médico.



## OBJETIVOS

El objetivo de este manual es presentar la base de datos LevDMic versión 2, su validación y proporcionar información sobre la interpretación de los resultados obtenidos en la identificación de especies de levaduras utilizando el equipo MALDI Biotyper de Bruker Daltonics. Las recomendaciones de este documento están basadas en la experiencia del Departamento Micología del ANLIS-INEI "Dr. Carlos G. Malbrán" en la utilización de este equipo para la identificación de levaduras de origen clínico y usando la base de datos extendida (la del proveedor MBT 8468 y la realizada "in-house" LevDMic versión 2). En algunos casos, donde nuestra evidencia es escasa o ninguna, se incluyó información obtenida de búsquedas bibliográficas.

Se presentan aquí también el listado de cepas incluidas en la base LevDMic versión 2 (**Tabla 1 y 2**) y los resultados de validación de la base extendida (**Tabla 3 y 4**). En esta nueva versión, hemos estudiado la identificación de las especies de los complejos *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* utilizando la base LevDMic versión 2. Los resultados se presentan en el **Tabla 5** y se discuten en la sección correspondiente a recomendaciones para la identificación de los complejos.

Finalmente, presentamos las recomendaciones de como informar y en qué casos confirmar por el método de referencia los resultados de identificación obtenidos por la técnica MALDI-TOF (**Anexos 6 y 7**).

Se incluye dentro de las recomendaciones y de forma resumida el método de referencia para la identificación cada grupo taxonómico. En general se utiliza la secuenciación de la región ITS1-5S-ITS2 (regiones ITS) del ADN ribosomal; cuando estas regiones ITS no son lo suficientemente informativas para diferenciar entre especies cercanas se recurre a la secuenciación de otras regiones; como por ejemplo: el dominio D1/D2 del 26s o la región IGS1 del ADN ribosomal, o secuencias parciales de los genes *ACT1*, *TEF1 $\alpha$* , *RPB1*, *RPB2*, entre otros. Para los complejos *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* la identificación de referencia se realiza utilizando la técnica de PCR-RFLP del gen *URA5* y la técnica de tipificación por secuenciación de multilocus (MLST) cuando fuese necesario.

## METODOLOGÍA

La identificación de levaduras puede realizarse a partir de un cultivo fresco y puro en placas con medio de cultivo como Sabouraud (SDA), YM o CHROMagar Candida plus. El cultivo se realiza a temperaturas entre 30 y 37 °C durante un período de 24 a 72 h.

Previo a la identificación, es necesario realizar una extracción proteica que puede realizarse *in-situ* con ácido fórmico al 100% o al 70%, o en tubo con alcohol etílico-ácido fórmico-acetonitrilo. La extracción *in-situ* suele ser suficiente para levaduras de origen clínico y este tipo de extracción es de preferencia debido a su rapidez (2-5 min). En algunos casos puede ser necesaria una extracción en tubo; la cual requiere más trabajo y tiempo (40-50 min). La base de datos LevDMic fue validada utilizando la extracción *in-situ* con ácido fórmico al 100 %.

### PREPARACIÓN DE MATERIALES Y REACTIVOS

#### Preparación de palillos de madera

Los palillos se esterilizan dentro de tubos de vidrio en autoclave a 121 °C durante 15 min.

#### Limpieza de la placa de MALDI-TOF

Muy importante: trabajar en cabina de extracción de gases con guantes de nitrilo. El ácido trifluoroacético es muy corrosivo.

1. Transferir la placa de acero para MALDI-TOF a una placa de Petri de vidrio.
2. Cubrir la superficie de la placa de acero con etanol 70% y dejar 5 min.
3. Remover la placa de acero y enjuagarla con abundante agua desionizada.
4. Limpiar la placa de acero con una servilleta embebida en etanol 70%.
5. Enjuagar la placa de acero con agua desionizada nuevamente y secar con una servilleta
6. Cubrir la superficie de la placa de acero con 100 ul de ácido trifluoroacético 80% y limpiar con una servilleta.
7. Enjuagar la placa de acero con agua desionizada nuevamente y secar con una servilleta.
8. Dejar secar la placa de acero completamente durante 15 min a temperatura ambiente antes de usar.

#### Preparación de solvente orgánico

Muy importante: trabajar en cabina de extracción de gases y con guantes de nitrilo. El acetonitrilo es altamente inflamable y el ácido trifluoroacético es muy corrosivo. Todos los productos utilizados son de calidad HPLC.

La preparación del solvente orgánico se debe realizar en el momento previo a su utilización. En un tubo tipo Eppendorf de 1,5 – 2,0 ml, agregar respetando el siguiente orden:

	Para 300 µl (Para la matriz)	Para 75 µl (Para el BTS)
Agua	142,5 µl	35,6 µl
Ácido trifluoroacético	7,5 µl	1,9 µl
Acetonitrilo*	150 µl	37,5 µl

\* Mantener tapado el acetonitrilo el mayor tiempo posible ya que es altamente volátil y su evaporación puede perjudicar la concentración del solvente.

### Preparación de BTS (reconstitución y almacenamiento)

Bacterial Test Standard (BTS) marca BRUKER, Producto nro. 255343.

1. Agregar al BTS 50 µl de solvente orgánico preparado en el momento.
2. Disolver mediante pipeteo suave 20 veces, evitando generar burbujas.
3. Dejar reposar a temperatura ambiente por 5 min.
4. Resuspender nuevamente mediante pipeteo suave 20 veces.
5. Alicuotar 5 µl por tubo, en tubos de 200 µl o 1,5 mL. Guardar a -18 °C hasta 5 meses. Una vez descongelado, descartar.
6. Rotular la caja en donde se almacenan los tubos con número de lote del BTS y fecha de reconstitución.

### Preparación de matriz (reconstitución y almacenamiento)

HCCA (Matrix) marca BRUKER, Producto nro. 255344.

1. Agregar a la matriz 250 µl de solvente orgánico preparado en el momento.
2. Agitar con vórtex durante 1 min, hasta no observar cristales.
3. Rotular el tubo con la fecha de reconstitución.
4. Conservar al abrigo de la luz a temperatura ambiente.
5. Agitar con vórtex antes de usar.

NOTA: Si se observa formación de cristales, agregar 30 µl de acetonitrilo calidad HPLC y agitar con vórtex. Preparar nueva matriz si los cristales no se disuelven ó centrifugar a 13.000 – 15.000 rpm durante 2 min y usar el sobrenadante.

### EXTRACCIÓN DE PROTEÍNAS Y SIEMBRA DE LAS MUESTRAS

La extracción de proteínas puede hacerse mediante extracción directa en placa o por extracción en tubo, en cabina de seguridad biológica tipo 2.

Registrar en la fecha y la posición de cada muestra en la placa en un formulario destinado para ello. Es conveniente registrar el operario, el número de la placa, nombre del archivo generado durante la corrida, lote de BTS y el lote de la matriz utilizado.

#### Procedimiento de extracción directa en placa:

1. Tomar con un palillo de madera una mínima cantidad de cultivo de medio Sabouraud, YM o CHROM y colocar una lámina de la muestra en dos posiciones sobre la placa de MALDI-TOF.
2. Sobre el cultivo, colocar 1µl de ácido fórmico 100%, sin tocar con la punta de la pipeta, y dejar secar a temperatura ambiente. Si se toca el cultivo con la punta de la pipeta, cambiar.
3. Luego colocar 1µl de matriz (ver preparación de matriz), sin tocar con la punta de la pipeta., y dejar secar a temperatura ambiente. Si se toca el cultivo con la punta de la pipeta, cambiar.

#### Procedimiento de extracción en tubo:

1. Tomar con un palillo de madera una mínima cantidad de la colonia del medio de cultivo utilizado y realizar una suspensión en un tubo tipo Eppendorf de 1,5 a 2 ml con 300 µl agua calidad HPLC. Agitar con vórtex vigorosamente.
2. Agregar 900 µl de etanol puro calidad HPLC. Agitar con vórtex vigorosamente.
3. Centrifugar a máxima velocidad (13.000-15.000rpm) durante 2 min.
4. Eliminar el sobrenadante.
5. Centrifugar a máxima velocidad (13.000-15.000rpm) durante 2 min.
6. Remover el exceso de etanol con pipeta.
7. Dejar evaporar el etanol restante a temperatura ambiente (**no deben quedar residuos de etanol**).
8. Agregar 50 µl de ácido fórmico 70% calidad HPLC.
9. Agitar con vórtex vigorosamente y dejar reposar durante 5 min.
10. Agregar 50 µl de acetonitrilo calidad HPLC. Agitar con vórtex vigorosamente.
11. Centrifugar a máxima velocidad (13.000-15.000rpm) durante 2 min.
12. Tomar 1 µl de sobrenadante y sembrar en la placa de MALDI-TOF. Evitar tocar el pellet con el tip.
13. Dejar secar a temperatura ambiente
14. Colocar 1µl de matriz y dejar secar a temperatura ambiente.

#### SIEMBRA DE BTS

1. En la placa de acero se debe incluir BTS para calibrar el equipo. Para ello, descongelar uno de los tubos con 5 µl de BTS fraccionado y colocar 1 µl en cada posición (generalmente 3-5 posiciones).
2. Dejar secar a temperatura ambiente.
3. Colocar 1µl de matriz y dejar secar a temperatura ambiente.

#### LECTURA DE LA PLACA DE MALDI-TOF

1. Introducir la placa en el equipo y realizar la calibración siguiendo las indicaciones del proveedor.
2. Realizar la lectura de las muestras siguiendo las indicaciones del proveedor
3. Si no se obtiene un espectro o se obtienen resultados con valores de score <1.700, repetir la lectura de esos pocillos. Si en la repetición nuevamente no se obtiene un espectro o se obtienen resultados con valores de score <1.700, realizar un subcultivo y repetir la identificación. En este último caso considerar que puede ser necesario realizar una extracción proteica en tubo.
4. Realizar el análisis de los resultados obtenido

## **CONTROL DE CALIDAD**

Deben realizarse controles negativos en cada corrida de identificación para asegurar que tanto la matriz, el ácido fórmico y la placa no se encuentren contaminados. Estos controles deben realizarse en lugares diferentes de la placa en las distintas corridas para asegurar el correcto lavado de las mismas.

## Consideraciones generales en la identificación de levaduras por MALDI-TOF

**Score:** según la recomendación del fabricante es necesario obtener un score  $\geq 2.000$  para una buena identificación a nivel de especie de levaduras. Sin embargo, la utilización de un score de 1.700 es ampliamente aceptada y permite obtener un mayor número de identificaciones sin un cambio significativo de la especificidad. [5,6]

**TOP 10 (lista de los 10 mejores scores):** se debe observar siempre el Top 10. Si se observa más de una especie en el TOP 10 con un score  $\geq 1.700$  y esas especies están relacionadas filogenéticamente podría indicar que el MALDI-TOF no puede diferenciar correctamente estas especies. Si se observa más de una especie en el TOP 10 con un score  $\geq 1.700$  y esas especies no están relacionadas, puede deberse a que el cultivo no se encuentre puro. En ese caso se debe chequear la pureza del cultivo y repetir la identificación. También puede sospecharse que la placa utilizada no fue correctamente lavada y está contaminada.

**Confirmación de la identificación:** cuando se identifica una especie rara o infrecuente y no se posea suficiente información sobre la capacidad del MALDI-TOF para identificarla correctamente, se debe confirmar la identificación por el método de referencia. En los casos en que el MALDI-TOF no pueda diferenciar correctamente especies relacionadas también debemos confirmar la especie por secuenciación del ADN; generalmente, se realiza la secuenciación de la región ITS1-5.8s-ITS2 del ADN ribosomal. Ésta región no siempre es suficiente para diferenciar entre especies cercanas genéticamente y puede ser necesario secuenciar el dominio D1/D2 del 26s, la región IGS1, o también genes codificadores de proteínas como por ejemplo *ACT1*, *TEF1*, *RIBO*, entre otros. Para los complejos *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* la identificación de referencia se realiza utilizando la técnica de PCR-RFLP del gen *URA5* y la técnica de tipificación por secuenciación de multilocus (MLST) cuando fuese necesario.

**Características morfológicas:** la identificación definitiva de levaduras debe incluir la visualización de las características morfológicas del cultivo, macro- y micro-morfología, las cuales deben ser concordantes con el resultado obtenido por la técnica MALDI-TOF.

## RESULTADOS

### Levaduras de la división *Ascomycota*

Se identificaron por los métodos de referencia un total de 543 aislados, pertenecientes a 53 especies de levaduras. Del total, 526 aislados (96,9 %) fueron correctamente identificados a nivel de especies por MALDI-TOF MS utilizando la base de datos extendida (LevDMic v2 + BDAL 8468) teniendo en cuenta no sólo el primer mejor score sino también el TOP10 de mejores scores. La diferenciación entre especies cercanas genéticamente relacionadas fue buena para el complejo *Candida albicans/Candida dubliniensis*, el complejo *Candida glabrata* y el complejo *Candida parapsilosis*. La diferenciación entre especies relacionadas no fue buena para el complejo *Debaryomyces hansenii (Candida famata)*, el complejo *Diutina rugosa (Candida rugosa)*, el complejo *Kazachstania telluris*, y entre las especies *Meyerozyma caribbica (Candida fermentati)* y *Meyerozyma carphophila (Candida carphophila)* dentro del complejo *Meyerozyma guilliermondii (Candida guilliermondii)*. Dentro del complejo *Candida haemulonii* no fueron correctamente diferenciadas *C. haemulonii* and *C. haemulonii var vulnera*. Tres aislados (0,5%) fueron identificados erróneamente, 1 aislado de *Candida vulturna* fue identificado como *Candida pseudohaemulonii* y 2 aislados de *Zygosaccharomyces parabailii* fueron identificados como *Zygosaccharomyces bailii*. Un total de 14 aislados (2,6 %) no fueron identificados por MALDI-TOF MS, entre estos, 8 eran especies no representadas en las bases de datos y los 6 restantes pertenecían a las siguientes especies presentes en las bases de datos: *Candida metapsilosis*, *Magnusiomyces clavatus*, *Pichia cactophila*, *Pichia kluyveri* y *Wickerhamomyces onychis*.

### Levaduras de la división *Basidiomycota*:

Un total de 197 aislados pertenecientes a 25 especies y a los complejos de especies *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* fueron identificados por el método de referencia. De éstos, 176 aislados (89,3 %) fueron identificados correctamente por MALDI-TOF MS. Nueve aislados (4,6 %) fueron identificados erróneamente, 4 aislados de *Cutaneotrichosporon dermatis* fueron identificados como *Cutaneotrichosporon mucoides*, 4 aislados de *Papiliotrema terrestre* fueron identificados como *Papiliotrema flavescens*, y 1 aislado de *Naganishia albidosimilis* fue identificado como *Naganishia diffluens*. Un total de 12 aislados (6,1 %) pertenecientes a 5 especies no fueron identificados por MALDI-TOF MS, 1 era una especie no representadas en las bases de datos, los restantes 11 aislados pertenecían a las siguientes especies presentes en las bases de datos: *Cutaneotrichosporon jirovecii*, *Moesziomyces aphidis*, *Moesziomyces hubeiensis* y *Sterigmatomyces elviae*.

### Diferenciación de las especies dentro de los Complejos *C. neoformans/C. gattii*

La diferenciación entre el complejo *C. neoformans* y el complejo *C. gattii* fue buena. Sin embargo, dentro del complejo *C. gattii* no se obtuvo una buena diferenciación entre las distintas especies incluidas en el estudio. Dentro del complejo *C. neoformans* se obtuvo una buena diferenciación entre *C. neoformans* y *C. deneoformans* o híbridos, pero la especie *C. deneoformans* no pudo ser correctamente diferenciada de los híbridos.

A continuación se presentan la base de datos LevDMic versión 2 (**Tabla 1 y 2**) y los resultados de validación con la base de datos extendida (MBT 8468 + LevDMic v2) en las **Tablas 3 y 4**. También se presenta de forma separada el análisis de la performance de la base LevDMic v2 en la diferenciación de las especies dentro de los Complejos *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* (**Tabla 5**).

**Tabla 1. Listado por especie de levaduras de la división *Ascomycota* en la base LevDMic versión 2**

<b>Especies</b>	<b>No. Total de cepas (No. cepas de referencia)</b>
<i>Candida albicans</i>	10 (1)
<i>Candida blankii</i> <sup>a</sup>	1
<i>Candida bracarensis</i>	2
<i>Candida dubliniensis</i>	5
<i>Candida duobushaemulonii</i>	2
<i>Candida ethanolica</i> <sup>a</sup>	1
<i>Candida glabrata</i>	5 (1)
<i>Candida haemulonii</i> <sup>b</sup>	3 (1)
<i>Candida haemulonii</i> var. <i>vulnera</i>	1
<i>Candida intermedia</i>	1
<i>Candida metapsilosis</i> <sup>b</sup>	5
<i>Candida nivariensis</i>	3
<i>Candida orthopsilosis</i> <sup>b</sup>	4
<i>Candida parapsilosis</i>	12 (1)
<i>Candida pseudohaemulonii</i> <sup>a</sup>	1
<i>Candida tropicalis</i>	8 (1)
<i>Candida viswanathii</i>	1
<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	9
<i>Cyberlindnera fabianii</i>	1
<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> ) <sup>a</sup>	2
<i>Debaryomyces fabryi</i>	1
<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> )	5
<i>Debaryomyces nepalensis</i>	1
<i>Debaryomyces tyrocola</i> <sup>a</sup>	1
<i>Diutina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	1
<i>Diutina neorugosa</i> ( <i>Candida neorugosa</i> ) <sup>b</sup>	2
<i>Kzaschstania bovina</i> <sup>a</sup>	1
<i>Kzaschstania heterogenica</i> <sup>a</sup>	1
<i>Kzaschstania slooffiae</i> <sup>a</sup>	1
<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefyri</i> )	4 (1)
<i>Kodamaea ohmeri</i>	2
<i>Lodderomyces elongisporus</i> <sup>a</sup>	1
<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> ) <sup>b</sup>	2
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	11 (1)
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	5
<i>Meyerozyma carpophila</i> ( <i>Candida carpophila</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Ogataea polymorpha</i>	1
<i>Pichia kudriavzevii</i> ( <i>Candida krusei</i> )	5 (1)
<i>Pichia cactophila</i> ( <i>Candida inconspicua</i> ) <sup>b</sup>	2
<i>Pichia manshurica</i>	1
<i>Pichia membranifaciens</i> ( <i>Candida valida</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Pichia norvegensis</i> ( <i>Candida norvegensis</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> <sup>b</sup>	3 (1)
<i>Starmerella sorbosivorans</i> ( <i>Candida sorbosivorans</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> )	6
<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i> ( <i>Pichia myanmarensis</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	1
<i>Zygosaccharomyces rouxii</i>	1
<b>Total</b>	<b>142 (9)</b>

<sup>a</sup> especies nuevas agregadas en la base LevDMic versión 2

<sup>b</sup> cepas nuevas agregadas en la base LevDMic versión 2



**Tabla 2. Listado por especies de levaduras división *Basidiomycota* en la base LevDMic versión 2**

<b>Especies</b>	<b>No. Total de cepas (No. cepas de referencia)</b>
<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Bulleromyces albus</i>	1
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus gattii</i> ) <sup>b</sup>	6 (1)
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus deuteroformans</i> ) <sup>b</sup>	6 (1)
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus bacillisporus</i> ) <sup>b</sup>	2
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus tetragattii</i> )	1 (1)
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus decagattii</i> ) <sup>a</sup>	2
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus neoformans</i> )	12 (2)
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex ( <i>Species Cryptococcus deneoformans</i> ) <sup>b</sup>	6 (1)
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (Hybrid VNIII) <sup>b</sup>	2 (1)
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (Hybrid VNII-VNIV) <sup>a</sup>	5
<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Trichosporon curvatum</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Cystobasidium minumtum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Filobasidium uniguttulatus</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Malassezia furfur</i> <sup>a</sup>	1
<i>Malassezia pachydermatis</i> <sup>a</sup>	1
<i>Malassezia sympodialis</i> <sup>a</sup>	1
<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	1
<i>Moesziomyces hubeiensis</i> ( <i>Pseudozyma hubeiensis</i> )	1
<i>Naganishia albida</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> ) <sup>a</sup>	1
<i>Papilliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	1 (1)
<i>Sterigmatomyces elviae</i> <sup>a</sup>	1
<i>Trichosporon asahii</i> <sup>b</sup>	14
<i>Trichosporon coremiiforme</i> <sup>a</sup>	1
<i>Trichosporon faecale</i> <sup>a</sup>	1
<i>Trichosporon inkin</i> <sup>a</sup>	3
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i> <sup>b</sup>	4
<b>Total</b>	<b>80 (8)</b>

<sup>a</sup> nuevas especies o híbridos agregados en la base LevDMic versión 2

<sup>b</sup> nuevas cepas agregadas en la base LevDMic versión 2

**Tabla 3. Resultados de identificación utilizando la base de datos extendida de levaduras de la división *Ascomycota***

Especies	Nro de cepas	ID Correcta	ID Incorrecta	No ID	Comentarios
<i>Blastobotrys chiropterorum</i>	1	0	0	1	No se encuentra en la base de datos
<i>Candida albicans</i>	34	34	0	0	Buena diferenciación de <i>C. dubliniensis</i> , pero mala diferenciación de <i>C. africana</i>
<i>Candida auris</i>	4	4	0	0	Buena diferenciación de especies relacionadas
<i>Candida blankii</i>	1	1	0	0	
<i>Candida bracarensis</i>	9	9	0	0	Buena diferenciación de <i>C. glabrata</i> y <i>C. nivariensis</i>
<i>Candida dubliniensis</i>	22	22	0	0	Buena diferenciación de <i>Candida albicans</i>
<i>Candida duobushaemulonii</i>	10	10	0	0	Buena diferenciación de <i>C. haemulonii</i> y <i>C. auris</i> , pero mala diferenciación de <i>C. vulturna</i>
<i>Candida glabrata</i>	23	23	0	0	Buena diferenciación de <i>C. bracarensis</i> y <i>C. nivariensis</i>
<i>Candida haemulonii</i> / var <i>vulnera</i>	32	32	0	0	Buena diferenciación de <i>C. duobushaemulonii</i> y <i>C. auris</i> , pero mala diferenciación de <i>C. haemulonii</i> var <i>vulnera</i>
<i>Candida intermedia</i>	6	6	0	0	
<i>Candida melibiosica</i>	1	0	0	1	No se encuentra en la base de datos
<i>Candida metapsilosis</i>	19	17	0	2	Buena diferenciación de <i>C. parapsilosis</i> y <i>C. orthopsilosis</i>
<i>Candida nivariensis</i>	10	10	0	0	Buena diferenciación de <i>C. bracarensis</i> y <i>C. glabrata</i>
<i>Candida orthopsilosis</i>	21	21	0	0	Buena diferenciación de <i>C. parapsilosis</i> y <i>C. metapsilosis</i>
<i>Candida palmiophila</i>	1	1	0	0	
<i>Candida parapsilosis</i>	43	43	0	0	Buena diferenciación de <i>C. orthopsilosis</i> y <i>C. metapsilosis</i>
<i>Candida sojae</i>	2	2	0	0	
<i>Candida tropicalis</i>	21	21	0	0	
<i>Candida vulturna</i>	1	0	1	0	Mala diferenciación de <i>C. pseudohaemulonii</i> y <i>C. duobushaemulonii</i> . <i>C. vulturna</i> no se encuentra en la base de datos
<i>Candida viswanathii</i>	1	1	0	0	
<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	36	36	0	0	
<i>Cyberlindnera fabianii</i>	13	13	0	0	
<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	2	2	0	0	
<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	3	0	0	3	No se encuentra en la base de datos
<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> )	8	8	0	0	Mala diferenciación de <i>Debaryomyces fabryi</i> y <i>Debaryomyces tyrocola</i>
<i>Debaryomyces nepalensis</i>	1	1	0	0	
<i>Diatina catenulata</i> ( <i>Candida catenulata</i> )	2	2	0	0	
<i>Diatina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	4	4	0	0	Mala diferenciación de <i>Diatina neorugosa</i>

Especies	Nro de cepas	ID Correcta	ID Incorrecta	No ID	Comentarios
<i>Geotrichum candidum</i>	3	3	0	0	2 cepas fueron identificadas como <i>Geotrichum silvicola</i> , esta especie es actualmente considerada sinónimo de <i>Geotrichum candidum</i>
<i>Kazachstania bovina</i>	2	2	0	0	Mala diferenciación de las especies dentro del <i>Kazachstania telluris</i> group.
<i>Kluyveromyces lactis</i> ( <i>Candida sphaerica</i> )	1	1	0	0	
<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefir</i> )	21	21	0	0	
<i>Kodamaea ohmeri</i>	7	7	0	0	
<i>Lodderomyces elongisporus</i>	10	10	0	0	
<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> )	9	9	0	0	
<i>Magnusiomyces clavatus</i> ( <i>saprochaete clavata</i> )	3	2	0	1	Identificación intermedia
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	10	10	0	0	Mala diferenciación de <i>Meyerozyma carpophila</i>
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	29	29	0	0	Buena diferenciación de <i>M. caribbica</i> y <i>M. carpophila</i>
<i>Pichia cactophila</i> ( <i>Candida inconspicua</i> )	12	11	0	1	
<i>Pichia kluyveri</i>	1	0	0	1	Mala identificación
<i>Pichia kudriavzevii</i>	26	26	0	0	
<i>Pichia manshurica</i>	2	2	0	0	
<i>Pichia norvegensis</i> ( <i>Candida norvegensis</i> )	7	7	0	0	
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	14	14	0	0	
<i>Trichomonascus ciferrii</i> complex	2	0	0	2	No se encuentra en la base de datos
<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> )	6	6	0	0	
<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> )	22	22	0	0	
<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i>	2	2	0	0	
<i>Wickerhamomyces onychis</i>	1	0	0	1	No está en las bases de datos
<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	18	18	0	0	
<i>Zygoascus hellenicus</i>	1	0	0	1	No se encuentra en la base de datos
<i>Zygosaccharomyces bailii</i>	1	1	0	0	
<i>Zygosaccharomyces parabailii</i>	2	0	2	0	Mala diferenciación de <i>Z. bailii</i>
Total	543	526	3	14	

ID: Identificación

**Tabla 4. Resultados de identificación utilizando la base de datos extendida de levaduras de la división *Basidiomycota***

Especies	Nro de cepas	ID Correcta	ID Incorrecta	No ID	Comentarios
<i>Apiotrichum montevidense</i> ( <i>Trichosporon montevidense</i> )	5	5	0	0	Mala diferenciación de <i>Apiotrichum domesticum</i>
<i>Apiotrichum mycotoxinivorans</i> ( <i>Trichosporon mycotoxinivorans</i> )	1	1	0	0	
<i>Bulleromyces albus</i>	1	1	0	0	
<i>Cryptococcus gattii species complex</i>	10	10	0	0	Buena diferenciación de <i>Cryptococcus neoformans species complex</i>
<i>Cryptococcus neoformans species complex</i>	95	95	0	0	Buena diferenciación de <i>Cryptococcus gattii species complex</i> .
<i>Cutaneotrichosporon dermatis</i> ( <i>Trichosporon dermatis</i> )	4	0	4	0	Identificadas como <i>C. mucooides</i> ATCC204094; esta cepa fue re-categorizada como <i>C. dermatis</i>
<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i> ( <i>Trichosporon jirovecii</i> )	1	0	0	1	Mala identificación
<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	1	1	0	0	
<i>Filobasidium magnum</i> ( <i>Cryptococcus magnus</i> )	2	2	0	0	
<i>Hannaella luteola</i>	2	2	0	0	
<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	1	1	0	0	
<i>Malassezia pachydermatis</i>	1	1	0	0	
<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	6	4	0	2	Identificación intermedia
<i>Moesziomyces hubeiensis</i> ( <i>Pseudozyma hubeiensis</i> )	4	2	0	2	Identificación intermedia
<i>Naganishia albidosimilis</i> ( <i>Cryptococcus albidosimilis</i> )	1	0	1	0	Mala diferenciación de <i>N. diffluens</i>
<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	3	3	0	0	
<i>Naganishia globosa</i> ( <i>Cryptococcus saitoi</i> )	1	1	0	0	
<i>Papiliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	1	1	0	0	
<i>Papiliotrema terrestri</i> ( <i>Cryptococcus terrestri</i> )	4	0	4	0	Identificadas como <i>P. flavescens</i> CBS8645; esta cepa fue re-categorizada como <i>P. terrestri</i>
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	11	11	0	0	
<i>Sporobolomyces shibatanus</i> ( <i>Sporidiobolus pararoseus</i> )	1	0	0	1	No se encuentra en la base de datos
<i>Sterigmatomyces elviae</i>	7	1	0	6	Mala identificación
<i>Trichosporon asahii</i>	29	29	0	0	
<i>Trichosporon faecale</i>	1	1	0	0	
<i>Trichosporon inkin</i>	4	4	0	0	
Total	197	176	9	12	

ID: Identificación

**Tabla 5. Resultados de identificación de los complejos *Cryptococcus gattii* y *Cryptococcus neoformans* utilizando la base de datos LevDMic versión 2**

Especies	Nro de cepas	ID Correcta	ID Incorrecta	No ID	Comentarios
<b>Complejo <i>Cryptococcus gattii</i></b>					
<i>Cryptococcus gattii</i>	6	6	0	0	Mala diferenciación de otras especies en el complejo <i>C. gattii</i>
<i>Cryptococcus deuterogattii</i>	3	3	0	0	Mala diferenciación de otras especies en el complejo <i>C. gattii</i>
<i>Cryptococcus bacillisporus</i>	1	1	0	0	Mala diferenciación de otras especies en el complejo <i>C. gattii</i>
<b>Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i></b>					
<i>Cryptococcus deneoformans</i>	5	3	2	0	Buena diferenciación de <i>C. neoformans</i> pero mala diferenciación de <i>C. neoformans</i> híbridos
<i>Cryptococcus neoformans</i>	77	77	0	0	Buena diferenciación de <i>C. deneoformans</i> e híbridos
<i>Cryptococcus neoformans</i> híbrido VNIII	3	0	3	0	Buena diferenciación de <i>C. neoformans</i> pero mala diferenciación de <i>C. deneoformans</i> y <i>C. neoformans</i> híbrido VNII/VNIV.
<i>Cryptococcus neoformans</i> híbrido VNII/VNIV	10	4	6	0	Buena diferenciación de <i>C. neoformans</i> pero mala diferenciación de <i>C. deneoformans</i> y <i>C. neoformans</i> híbrido VNIII

## RECOMENDACIONES PARA LA IDENTIFICACION DE LEVADURAS

### 1. DIVISIÓN ASCOMYCOTA

#### ***Blastobotrys***

**Especies:** Las infecciones por este género son muy raras. Se han reportado casos de infección en humanos asociada a las siguientes especies: *Blastobotrys chiropterorum*, *Blastobotrys adenivorans*, *Blastobotrys raffinosisfermentans* y *Blastobotrys proliferans*. Todas las especies son capaces de crecer a 37 °C.

**Identificación por MALDI-TOF:** no están en las bases de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal. La secuenciación de ambas regiones provee una mejor resolución entre especies.

Referencias: [7–9], este estudio

#### ***Candida***

- **Complejo *Candida albicans***

**Especies:** *Candida albicans*, *Candida dubliniensis*, ¿*Candida africana*?\*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica y diferencia correctamente *C. albicans* y *C. dubliniensis*

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida albicans* MBT 8468: 31, LevDMic v2: 11

*Candida dubliniensis* MBT 8468: 16, LevDMic v2: 5

*Candida africana* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

\*Nota: En este manual no consideraremos a *C. africana* como una especie separada de *C. albicans*. La categoría de *C. africana* como una especie separada de *C. albicans* está muy discutida en la comunidad científica, siendo considerada como una variedad de *C. albicans*, la cual es capaz de producir tubo germinativo pero no clamidoconidias. Su diferenciación se realiza mediante PCR del gen *HWP1* [10]. La secuenciación de las regiones ITS y del D1/D2 del ADN ribosomal no son suficientes para su diferenciación. La técnica de MALDI-TOF tampoco permite distinguirlos.

Referencias: [5,11–14], este estudio

- ***Candida auris***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie. Debido a su importancia clínica y epidemiológica, es recomendable confirmar la identificación por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 9, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Nota:** Esta especie está relacionada filogenéticamente a las especies del Complejo *Candida haemulonii*. Los métodos fenotípicos convencionales no permiten diferenciar *C. auris* de estas especies con confianza.[15]

Referencias: [16,17], este estudio

- ***Candida blankii***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 4, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5], este estudio

- ***Candida ethanolica:***

**Identificación por MALDI-TOF:** no hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: este estudio

- ***Complejo Candida glabrata***

**Especies:** *Candida glabrata*, *Candida nivariensis*, *Candida bracarensis*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica y diferencia correctamente las especies *C. glabrata*, *C. nivariensis*, *C. bracarensis*.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida bracarensis* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 2

*Candida glabrata* MBT 8468: 14, LevDMic v2: 5

*Candida nivariensis* MBT 8468: 6, LevDMic v2: 3

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5,18–21], este estudio

- ***Complejo Candida haemulonii***

**Especies del complejo:** *Candida haemulonii*, *Candida haemulonii* var *vulnera*, *Candida duobushaemulonii*, *Candida pseudohaemulonii*, *Candida vulturna*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie *C. haemulonii* pero no diferencia *C. haemulonii* de *C. haemulonii* var *vulnera*. *C. vulturna* no se encuentra en las bases de datos y no hay evidencia suficiente de si la técnica es capaz de diferenciar correctamente entre las especies del complejo. *Candida vulturna* ha sido identificada erróneamente como *C. duobushaemulonii* y *C. pseudohaemulonii*; por lo tanto, la

identificación de *C. duobushaemulonii* no es confiable. La identificación de cualquiera de las especies del complejo debe ser confirmada por el método de referencia debido a la importancia clínica y epidemiológica de este complejo de especies.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida duobushaemulonii* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 2

*Candida haemulonii* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 3

*Candida haemulonii var vulnera* MBT 8468: 4, LevDMic v2: 1

*Candida pseudohaemulonii* MBT 8468: 3, LevDMic v2: 1

*Candida vulturna* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. Puede ser necesaria además la secuenciación del dominio D1/D2 del ADN ribosomal.

Referencias: [5,15,16,22], este estudio

- ***Candida intermedia***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación. La especie relacionada *Candida pseudointermedia* no se encuentra en las bases de datos.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida intermedia* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. La secuenciación del dominio D1/D2 no permite separarla correctamente de *C. pseudointermedia*.

Referencias: [23], este estudio

- ***Candida melibiosica***

**Identificación por MALDI-TOF:** no está en las base de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [24], este estudio

- ***Candida palmioleophila***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación. Las especies relacionadas *Candida manassasensis* y *Candida fluviatilis* no se encuentran en las bases de datos.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida palmioleophila* MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** la secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal no permiten diferenciarla con certeza de *Candida manassasensis* y *Candida fluviatilis*. La secuenciación de EF-1a, RPB1 o RPB2 permite una mejor separación de estas especies.

Referencias: [25–27], este estudio



- ***Complejo Candida parapsilosis***

**Especies:** *Candida parapsilosis*, *Candida orthopsilosis*, *Candida metapsilosis*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica y diferencia correctamente las especies *C. parapsilosis*, *C. orthopsilosis* y *C. metapsilosis*.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Candida metapsilosis* MBT 8468: 7, LevDMic v2: 5

*Candida orthopsilosis* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 4

*Candida parapsilosis* MBT 8468: 18, LevDMic v2: 12

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. La secuenciación del dominio D1/D2 del ADN ribosomal no es suficiente para diferenciar las especies dentro del complejo.

Referencias: [5,28], este estudio

- ***Candida sojae***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29], este estudio

- ***Candida tropicalis***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 18, LevDMic v2: 8

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5], este estudio

- ***Candida viswanathii***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [30]

- ***Candida zeylanoides***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe

confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 10, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29]

### ***Clavispora***

- ***Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 19, LevDMic v2: 9

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5,31,32], este estudio

### ***Cyberlindnera***

- ***Cyberlindnera fabianii***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie. No hay información sobre la diferenciación de especies cercanas. Las especies relacionadas no han sido reportadas en infecciones humanas. Se recomienda la confirmación de la identificación por la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Cyberlindnera fabianii* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 1

*Cyberlindnera mississippiensis* MBT 8468: 5, LevDMic v2: 0

No hay espectros de otras especies cercanas en las bases de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal. La secuenciación del dominio D1/D2 del 26s no es suficientemente informativa para distinguirla correctamente de otras especies cercanas filogenéticamente, como *Cyberlindnera mississippiensis* y *Cyberlindnera amylophila*.

Referencias: [33–36], este estudio

- ***Cyberlindnera jadinii (Candida utilis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 11, LevDMic v2: 2

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [36–38], este estudio

- ***Cyberlindnera rhodanensis***

**Identificación por MALDI-TOF:** no está en las base de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal. La secuenciación de ambas regiones provee una mejor resolución entre especies cercanas, como *Cyberlindnera veronae*.

Referencias: este estudio

### ***Debaryomyces***

- ***Complejo Debaryomyces hansenii (Candida famata)***

**Especies:** *Debaryomyces hansenii (Candida famata)*, *Debaryomyces fabryi*, *Debaryomyces subglobosus (Candida flareri)*, *Debaryomyces maquariensis*, *Debaryomyces prosopidis*, *Debaryomyces maramus*, *Debaryomyces nepalensis*, *Debaryomyces vietnamensis*, *Debaryomyces courdetii*, *Debaryomyces vindobonensis* y *Debaryomyces tyrocola*.

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica a nivel de Complejo *D. hansenii* pero no diferencia con certeza *D. hansenii*, *D. tyrocola* y *D. fabryi*. No hay espectros de referencia de todas las especies en las bases de datos y tampoco hay suficiente evidencia sobre su identificación. La identificación de las especies debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Debaryomyces fabryi* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

*Debaryomyces hansenii* MBT 8468: 3, LevDMic v2: 5

*Debaryomyces nepalensis* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

*Debaryomyces tyrocola* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

No hay espectros de otras especies cercanas en las bases de datos.

**Método de referencia:** la secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal no provee una clara diferenciación de algunas de las especies. En esos casos, se recomienda realizarse también la secuenciación del gen *ACT1*.

Nota: algunas especies no desarrollan a 37 °C.

Referencia: [5,39,40], este estudio

### ***Diutina***

- ***Diutina catenulata (Candida catenulata)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 5, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29], este estudio

- ***Complejo Diutina rugosa (Candida rugosa)***

**Especies:** *Diutina rugosa*, *Diutina neorugosa*, *Diutina pseudorugosa*, *Diutina mesorugosa*\*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica el complejo *Diutina rugosa* pero hay poca evidencia. No diferencia correctamente *D. rugosa* de *D. neorugosa*. No hay espectros de las especies relacionadas *D. pseudorugosa* y *D. mesorugosa* en las bases de datos. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Diutina rugosa* MBT 8468: 5, LevDMic v2: 1

*Diutina neorugosa* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 2

No hay espectros de otras especies cercanas en las bases de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

\*Nota: la categoría de *D. mesorugosa* como una especie separada de *D. rugosa* es discutida por algunos autores

Referencias: [41,42], este estudio

## ***Hanseniaspora***

- ***Hanseniaspora opuntiae***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia de la especie y de especies relacionadas. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Hanseniaspora opuntiae* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

Especies relacionadas que tienen espectro en las bases:

*Hanseniaspora lachancei* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

*Hanseniaspora uvarum* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 0

No hay espectros de otras especies cercanas en las bases de datos.

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y ACT1.

Referencia: [29], este estudio

## ***Geotrichum***

- ***Geotrichum candidum (Galactomyces candidus, Galactomyces geotrichum, Geotrichum silvicola)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. Ha sido identificada como *Geotrichum silvicola* pero *G. silvicola* no es una especie separada de *G. candidum* ya que ha sido reclasificada como sinónimo de *G. candidum*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Geotrichum sp.* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0  
*Geotrichum candidum* MBT 8468: 5, LevDMic v2: 0  
*Geotrichum silvicola* MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [32,37,43], este estudio

### ***Kazachstania***

- ***Complejo Kazachstania telluris***

**Especies:** *Kazachstania telluris*, *Kazachstania bovina* (*Candida bovina*), *Kazachstania pintolopesii* (*Candida pintolopesii*), *Kazachstania slooffiae* (*Candida slooffiae*) y *Kazachstania heterogenica*. Si bien no era considerado un posible patógeno humano, se han descritos algunos casos recientemente. Todas las especies son capaces de crecer a 37 °C.

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente el complejo pero no diferencia correctamente las especies dentro del complejo. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Kazachstania bovina* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1  
*Kazachstania heterogenica* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1  
*Kazachstania pintolopesii* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0  
*Kazachstania slooffiae* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1  
*Kazachstania telluris* MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [44–47], este estudio

### ***Kluyveromyces***

- ***Kluyveromyces marxianus* (*Candida kefyr*)**

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 13, LevDMic v2: 4

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5,29,32], este estudio

- ***Kluyveromyces lactis* (*Candida sphaerica*)**

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 9, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [32,38,48], este estudio

### ***Kodamaea***

- ***Kodamaea ohmeri (Candida guilliermondii var membranifaciens)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 7, LevDMic v2: 2

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias:[29,38,49], este estudio

### ***Lodderomyces***

- ***Lodderomyces elongisporus***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 4, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29,32,50,51], este estudio

### ***Magnusiomyces***

- ***Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum, Blastoschizomyces capitatus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 13, LevDMic v2: 2

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29,32,52,53], este estudio

- ***Magnusiomyces clavatus (Saprochaete clavata)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [52–54], este estudio

## ***Metschnikowia***

- ***Metschnikowia pulcherrima (Candida pulcherrima)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29,55]

## ***Meyerozyma***

- **Complejo *Meyerozyma guilliermondii (Candida guilliermondii)***

**Especies:** *Meyerozyma guilliermondii (Candida guilliermondii)*, *Meyerozyma caribbica (Candida fermentati)*, *Meyerozyma carpophila (Candida carpophila)*

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica y diferencia correctamente *M. guilliermondii* de *M. caribbica* y *M. carpophila* pero no diferencia *M. caribbica* de *M. carpophila*. La identificación de estas dos especies debe confirmarse por la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Meyerozyma guilliermondii* MBT 8468: 14, LevDMic v2: 11

*Meyerozyma caribbica* MBT 8468: 0, LevDMic v2: 5

*Meyerozyma carpophila* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** la secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal identifica y diferencia correctamente *M. guilliermondii* de *M. caribbica* y *M. carpophila* pero no provee una clara diferenciación entre *M. caribbica* de *M. carpophila*. Para ello, se recomienda realizar además la secuenciación del gen *ACT1*.

Referencia: [5,40], este estudio

## ***Ogataea***

- ***Ogataea polymorpha***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

## ***Pichia***

- ***Pichia cactophila (Candida inconspicua)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie. No hay evidencia de la especie cercana. Sin embargo, esta especie no ha sido reportada en infecciones humanas.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Pichia cactophila* MBT 8468: 3, LevDMic v2: 2

*Pichia pseudocactophila* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29,38], este estudio

- ***Pichia fermentans (Candida lambica)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 10, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29,32,37]

- ***Pichia kluyveri***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. En nuestro estudio no pudimos identificar un aislado de esta especie aunque se encuentra en la base de datos. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29], este estudio

- ***Pichia kudriavzevii (Candida krusei)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 17, LevDMic v2: 5

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [5], este estudio

- ***Pichia manshurica***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1



**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. La secuenciación del dominio D1/D2 del 26s puede no proveer una clara diferenciación de especies cercanas.

Referencia: [29,32], este estudio

- ***Pichia membranifaciens (Candida valida)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 8, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. La secuenciación del dominio D1/D2 del 26s puede no proveer una clara diferenciación de especies cercanas.

Referencias: [29,32]

- ***Pichia norvegensis (Candida norvegensis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 8, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [32,37], este estudio

## ***Saccharomyces***

- ***Saccharomyces cerevisiae***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica correctamente la especie.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 13, LevDMic v2: 3

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [5,29,32,48], este estudio

## ***Starmerella***

- ***Starmerella magnoliae (Candida magnoliae)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse por la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: [29]

- ***Starmerella sorbosivorans (Candida sorbosivorans)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse por la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS o D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencias: -.

### ***Trichomonascus***

- **Complejo *Trichomonascus ciferrii (Candida ciferrii, Stephanoascus ciferrii)***

**Especies:** *Trichomonascus ciferrii*, *Trichomonascus allociferrii*, *Candida mucifera*\*

**Identificación por MALDI-TOF:** Hay muy poca evidencia a nivel de complejo y a nivel de especie. En nuestro estudio no logramos la identificación de 2 aislados perteneciente a este complejo a pesar de estar en la base de datos del proveedor. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Trichomonascus allociferrii* MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

*Trichomonascus ciferrii* MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

\*NOTA: *Candida mucifera* ha sido clasificada como sinónimo de *T. ciferrii*

Referencias: [29,37], este estudio

### ***Wickerhamiella***

- ***Wickerhamiella pararugosa (Candida pararugosa)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 9, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal.

Referencia: [29,32,38], este estudio

### ***Wickerhamomyces***

- ***Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa, Pichia anomala)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie correctamente.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 7, LevDMic v2: 6

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal.

Referencia: [5], este estudio

- ***Wickerhamomyces myanmarensis (Pichia myanmarensis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

- ***Wickerhamomyces onychis (Pichia onychis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** no está en las bases de datos. La identificación debe realizarse por la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

## ***Yarrowia***

- ***Yarrowia lipolytica (Candida lipolytica)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie correctamente.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 10, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal.

Referencia: [5,56], este estudio

## ***Zygosaccharomyces***

- ***Complejo Zygosaccharomyces bailii***

**Identificación por MALDI-TOF:** aislados de *Zygosaccharomyces. parabailii* han sido erróneamente identificados como *Zygosaccharomyces bailii*. No hay espectros de referencia en las bases de datos todas las especies del complejo. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:**

***Zygosaccharomyces bailii:*** MBT 8468: 3 LevDMic v2: 0

***Zygosaccharomyces parabailii:*** MBT 8468: 0 LevDMic v2: 0

***Zygosaccharomyces pseudobailii***: MBT 8468: 0 LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [57], este estudio

- ***Zygosaccharomyces rouxii***

**Identificación por MALDI-TOF:** no hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 5, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia:

## 2. DIVISIÓN *BASIDIOMYCOTA*

### *Apiotrichum*

- ***Apiotrichum domesticum (Trichosporon domesticum)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No diferencia correctamente la especie de *Apiotrichum montevidense*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

- ***Apiotrichum montevidense (Trichosporon montevidense)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No diferencia la especie correctamente de *Apiotrichum domesticum*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [58–60], este estudio

- ***Apiotrichum mycotoxinivorans (Trichosporon mycotoxinivorans)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

**Nota:** Se han reportado infecciones por esta especie en muestras pulmonares de pacientes con Fibrosis quística.

Referencia: [59], este estudio

### ***Bulleromyces***

- ***Bulleromyces albus***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

### ***Cryptococcus***

- ***Complejo Cryptococcus gattii***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica el complejo pero no puede diferenciar correctamente a nivel de especie. La identificación a nivel de especie debe confirmarse con la técnica de referencia. Aunque la técnica de MALDI-TOF ha demostrado potencial para diferenciar las especies, las bases de datos deben ser mejoradas. Si bien el primer mejor score suele ser concordante con la especie, dentro del TOP 10 encontramos otras especies, haciendo que la identificación a nivel de especie no sea confiable. La base de datos de proveedor no tiene en cuenta la nueva nomenclatura por lo que no se tiene la información a que especie pertenece cada espectro de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:**

*Complejo Cryptococcus gattii* MBT 8468: 18, LevDMic v2: 17

*Cryptococcus gattii* sensu stricto LevDMic v2: 6

*Cryptococcus deuterogatti* LevDMic v2: 6

*Cryptococcus bacillisporus* LevDMic v2: 2

*Cryptococcus tetragattii* LevDMic v2: 1

*Cryptococcus decagattii* LevDMic v2: 2

**Método de referencia:** PCR-RFLP del gen *URA5*, AFLP, fingerprinting M13 y la técnica de MLST.

Referencias: [2], este estudio

- ***Complejo Cryptococcus neoformans***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica el complejo, diferencia correctamente *Cryptococcus neoformans* de *Cryptococcus deneoformans* y los híbridos *C. neoformans* x *C. deneoformans*. Sin embargo, no puede diferenciar correctamente entre *Cryptococcus deneoformans* y los híbridos *C. neoformans* x *C.*

*deneoformans*. En ese caso, la identificación a nivel de especie/híbrido debe confirmarse con el método de referencia. La base de datos de proveedor tiene en cuenta la nueva nomenclatura pero no posee información sobre híbridos.

#### **Número de espectros en las bases de datos:**

Complejo *Cryptococcus neoformans* MBT 8468: 23, LevDMic v2: 25

*Cryptococcus neoformans* sensu stricto MBT 8468: 15, LevDMic v2: 12

*Cryptococcus deneoformans* MBT 8468: 8, LevDMic v2: 6

Híbrido *Cryptococcus neoformans* x *Cryptococcus deneoformans* VNIII LevDMic v2: 2

Híbrido *Cryptococcus neoformans* x *Cryptococcus deneoformans* VNII-VNIV LevDMic v2: 5

**Método de referencia:** PCR-RFLP del gen *URA5*, AFLP, fingerprinting M13 y la técnica de MLST.

Referencias: [2], este estudio

### ***Cutaneotrichosporon***

- ***Cutaneotrichosporon curvatum (Cryptococcus curvatus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** hay muy poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [3,29]

- ***Cutaneotrichosporon debeurmannianum (Trichosporon debeurmannianum)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Hay poca evidencia. En nuestro estudio no logramos la identificación de un aislado perteneciente a esta especie a pesar de estar en la base de datos del proveedor. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [60], este estudio

- ***Cutaneotrichosporon dermatis (Trichosporon dermatis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No está en las bases de datos. Identifica erróneamente la especie como *Cutaneotrichosporon mucooides (Trichosporon mucooides)*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

Nota: La cepa *Cutaneotrichosporon mucooides* ATCC204094 de la base MBT 8468 ha sido reclasificada como *Cutaneotrichosporon dermatis*

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [53,58–60], este estudio

- ***Cutaneotrichosporon jirovecii (Trichosporon jirovecii)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. En nuestro estudio no logramos la identificación de un aislado perteneciente a esta especie a pesar de estar en la base de datos del proveedor. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [37,58,59], este estudio

- ***Cutaneotrichosporon mucooides (Trichosporon mucooides)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica erróneamente la especie, no la diferencia correctamente de *Cutaneotrichosporon dermatis (Trichosporon dermatis)*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

Nota: La cepa *Cutaneotrichosporon mucooides* ATCC204094 de la base MBT 8468 ha sido reclasificada como *Cutaneotrichosporon dermatis*

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 e IGS1 del ADN ribosomal.

Referencia: [53,58–60], este estudio

## ***Cystobasidium***

- ***Cystobasidium minutum (Rhodotorula minuta)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

- ***Cystobasidium slooffiae (Rhodotorula slooffiae)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia:

## ***Filobasidium***

- ***Filobasidium magnum (Cryptococcus magnus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

- ***Filobasidium uniguttulatum (Cryptococcus uniguttulatus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 6, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [5,29]

## ***Hannaella***

- ***Hannaella luteola (Cryptococcus luteolus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

## ***Malassezia***

El género *Malassezia* comprende actualmente 15 especies diferentes, 14 de las cuales son estrictamente dependientes de ácidos grasos de cadenas largas, los cuales deben ser adicionados a los medios de cultivo. *M. pachydermatis* es la única capaz de desarrollar en medios sin ácidos grasos de cadena larga. Las distintas especies no pueden ser diferenciadas por los métodos fenotípicos convencionales.

Las bases de datos MBT y LevDMic poseen un número limitado de especies de este género. Algunos autores han creado y validado bases de datos "in-house" con un mayor número de espectros de especies, demostrando que la técnica MALDI-TOF MS permite la correcta identificación de estas especies. [61–64]

Especies incluidas en las bases de datos del proveedor (MBT) y LevDMic:

- ***Malassezia furfur***



**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 9, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: sin dato

- ***Malassezia pachydermatis***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 8, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29,32,48,65], este estudio

- ***Malassezia sympodialis***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: sin datos

## ***Moesziomyces***

Las especies de este género, perteneciente a los Ustilaginales, son reconocidas como patógenos de plantas. Sin embargo, en los últimos años se ha descrito infecciones en humanos causadas por algunas de las especies de este género. [66–69]

Las bases de datos MBT y LevDMic poseen un número limitado de especies de este género.

- ***Moesziomyces aphidis (Pseudozyma aphidis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [69], este estudio

- ***Moesziomyces hubeiensis (Pseudozyma hubeiensis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** este estudio

### ***Naganishia***

La mayoría de las especies aquí incluidas no son capaces de desarrollar o desarrollan pobremente a 37°C y 35 °C. Sin embargo, estas especies han sido asociadas a infecciones en humanos [66,70,71]. Las bases de datos son muy limitadas en la cantidad de especies y espectros de referencias que posee de éste género. Sin embargo, algunos estudios muestran que la inclusión de espectros de referencias permite la correcta identificación de sus especies. [72]

- ***Naganishia adeliensis (Cryptococcus adeliensis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. No está en las bases de datos. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: sin dato

- ***Naganishia albida (Cryptococcus albidus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [55], este estudio

- ***Naganishia albidosimilis (Cryptococcus albidosimilis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No diferencia correctamente entre *N. albidosimilis* y *N. diffluens*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: este estudio

- ***Naganishia diffluens (Cryptococcus diffluens)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No diferencia correctamente entre *N. albidosimilis* y *N. diffluens*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29,37], este estudio

- ***Naganishia globosa (Cryptococcus saitoi)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 3, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [38], este estudio

- ***Naganishia liquefaciens (Cryptococcus liquefaciens)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: [29]

- ***Naganishia uzbekistanensis (Cryptococcus uzbekistanensis)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

Referencia: sin dato

## ***Papiliotrema***

- ***Papiliotrema flavescens (Cryptococcus flavescens)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La base MBT posee un espectro de referencia de la cepa *P. flavescens* CBS8645, sin embargo, esta cepa posee una clasificación incierta. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** sin datos

- ***Papiliotrema laurentii (Cryptococcus laurentii)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 5, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** este estudio

- ***Papiliotrema terrestris (Cryptococcus terrestris)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Aislados de *P. terrestris* han sido identificados erróneamente como *P. flavescens* CBS8645; sin embargo, esta cepa posee una clasificación incierta. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** este estudio

## ***Rhodotorula***

- ***Rhodotorula mucilaginosa***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie correctamente.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 11, LevDMic v2: 4

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** [5], este estudio

## ***Sporobolomyces***

- ***Sporobolomyces roseus***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** sin dato

- ***Sporobolomyces salmonicolor (Sporidiobolus salmonicolor)***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** [55]

- ***Sporobolomyces shibatanus (Sporidiobolus pararoseus)***

**Identificación por MALDI-TOF:** no se encuentra en las bases de datos.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** este estudio

### ***Sterigmatomyces***

- ***Sterigmatomyces elviae***

**Identificación por MALDI-TOF:** en nuestro estudio la mayoría de los aislados de esta especie no fueron identificados a pesar de poseer un espectro de referencia en la base de datos LevDMic. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** este estudio

### ***Trichosporon***

- ***Trichosporon asahii***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie correctamente.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 11, LevDMic v2: 14

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [5], este estudio

- ***Trichosporon asteroides***

**Identificación por MALDI-TOF:** no está en las bases de datos. Ha sido erróneamente identificado como *Trichosporon japonicum*.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 0, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53]

- ***Trichosporon coremiiforme***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53,58–60]

- ***Trichosporon faecale***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero hay poca evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 1

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53,58,59], este estudio

- ***Trichosporon inkin***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero no la diferencia correctamente de *T. ovoides*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 8, LevDMic v2: 3

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53,58,59], este estudio

- ***Trichosporon japonicum***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero no la diferencia correctamente de *T. asteroides*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 1, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53,59]

- ***Trichosporon ovoides***

**Identificación por MALDI-TOF:** Identifica la especie pero no la diferencia correctamente de *T. inkin*. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 4, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1.

**Referencia:** [53,58,59]

## ***Vanrija***

- ***Vanrija humicola (Cryptococcus humicola)***

**Identificación por MALDI-TOF:** No hay evidencia. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Número de espectros en las bases de datos:** MBT 8468: 2, LevDMic v2: 0

**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.

**Referencia:** sin datos

## CONCLUSIONES

Este trabajo proporciona una guía para los laboratorios clínicos en la correcta identificación de levaduras por MALDI-TOF MS. A diferencia de la primera versión LevDMic, donde se incluyó mayoritariamente espectros de referencia de especies de levaduras frecuentes en clínica humana, la versión 2 de la base de datos LevDMic incluye un gran número de espectros de referencia de especies raras o infrecuentes. Esto resulta relevante puesto que el número de especies de levaduras capaces de producir micosis se ha incrementado en los últimos años, y algunas especies presentan valores de sensibilidad reducida a los antifúngicos de uso frecuente, por lo que la rápida y certera identificación es importante para la elección de una terapia adecuada y oportuna.

Utilizando la base extendida LevDMic v2 se identificaron correctamente las especies dentro de los complejos más comúnmente aislados en clínica humana; sin embargo, no se pudieron identificar correctamente algunas de las especies de los complejos de especies poco frecuentes. Las identificaciones incorrectas fueron pocas y se debieron a que los espectros de referencia incluidos en la base BDAL provienen de cepas con una clasificación taxonómica incierta o debido a una mala diferenciación entre los espectros de especies cercanas genéticamente. Estos resultados demuestran la importancia de incluir en la base de datos sólo cepas correctamente identificadas por métodos de referencia. La mayoría de los aislados no identificados pertenecían a especies raras o infrecuentes poco o no representadas en las bases de datos. La inclusión futura de espectros de referencias de cepas pertenecientes a estas especies probablemente mejoraría su identificación.

En esta versión también se validó la base de datos LevDMic v2 en la identificación a nivel de especie de *C. neoformans* y su diferenciación de *C. deneoformans* e híbridos. Esta validación fue realizada con aislados pertenecientes a nuestro país, las cuales pueden diferir de los circulantes en otros países.

El conocimiento de las fortalezas y las debilidades de la técnica permite brindar resultados confiables. En este sentido, incluimos aquí recomendaciones para cada grupo taxonómico de levaduras de importancia clínica (ver **Anexo 1 y 2**).



## BIBLIOGRAFÍA

- [1] Taylor JW. One Fungus = One Name: DNA and fungal nomenclature twenty years after PCR. *IMA Fungus* 2011;2:113–20. <https://doi.org/10.5598/imafungus.2011.02.02.01>.
- [2] Hagen F, Khayhan K, Theelen B, Kolecka A, Polacheck I, Sionov E, et al. Recognition of seven species in the *Cryptococcus gattii*/*Cryptococcus neoformans* species complex. *Fungal Genet Biol* 2015;78:16–48. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2015.02.009>.
- [3] Liu X-Z, Wang Q-M, Göker M, Groenewald M, Kachalkin AV, Lumbsch HT, et al. Towards an integrated phylogenetic classification of the Tremellomycetes. *Stud Mycol* 2015;81:85–147. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2015.12.001>.
- [4] Wang Q-M, Yurkov AM, Göker M, Lumbsch HT, Leavitt SD, Groenewald M, et al. Phylogenetic classification of yeasts and related taxa within Pucciniomycotina. *Stud Mycol* 2015;81:149–89. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2015.12.002>.
- [5] Taverna CG, Mazza M, Bueno NS, Alvarez C, Amigot S, Andreani M, et al. Development and validation of an extended database for yeast identification by MALDI-TOF MS in Argentina. *Med Mycol* 2019;57:215–25. <https://doi.org/10.1093/mmy/myy021>.
- [6] Vlek A, Kolecka A, Khayhan K, Theelen B, Groenewald M, Boel E, et al. Interlaboratory comparison of sample preparation methods, database expansions, and cutoff values for identification of yeasts by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry using a yeast test panel. *J Clin Microbiol* 2014;52:3023–9. <https://doi.org/10.1128/JCM.00563-14>.
- [7] Kumar A, Babu R, Bijulal S, Abraham M, Sasidharan P, Kathuria S, et al. Invasive Mycosis Due to Species of *Blastobotrys* in Immunocompromised Patients with Reduced Susceptibility to Antifungals. *J Clin Microbiol* 2014;52:4094–9. <https://doi.org/10.1128/JCM.01977-14>.
- [8] Jahn K, Baettig V, Seth-Smith HMB, Egli A, Tamm M. Rare cases of *Blastobotrys raffinosifermentans* as cause of FEV1 decline in two CF patients - Whole genome sequencing to exclude transmission. *J Cyst Fibros Off J Eur Cyst Fibros Soc* 2018;17:e17–9. <https://doi.org/10.1016/j.jcf.2017.11.012>.
- [9] Roehmel JF, Tintelnot K, Bernhardt A, Seibold M, Staab D, Schwarz C. *Arxula adenivorans* causing invasive pulmonary mycosis and fungaemia in cystic fibrosis. *Lancet Lond Engl* 2015;385:1476. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)60260-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(15)60260-4).
- [10] Romeo O, Criseo G. First molecular method for discriminating between *Candida africana*, *Candida albicans*, and *Candida dubliniensis* by using hwp1 gene. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2008;62:230–3. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2008.05.014>.
- [11] Bosco-Borgeat ME, Taverna CG, Cordoba S, Isla MG, Murisengo OA, Szusz W, et al. Prevalence of *Candida dubliniensis* fungemia in Argentina: identification by a novel multiplex PCR and comparison of different phenotypic methods. *Mycopathologia* 2011;172:407–14. <https://doi.org/10.1007/s11046-011-9450-6>.
- [12] Pineda G, Scollo K, Santiso G, Lehmann E, Arechavala A. [Isolation of *Candida dubliniensis* in different clinical samples. Analysis of phenotypical methods to differentiate it from *Candida albicans*]. *Rev Argent Microbiol* 2008;40:211–7.
- [13] Bartoli M, Cingolani B, Garcia-Effron G, Gamarra S. Análisis de métodos fenotípicos para la diferenciación de *Candida dubliniensis* y *Candida albicans*. Propuesta de una secuencia de identificación. | FABICIB n.d. <https://bibliotecavirtual.unl.edu.ar/publicaciones/index.php/FABICIB/article/view/888> (accessed March 25, 2021).
- [14] Sullivan DJ, Westerneng TJ, Haynes KA, Bennett DE, Coleman DC. *Candida dubliniensis* sp. nov.: phenotypic and molecular characterization of a novel species associated with oral candidosis in HIV-infected individuals. *Microbiol Read Engl* 1995;141 ( Pt 7):1507–21. <https://doi.org/10.1099/13500872-141-7-1507>.
- [15] Cendejas-Bueno E, Kolecka A, Alastruey-Izquierdo A, Theelen B, Groenewald M, Kostrzewa M, et al. Reclassification of the *Candida haemulonii* complex as *Candida haemulonii* (*C. haemulonii* group I), *C. duobushaemulonii* sp. nov. (*C. haemulonii* group II), and *C. haemulonii* var. *vulnera* var. nov.: three multiresistant human pathogenic yeasts. *J Clin Microbiol* 2012;50:3641–51. <https://doi.org/10.1128/JCM.02248-12>.
- [16] CDC. Algorithm to identify *Candida auris* based on phenotypic laboratory method and initial species identification n.d.

- [17] Borman AM, Fraser M, Johnson EM. CHROMagar™ Candida Plus: A novel chromogenic agar that permits the rapid identification of *Candida auris*. *Med Mycol* 2021;59:253–8. <https://doi.org/10.1093/mmy/myaa049>.
- [18] Morales-López SE, Taverna CG, Bosco-Borgeat ME, Maldonado I, Vivot W, Szusz W, et al. *Candida glabrata* species complex prevalence and antifungal susceptibility testing in a culture collection: First description of *Candida nivariensis* in Argentina. *Mycopathologia* 2016;181:871–8. <https://doi.org/10.1007/s11046-016-0052-1>.
- [19] Correia A, Sampaio P, James S, Pais C. *Candida bracarenensis* sp. nov., a novel anamorphic yeast species phenotypically similar to *Candida glabrata*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2006;56:313–7. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.64076-0>.
- [20] Alcoba-Flórez J, Méndez-Alvarez S, Cano J, Guarro J, Pérez-Roth E, del Pilar Arévalo M. Phenotypic and molecular characterization of *Candida nivariensis* sp. nov., a possible new opportunistic fungus. *J Clin Microbiol* 2005;43:4107–11. <https://doi.org/10.1128/JCM.43.8.4107-4111.2005>.
- [21] Bishop JA, Chase N, Lee R, Kurtzman CP, Merz WG. Production of White Colonies on CHROMagar Candida Medium by Members of the *Candida glabrata* Clade and Other Species with Overlapping Phenotypic Traits. *J Clin Microbiol* 2008;46:3498–500. <https://doi.org/10.1128/JCM.00982-08>.
- [22] Navarro-Muñoz JC, de Jong AW, Gerrits van den Ende B, Haas P-J, Then ER, Mohd Tap R, et al. The High-Quality Complete Genome Sequence of the Opportunistic Fungal Pathogen *Candida vulturna* CBS 14366T. *Mycopathologia* 2019;184:731–4. <https://doi.org/10.1007/s11046-019-00404-0>.
- [23] Ceballos-Garzón A, Cortes G, Morio F, Zamora-Cruz EL, Linares MY, Ariza BE, et al. Comparison between MALDI-TOF MS and MicroScan in the identification of emerging and multidrug resistant yeasts in a fourth-level hospital in Bogotá, Colombia. *BMC Microbiol* 2019;19. <https://doi.org/10.1186/s12866-019-1482-y>.
- [24] Lim HJ, Lee OJ, Kim SH, Shin MG, Shin JH. First Case of Nosocomial Fungemia Caused by *Candida melibiosica*. *Ann Lab Med* 2020;40:177–9. <https://doi.org/10.3343/alm.2020.40.2.177>.
- [25] Jensen RH, Arendrup MC. *Candida palmioleophila*: characterization of a previously overlooked pathogen and its unique susceptibility profile in comparison with five related species. *J Clin Microbiol* 2011;49:549–56. <https://doi.org/10.1128/JCM.02071-10>.
- [26] Casagrande Pierantoni D, Bernardo M, Mallardo E, Carannante N, Attanasio V, Corte L, et al. *Candida palmioleophila* isolation in Italy from two cases of systemic infection, after a CHROMagar and Vitek system misidentification as *C. albicans*. *New Microbiol* 2020;43:47–50.
- [27] Suh S-O, Houseknecht JL, Gujjari P, Zhou JJ. *Scheffersomyces parashehatae* f.a., sp. nov., *Scheffersomyces xylofermentans* f.a., sp. nov., *Candida broadrunensis* sp. nov. and *Candida manassasensis* sp. nov., novel yeasts associated with wood-ingesting insects, and their ecological and biofuel implications. *Int J Syst Evol Microbiol* 2013;63:4330–9. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.053009-0>.
- [28] Tavanti A, Davidson AD, Gow NAR, Maiden MCJ, Odds FC. *Candida orthopsilosis* and *Candida metapsilosis* spp. nov. to replace *Candida parapsilosis* groups II and III. *J Clin Microbiol* 2005;43:284–92. <https://doi.org/10.1128/JCM.43.1.284-292.2005>.
- [29] Fraser M, Brown Z, Houldsworth M, Borman AM, Johnson EM. Rapid identification of 6328 isolates of pathogenic yeasts using MALDI-ToF MS and a simplified, rapid extraction procedure that is compatible with the Bruker Biotyper platform and database. *Med Mycol* 2016;54:80–8. <https://doi.org/10.1093/mmy/myv085>.
- [30] Shankarnarayan SA, Rudramurthy SM, Chakrabarti A, Shaw D, Paul S, Sethuraman N, et al. Molecular Typing and Antifungal Susceptibility of *Candida viswanathii*, India. *Emerg Infect Dis* 2018;24:1956–8. <https://doi.org/10.3201/eid2410.180801>.
- [31] Posteraro B, De Carolis E, Vella A, Sanguinetti M. MALDI-TOF mass spectrometry in the clinical mycology laboratory: identification of fungi and beyond. *Expert Rev Proteomics* 2013;10:151–64. <https://doi.org/10.1586/epr.13.8>.
- [32] Mancini N, De Carolis E, Infurnari L, Vella A, Clementi N, Vaccaro L, et al. Comparative evaluation of the Bruker Biotyper and Vitek MS matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight (MALDI-TOF) mass spectrometry systems for identification of yeasts of medical importance. *J Clin Microbiol* 2013;51:2453–7. <https://doi.org/10.1128/JCM.00841-13>.
- [33] Park J-H, Oh J, Sang H, Shrestha B, Lee H, Koo J, et al. Identification and Antifungal Susceptibility Profiles of *Cyberlindnera fabianii* in Korea. *Mycobiology* 2019;47:449–56. <https://doi.org/10.1080/12298093.2019.1651592>.
- [34] Al-Sweih N, Ahmad S, Khan S, Joseph L, Asadzadeh M, Khan Z. *Cyberlindnera fabianii* fungaemia outbreak in preterm neonates in Kuwait and literature review. *Mycoses* 2019;62:51–61.

<https://doi.org/10.1111/myc.12846>.

- [35] Arastehfar A, Fang W, Al-Hatmi AMS, Afsarian MH, Daneshnia F, Bakhtiari M, et al. Unequivocal identification of an underestimated opportunistic yeast species, *Cyberlindnera fabianii*, and its close relatives using a dual-function PCR and literature review of published cases. *Med Mycol* 2019;57:833–40. <https://doi.org/10.1093/mmy/myy148>.
- [36] Svobodova L, Bednarova D, Ruzicka F, Chrenkova V, Dobias R, Mallatova N, et al. High frequency of *Candida fabianii* among clinical isolates biochemically identified as *Candida pelliculosa* and *Candida utilis*. *Mycoses* 2016;59:241–6. <https://doi.org/10.1111/myc.12454>.
- [37] Galán F, García-Agudo L, Guerrero I, Marín P, García-Tapia A, García-Martos P, et al. [Evaluation of mass spectrometry for the identification of clinically interesting yeasts]. *Enferm Infecc Microbiol Clin* 2015;33:372–8. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.10.003>.
- [38] Arastehfar A, Daneshnia F, Kord M, Roudbary M, Zarrinfar H, Fang W, et al. Comparison of 21-Plex PCR and API 20C AUX, MALDI-TOF MS, and rDNA Sequencing for a Wide Range of Clinically Isolated Yeast Species: Improved Identification by Combining 21-Plex PCR and API 20C AUX as an Alternative Strategy for Developing Countries. *Front Cell Infect Microbiol* 2019;9:21. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00021>.
- [39] Groenewald M, Daniel H-M, Robert V, Poot GA, Smith MT. Polyphasic re-examination of *Debaryomyces hansenii* strains and reinstatement of *D. hansenii*, *D. fabryi* and *D. subglobosus*. *Persoonia* 2008;21:17–27. <https://doi.org/10.3767/003158508X336576>.
- [40] Taverna CG, Córdoba S, Vivot M, Szusz W, Vivot W, Bosco-Borgeat ME, et al. Reidentification and antifungal susceptibility profile of *Candida guilliermondii* and *Candida famata* clinical isolates from a culture collection in Argentina. *Med Mycol* 2019;57:314–23. <https://doi.org/10.1093/mmy/myy038>.
- [41] Padovan ACB, Melo AS de A, Colombo AL. Systematic review and new insights into the molecular characterization of the *Candida rugosa* species complex. *Fungal Genet Biol* 2013;61:33–41. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2013.10.007>.
- [42] Ming C, Huang J, Wang Y, Lv Q, Zhou B, Liu T, et al. Revision of the medically relevant species of the yeast genus *Diutina*. *Med Mycol* 2019;57:226–33. <https://doi.org/10.1093/mmy/myy001>.
- [43] Groenewald M, Coutinho T, Smith MT, van der Walt JP. Species reassignment of *Geotrichum bryndzae*, *Geotrichum phurueaensis*, *Geotrichum silvicola* and *Geotrichum vulgare* based on phylogenetic analyses and mating compatibility. *Int J Syst Evol Microbiol* 2012;62:3072–80. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.038984-0>.
- [44] Quintilla R, Kolecka A, Casaregola S, Daniel HM, Houbraken J, Kostrzewa M, et al. MALDI-TOF MS as a tool to identify foodborne yeasts and yeast-like fungi. *Int J Food Microbiol* 2018;266:109–18. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2017.11.016>.
- [45] Mercier V, Desnos-Ollivier M, Lamy A, Mahul M, Sasso M. *Kazachstania slooffiae*: An unexpected journey to a human pleural sample. *J Mycol Med* 2021;31:101109. <https://doi.org/10.1016/j.mycmed.2020.101109>.
- [46] Brunet K, Minoza A, Rammaert B, Portet-Sulla V, Hubert F, Lorenzo J-C, et al. Invasive *Candida bovina* Infection, France. *Emerg Infect Dis* 2020;26:626–7. <https://doi.org/10.3201/eid2603.191371>.
- [47] Alvarez-Perez S, Mateos A, Dominguez L, Martinez-Nevaldo E, Rodriguez-Bertos A, Blanco JL, et al. First isolation of the anamorph of *Kazachstania heterogenica* from a fatal infection in a primate host. *Med Mycol* 2012;50:193–6. <https://doi.org/10.3109/13693786.2011.578155>.
- [48] Lee HS, Shin JH, Choi MJ, Won EJ, Kee SJ, Kim SH, et al. Comparison of the Bruker Biotyper and VITEK MS Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry Systems Using a Formic Acid Extraction Method to Identify Common and Uncommon Yeast Isolates. *Ann Lab Med* 2017;37:223–30. <https://doi.org/10.3343/alm.2017.37.3.223>.
- [49] Zhou M, Yu S, Kudinha T, Xiao M, Wang H, Xu Y, et al. Identification and antifungal susceptibility profiles of *Kodamaea ohmeri* based on a seven-year multicenter surveillance study. *Infect Drug Resist* 2019;12:1657–64. <https://doi.org/10.2147/IDR.S211033>.
- [50] Lee H-Y, Kim SJ, Kim D, Jang J, Sung H, Kim M-N, et al. Catheter-related Bloodstream Infection due to *Lodderomyces elongisporus* in a Patient with Lung Cancer. *Ann Lab Med* 2018;38:182–4. <https://doi.org/10.3343/alm.2018.38.2.182>.
- [51] Taj-Aldeen SJ, AbdulWahab A, Kolecka A, Deshmukh A, Meis JF, Boekhout T. Uncommon opportunistic yeast bloodstream infections from Qatar. *Med Mycol* 2014;52:552–6. <https://doi.org/10.1093/mmycol/myu016>.
- [52] Desnos-Ollivier M, Blanc C, Garcia-Hermoso D, Hoinard D, Alanio A, Dromer F. Misidentification of *Saprochaete clavata* as *Magnusiomyces capitatus* in clinical isolates: utility of internal transcribed spacer sequencing and matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry and importance of

- reliable databases. *J Clin Microbiol* 2014;52:2196–8. <https://doi.org/10.1128/JCM.00039-14>.
- [53] Kolecka A, Khayhan K, Groenewald M, Theelen B, Arabatzis M, Velegraki A, et al. Identification of medically relevant species of arthroconidial yeasts by use of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. *J Clin Microbiol* 2013;51:2491–500. <https://doi.org/10.1128/JCM.00470-13>.
- [54] Buchta V, Bolehovská R, Hovorková E, Cornely OA, Seidel D, Žák P. *Saprochaete clavata* Invasive Infections - A New Threat to Hematological-Oncological Patients. *Front Microbiol* 2019;10:2196. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02196>.
- [55] Chao Q-T, Lee T-F, Teng S-H, Peng L-Y, Chen P-H, Teng L-J, et al. Comparison of the accuracy of two conventional phenotypic methods and two MALDI-TOF MS systems with that of DNA sequencing analysis for correctly identifying clinically encountered yeasts. *PloS One* 2014;9:e109376. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109376>.
- [56] Zhao Y, Chan JF-W, Tsang C-C, Wang H, Guo D, Pan Y, et al. Clinical Characteristics, Laboratory Identification, and In Vitro Antifungal Susceptibility of *Yarrowia (Candida) lipolytica* Isolates Causing Fungemia: a Multicenter, Prospective Surveillance Study. *J Clin Microbiol* 2015;53:3639–45. <https://doi.org/10.1128/JCM.01985-15>.
- [57] Suh S-O, Gujjari P, Beres C, Beck B, Zhou J. Proposal of *Zygosaccharomyces parabailii* sp. nov. and *Zygosaccharomyces pseudobailii* sp. nov., novel species closely related to *Zygosaccharomyces bailii*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2013;63:1922–9. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.048058-0>.
- [58] Guo L-N, Yu S-Y, Hsueh P-R, Al-Hatmi AMS, Meis JF, Hagen F, et al. Invasive Infections Due to *Trichosporon*: Species Distribution, Genotyping, and Antifungal Susceptibilities from a Multicenter Study in China. *J Clin Microbiol* 2019;57. <https://doi.org/10.1128/JCM.01505-18>.
- [59] de Almeida Júnior JN, Figueiredo DSY, Toubas D, Del Negro GMB, Motta AL, Rossi F, et al. Usefulness of matrix-assisted laser desorption ionisation-time-of-flight mass spectrometry for identifying clinical *Trichosporon* isolates. *Clin Microbiol Infect Off Publ Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis* 2014;20:784–90. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12502>.
- [60] Lara BR, de Camargo BB, Paula CR, Junior DPL, Garces HG, Arnoni MV, et al. Comparing the phenotypic, genotypic and proteomic identification of *Trichosporon* species: a globally emerging yeast of medical importance. *Med Mycol* 2021:myab050. <https://doi.org/10.1093/mmy/myab050>.
- [61] Kolecka A, Khayhan K, Arabatzis M, Velegraki A, Kostrzewa M, Andersson A, et al. Efficient identification of *Malassezia* yeasts by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS). *Br J Dermatol* 2014;170:332–41. <https://doi.org/10.1111/bjd.12680>.
- [62] Honnavar P, Ghosh AK, Paul S, Shankarnarayan SA, Singh P, Dogra S, et al. Identification of *Malassezia* species by MALDI-TOF MS after expansion of database. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2018;92:118–23. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2018.05.015>.
- [63] Yamamoto M, Umeda Y, Yo A, Yamaura M, Makimura K. Utilization of matrix-assisted laser desorption and ionization time-of-flight mass spectrometry for identification of infantile seborrheic dermatitis-causing *Malassezia* and incidence of culture-based cutaneous *Malassezia* microbiota of 1-month-old infants. *J Dermatol* 2014;41:117–23. <https://doi.org/10.1111/1346-8138.12364>.
- [64] Denis J, Machouart M, Morio F, Sabou M, Kauffmann-LaCroix C, Contet-Audonnet N, et al. Performance of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry for Identifying Clinical *Malassezia* Isolates. *J Clin Microbiol* 2017;55:90–6. <https://doi.org/10.1128/JCM.01763-16>.
- [65] Ilahi A, Hadrich I, Goudjil S, Kongolo G, Chazal C, Léké A, et al. Molecular epidemiology of a *Malassezia pachydermatis* neonatal unit outbreak. *Med Mycol* 2018;56:69–77. <https://doi.org/10.1093/mmy/myx022>.
- [66] Arendrup MC, Boekhout T, Akova M, Meis JF, Cornely OA, Lortholary O, et al. ESCMID and ECMM joint clinical guidelines for the diagnosis and management of rare invasive yeast infections. *Clin Microbiol Infect Off Publ Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis* 2014;20 Suppl 3:76–98. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12360>.
- [67] Telles JP, Ribeiro VST, Kraft L, Tuon FF. *Pseudozyma* spp. human infections: A systematic review. *Med Mycol* 2021;59:1–6. <https://doi.org/10.1093/mmy/myaa025>.
- [68] Liu Y, Zou Z, Hu Z, Wang W, Xiong J. Morphology and Molecular Analysis of *Moesziomyces antarcticus* Isolated From the Blood Samples of a Chinese Patient. *Front Microbiol* 2019;10:254. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00254>.
- [69] Orecchini LA, Olmos E, Taverna CG, Murisengo OA, Szuzs W, Vivot W, et al. First Case of Fungemia Due to *Pseudozyma aphidis* in a Pediatric Patient with Osteosarcoma in Latin America. *J Clin Microbiol* 2015;53:3691–4. <https://doi.org/10.1128/JCM.01095-15>.

- [70] Morales-López SE, Garcia-Effron G. Infections due to Rare Cryptococcus Species. A Literature Review. *J Fungi* 2021;7:279. <https://doi.org/10.3390/jof7040279>.
- [71] Cano EJ, Yetmar ZA, Razonable RR. Cryptococcus Species Other Than *Cryptococcus neoformans* and *Cryptococcus gattii*: Are They Clinically Significant? *Open Forum Infect Dis* 2020;7:ofaa527. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofaa527>.
- [72] Danesi P, Drigo I, Iatta R, Firacative C, Capelli G, Cafarchia C, et al. MALDI-TOF MS for the identification of veterinary non-*C. neoformans*-*C. gattii* *Cryptococcus* spp. isolates from Italy. *Med Mycol* 2014;52:659–66. <https://doi.org/10.1093/mmy/myu031>.

## ANEXO 1 Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división

### Ascomycota

Género/Complejo	Especie	Nro de espectros de referencia en las bases		Informar preliminar	Informe definitivo
		LevDMic	BDAL MBT8468		
					<b>Macro y micromorfología</b>
<i>Candida</i>					
Complejo <i>C. albicans</i>	<i>Candida africana</i>	0	2	<i>Candida albicans</i>	-
	<i>Candida albicans</i>	11	31	<i>Candida albicans</i>	-
	<i>Candida dubliniensis</i>	5	16	<i>Candida dubliniensis</i>	-
	<i>Candida auris</i>	0	9	<i>Candida auris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida blankii</i>	1	4	<i>Candida blankii</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
Complejo <i>C. glabrata</i>	<i>Candida bracarensis</i>	2	2	<i>Candida bracarensis</i>	-
	<i>Candida glabrata</i>	5	14	<i>Candida glabrata</i>	-
	<i>Candida nivariensis</i>	3	6	<i>Candida nivariensis</i>	-
	<i>Candida ethanolica</i>	1	0	<i>Candida sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
Complejo <i>C. haemulonii</i>	<i>Candida duobushaemulonii</i>	2	8	Complejo <i>C. haemulonii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida haemulonii</i>	3	8	<i>Candida haemulonii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida haemulonii var vulnerea</i>	1	4	<i>Candida haemulonii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida pseudohaemulonii</i>	1	3	Complejo <i>C. haemulonii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida intermedia</i>	1	8	<i>Candida intermedia</i>	Secuenciación de las regiones ITS
	<i>Candida palmioleophila</i>	0	4	<i>Candida palmioleophila</i>	Secuenciación de las regiones, D1/D2 del ADN ribosomal y EF-1a, RPB1 o RPB2
Complejo <i>C. parapsilosis</i>	<i>Candida metapsilosis</i>	5	7	<i>Candida metapsilosis</i>	-
	<i>Candida orthopsilosis</i>	4	8	<i>Candida orthopsilosis</i>	-
	<i>Candida parapsilosis</i>	12	18	<i>Candida parapsilosis</i>	-
	<i>Candida sojae</i>	0	3	<i>Candida sojae</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida tropicalis</i>	8	18	<i>Candida tropicalis</i>	-
	<i>Candida viswanathii</i>	1	3	<i>Candida viswanathii</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Candida zeylanoides</i>	0	10	<i>Candida zeylanoides</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Clavispora</i>	<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	9	19	<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	-
<i>Cyberlindnera</i>	<i>Cyberlindnera fabianii</i>	1	8	<i>Cyberlindnera fabianii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Cyberlindnera mississippiensis</i>	0	5	<i>Cyberlindnera sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	2	11	<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Debaryomyces</i>					
Complejo <i>D. hansinii</i>	<i>Debaryomyces fabryi</i>	1	0	Complejo <i>D. hansinii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Debaryomyces hansinii</i> ( <i>Candida famata</i> )	5	3	Complejo <i>D. hansinii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Debaryomyces nepalensis</i>	1	0	Complejo <i>D. hansinii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Debaryomyces tyrocola</i>	1	0	Complejo <i>D. hansinii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>

Género/Complejo	Especie	Nro de espectros de referencia en las bases		Informar preliminar	Informe definitivo
<i>Diutina</i>	<i>Diutina catenulata (Candida catenulata)</i>	0	5	<i>Diutina catenulata (Candida catenulata)</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
Complejo <i>D. rugosa</i>	<i>Diutina rugosa (Candida rugosa)</i>	1	5	Complejo <i>D. rugosa</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Diutina neorugosa</i>	2	0	Complejo <i>D. rugosa</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Hanseniaspora</i>	<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	0	2	<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Hanseniaspora lachancei</i>	0	1	<i>Hanseniaspora sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Hanseniaspora uvarum</i>	0	8	<i>Hanseniaspora sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
<i>Geotrichum</i>	<i>Geotrichum candidum</i>	0	5	<i>Geotrichum candidum</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Geotrichum silvicola</i>	0	4	<i>Geotrichum sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Geotrichum sp.</i>	0	1	<i>Geotrichum sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Kazachstania</i>					
Complejo <i>K. telluris</i>	<i>Kazachstania bovina</i>	1	1	Complejo <i>K. telluris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Kazachstania heterogénica</i>	1	0	Complejo <i>K. telluris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Kazachstania pintolopesii</i>	0	2	Complejo <i>K. telluris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Kazachstania slooffiae</i>	1	1	Complejo <i>K. telluris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Kazachstania telluris</i>	0	4	Complejo <i>K. telluris</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Kluyveromyces</i>	<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefyri)</i>	4	13	<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefyri)</i>	-
	<i>Kluyveromyces lactis (Candida sphaerica)</i>	0	9	<i>Kluyveromyces lactis (Candida sphaerica)</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Kodamaea</i>	<i>Kodamaea ohmeri (Candida guilliermondii var. membranifaciens)</i>	2	7	<i>Kodamaea ohmeri (Candida guilliermondii var. membranifaciens)</i>	-
<i>Lodderomyces</i>	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	1	4	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Magnusiomyces</i>	<i>Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum)</i>	2	13	<i>Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum)</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Magnusiomyces clavatus (saprochaete clavata)</i>	0	4	<i>Magnusiomyces clavatus (saprochaete clavata)</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Metschnikowia</i>	<i>Metschnikowia pulcherrima (Candida pulcherrima)</i>	0	4	<i>Metschnikowia pulcherrima (Candida pulcherrima)</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Meyerozyma</i>					
Complejo <i>M. guilliermondii</i>	<i>Meyerozyma caribbica (Candida fermentati)</i>	5	0	Complejo <i>M. guilliermondii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Meyerozyma carophila (Candida carophila)</i>	1	2	Complejo <i>M. guilliermondii</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 del ADN ribosomal y <i>ACT1</i>
	<i>Meyerozyma guilliermondii (Candida guilliermondii)</i>	11	14	<i>Meyerozyma guilliermondii (Candida guilliermondii)</i>	-
<i>Ogataea</i>	<i>Ogataea polymorpha</i>	1	1	<i>Ogataea sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Pichia</i>	<i>Pichia cactophila (Candida inconspicua)</i>	2	3	<i>Pichia cactophila (Candida inconspicua)</i>	-

Género/Complejo	Especie	Nro de espectros de referencia en las bases		Informar preliminar	Informe definitivo
	<i>Pichia fermentans (Candida lambica)</i>	0	10	<i>Pichia fermentans (Candida lambica)</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Pichia kluyveri</i>	0	1	<i>Pichia kluyveri</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	5	17	<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	-
	<i>Pichia manshurica</i>	1	1	<i>Pichia manshurica</i>	Secuenciación de las regiones ITS
	<i>Pichia membranifaciens (Candida valida)</i>	1	8	<i>Pichia membranifaciens (Candida valida)</i>	Secuenciación de las regiones ITS
	<i>Pichia norvegensis (Candida norvegensis)</i>	1	8	<i>Pichia norvegensis (Candida norvegensis)</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Pichia pseudocactophila</i>	0	1	<i>Pichia sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Saccharomyces</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	3	13	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	-
<i>Starmerella</i>	<i>Starmerella magnoliae (Candida magnoliae)</i>	0	2	<i>Starmerella sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Starmerella sorbosivorans (Candida sorbosivorans)</i>	0	1	<i>Starmerella sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS ó D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Trichomonascus</i>					
Complejo <i>T. ciferrii</i>	<i>Trichomonascus allociferrii</i>	0	1	Complejo <i>T. ciferrii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Trichomonascus ciferrii</i>	0	2	Complejo <i>T. ciferrii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Wickerhamiella</i>	<i>Wickerhamiella pararugosa (Candida pararugosa)</i>	1	9	<i>Wickerhamiella pararugosa (Candida pararugosa)</i>	Secuenciación de las regiones ITS
<i>Wickerhamomyces</i>	<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	6	7	<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	-
	<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i>	1	0	<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i>	Secuenciación de las regiones ITS
<i>Yarrowia</i>	<i>Yarrowia lipolytica (Candida lipolytica)</i>	1	10	<i>Yarrowia lipolytica (Candida lipolytica)</i>	-
<i>Zygosaccharomyces</i>					
Complejo <i>Z. bailii</i>	<i>Zygosaccharomyces bailii</i>	0	3	Complejo <i>Z. bailii</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Zygosaccharomyces rouxii</i>	1	5	<i>Zygosaccharomyces sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal



## ANEXO 2 Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división *Basidiomycota*

Género	Especie/Complejo	Nro de espectros de referencia en las bases		Informe preliminar	Informe definitivo
		LevDMic	BDAL MBT8468		
					<b>Macro y micromorfología</b>
<i>Apiotrichum</i>	<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> )	1	0	<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> ) / <i>Apiotrichum montevideense</i> ( <i>Trichosporon montevideense</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Apiotrichum montevideense</i> ( <i>Trichosporon montevideense</i> )	0	1	<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> ) / <i>Apiotrichum montevideense</i> ( <i>Trichosporon montevideense</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Apiotrichum mycotoxinivorans</i> ( <i>Trichosporon mycotoxinivorans</i> )	0	2	<i>Apiotrichum mycotoxinivorans</i> ( <i>Trichosporon mycotoxinivorans</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
<i>Bulleromyces</i>	<i>Bulleromyces albus</i>	1	0	<i>Bulleromyces albus</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Cryptococcus</i>	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	17	18	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	-
	<i>Cryptococcus gattii</i>	6	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	PCR-RFLP del gen URA5 / Multilocus sequence typing (MLST)
	<i>Cryptococcus deuterogattii</i>	6	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	PCR-RFLP del gen URA5 / Multilocus sequence typing (MLST)
	<i>Cryptococcus bacillisporus</i>	2	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	PCR-RFLP del gen URA5 / Multilocus sequence typing (MLST)
	<i>Cryptococcus tetragattii</i>	1	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	PCR-RFLP del gen URA5 / Multilocus sequence typing (MLST)
	<i>Cryptococcus decagattii</i>	2	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	PCR-RFLP del gen URA5 / Multilocus sequence typing (MLST)
	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	25	23	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	-
	<i>Cryptococcus neoformans</i>	12	15	<i>Cryptococcus neoformans</i>	-
	<i>Cryptococcus deneoformans</i>	6	8	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	PCR-RFLP del gen URA5
	Híbrido <i>Cryptococcus neoformans</i> x <i>Cryptococcus deneoformans</i> VNIII	2	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	PCR-RFLP del gen URA5
	Híbrido <i>Cryptococcus neoformans</i> x <i>Cryptococcus deneoformans</i> VNII-VNIV	5	sin dato	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	PCR-RFLP del gen URA5
<i>Cutaneotrichosporon</i>	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	1	2	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Cutaneotrichosporon debeurmannianum</i> ( <i>Trichosporon debeurmannianum</i> )	0	2	<i>Cutaneotrichosporon</i> sp.	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i> ( <i>Trichosporon jirovecii</i> )	0	3	<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i> ( <i>Trichosporon jirovecii</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Cutaneotrichosporon mucoides</i> ( <i>Trichosporon mucoides</i> )	0	2	<i>Cutaneotrichosporon mucoides</i> ( <i>Trichosporon mucoides</i> ) / <i>Cutaneotrichosporon dermatis</i> ( <i>Trichosporon dermatis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
<i>Cystobasidium</i>	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	1	3	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> )	0	1	<i>Cystobasidium</i> sp.	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal

Género	Especie/Complejo	Nro de espectros de referencia en las bases		Informe preliminar	Informe definitivo
<i>Filobasidium</i>	<i>Filobasidium magnum</i> ( <i>Cryptococcus magnus</i> )	0	3	<i>Filobasidium magnum</i> ( <i>Cryptococcus magnus</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	1	6	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Hannaella</i>	<i>Hannaella luteola</i>	0	1	<i>Hannaella luteola</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Malassezia</i>	<i>Malassezia furfur</i>	1	9	<i>Malassezia sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Malassezia pachydermatis</i>	1	8	<i>Malassezia pachydermatis</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Malassezia sympodialis</i>	1	0	<i>Malassezia sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Moesziomyces</i>	<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	1	1	<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Moesziomyces hubeiensis</i> ( <i>Pseudozyma hubeiensis</i> )	1	0	<i>Moesziomyces hubeiensis</i> ( <i>Pseudozyma hubeiensis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Naganishia</i>	<i>Naganishia albida</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> )	1	1	<i>Naganishia albida</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Naganishia albidosimilis</i> ( <i>Cryptococcus albidosimilis</i> )	0	2	<i>N. diffluens</i> ( <i>C. diffluens</i> )/ <i>N. albidosimilis</i> ( <i>C. albidosimilis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	1	3	<i>N. diffluens</i> ( <i>C. diffluens</i> )/ <i>N. albidosimilis</i> ( <i>C. albidosimilis</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Naganishia globosa</i> ( <i>Cryptococcus saitoi</i> )	0	3	<i>Naganishia globosa</i> ( <i>Cryptococcus saitoi</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Naganishia liquefaciens</i> ( <i>Cryptococcus liquefaciens</i> )	0	1	<i>Naganishia liquefaciens</i> ( <i>Cryptococcus liquefaciens</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Naganishia uzbekistanensis</i> ( <i>Cryptococcus uzbekistanensis</i> )	0	2	<i>Naganishia sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Papiliotrema</i>	<i>Papiliotrema flavescens</i> ( <i>Cryptococcus flavescens</i> )	0	2	<i>Papiliotrema sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Papiliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	1	5	<i>Papiliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Rhodotorula</i>	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	4	11	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	-
<i>Sporobolomyces</i>	<i>Sporobolomyces roseus</i>	0	1	<i>Sporobolomyces sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i> ( <i>Sporidiobolus salmonicolor</i> )	0	2	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i> ( <i>Sporidiobolus salmonicolor</i> )	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Sterigmatomyces</i>	<i>Sterigmatomyces elviae</i>	1	0	<i>Sterigmatomyces elviae</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal
<i>Trichosporon</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	14	11	<i>Trichosporon asahii</i>	Secuenciación de las regiones IGS1 del ADN ribosomal para genotipificación
	<i>Trichosporon faecale</i>	1	1	<i>Trichosporon faecale</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Trichosporon inkin</i>	3	8	<i>Trichosporon ovoides</i> / <i>Trichosporon inkin</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Trichosporon japonicum</i>	0	1	<i>Trichosporon japonicum</i> / <i>Trichosporon asteroides</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
	<i>Trichosporon ovoides</i>	0	4	<i>Trichosporon ovoides</i> / <i>Trichosporon inkin</i>	Secuenciación de las regiones ITS, D1/D2 y IGS1 del ADN ribosomal
<i>Vanrija</i>	<i>Vanrija humicola</i>	0	2	<i>Vanrija sp.</i>	Secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del ADN ribosomal