



# MANUAL DE INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS DE INTERÉS MÉDICO POR MALDI-TOF 2da Edición

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

Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina – Abril, 2026



Manual de interpretación de resultados para la identificación de levaduras de interés médico por MALDI-TOF / Costanza Taverna... [et al.]. - 2a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires: Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud -ANLIS Dr. C. Malbrán, 2026. Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga disponible en:

<https://sgc.anlis.gob.ar/handle/123456789/2751>

ISBN 978-631-91627-3-8

1. Microbiología. 2. Diagnostico bacteriológico. 3. Técnicas de Laboratorio. I. Taverna, Constanza

CDD 371.382

**“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**

## **2da Edición**

**Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina – Abril, 2026**



## TABLA DE CONTENIDO O ÍNDICE

### Contenido

INTRODUCCIÓN.....	6
OBJETIVO.....	6
SECCIÓN 1. MATERIALES Y MÉTODOS .....	7
A- Equipos BRUKER.....	7
B- Equipos VITEK.....	12
SECCIÓN 2 – VALIDACIÓN DE LA BASE LEVDMIC v3 Y VERIFICACIÓN DE LA BASE BRUKER MBT 12438.....	15
Materiales y métodos .....	15
Resultados globales.....	15
Recomendaciones .....	17
Tabla 1. Listado de cepas en la base de datos LevDMic v3, Nro DMic, Genbank number de las secuencias correspondientes a cada cepa y otros datos de caracterización molecular.....	18
Tabla 2. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Ascomycota</i> con el equipo BRUKER.....	25
Tabla 3. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Basidiomycota</i> con el equipo BRUKER.....	28
SECCIÓN 3- VERIFICACIÓN DE LA BASE VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17 .....	31
Materiales y métodos .....	31
Resultados globales.....	31
Recomendaciones .....	32
Tabla 4. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Ascomycota</i> con el equipo VITEK MS PRIME y las bases VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17.....	33
Tabla 5. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división <i>Basidiomycota</i> con el equipo VITEK MS PRIME y las bases VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17 .....	35
SECCIÓN 4- ANALISIS DETALLADO POR ESPECIE PARA LA IDENTIFICACION DE LEVADURAS POR MALDI-TOF .....	36
DIVISIÓN ASCOMYCOTA .....	36
<i>Arxiozyma</i> .....	36
<i>Blastobotrys</i> .....	36
<i>Candida</i> .....	37
<i>Clavispora</i> .....	38
<i>Candidozyma</i> .....	39
<i>Cyberlindnera</i> .....	40
<i>Debaryomyces</i> .....	41
<i>Diutina</i> .....	41
<i>Geotrichum</i> .....	42
<i>Hanseniaspora</i> .....	42
<i>Helenezyma</i> .....	43
<i>Hyphopichia</i> .....	43
<i>Kluyveromyces</i> .....	43



<i>Kodamaea</i> .....	43
<i>Lodderomyces</i> .....	44
<i>Magnusiomyces</i> .....	44
<i>Metschnikowia</i> .....	44
<i>Meyerozyma</i> .....	44
<i>Nakaseomyces</i> .....	45
<i>Pichia</i> .....	45
<i>Saccharomyces</i> .....	47
<i>Saccharomycopsis</i> .....	47
<i>Starmera</i> .....	47
<i>Starmerella</i> .....	47
<i>Sungouiella</i> .....	48
<i>Tardiomyces (nom. inval.)</i> .....	48
<i>Trichomonascus</i> .....	48
<i>Wickerhamiella</i> .....	49
<i>Wickerhamomyces</i> .....	49
<i>Yarrowia</i> .....	50
DIVISIÓN BASIDIOMYCOTA .....	50
<i>Apiotrichum</i> .....	50
<i>Bulleromyces</i> .....	51
<i>Cryptococcus</i> .....	51
<i>Cutaneotrichosporon</i> .....	52
<i>Cystobasidium</i> .....	53
<i>Dirkmeia</i> .....	53
<i>Filobasidium</i> .....	54
<i>Hannaella</i> .....	54
<i>Malassezia</i> .....	54
<i>Moesziomyces</i> .....	56
<i>Naganishia</i> .....	56
<i>Papiliotrema</i> .....	57
<i>Pseudozyma</i> .....	58
<i>Rhodotorula</i> .....	58
<i>Sterigmatomyces</i> .....	58
<i>Trichosporon</i> .....	58
<i>Vanrija</i> .....	60
REFERENCIAS .....	61



## 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.

## OBJETIVO

El objetivo de este manual es presentar la validación o verificación de las bases de datos para la identificación de levaduras de importancia clínica utilizando los Equipos comerciales Bruker y VITEK MS. Así como dar recomendaciones para la identificación de levaduras utilizando estos equipos basadas fundamentalmente en los resultados obtenidos de estos procesos de validación y verificación. En algunos casos, donde nuestra evidencia es escasa o ninguna, se incluyó información obtenida de búsquedas bibliográficas.



## SECCIÓN 1. MATERIALES Y MÉTODOS

### A- Equipos BRUKER

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.

En el caso de las levaduras del género *Malassezia* deben ser cultivadas en medios como Dixon o similares ya que son dependientes de ácidos grasos de cadenas largas. El cultivo se realiza a temperaturas entre 32-35 °C durante 72-96 h. *Malassezia pachydermatis* es la única capaz de desarrollar en medios sin ácidos grasos de cadena larga.

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 o 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 la lámina, 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 del 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 para BRUKER

**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. [1,2]

**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.

**Nomenclatura:** En la base de datos LevDMic 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 descritas como tales debido a su alta cercanía filogenética y que no pueden diferenciarse por los métodos fenotípicos convencionales.



## B- Equipos VITEK

La identificación de levaduras puede realizarse a partir de un cultivo fresco y puro en placas con alguno de los siguientes medios de cultivo: Agar Sabouraud dextrosa, modificado (glucosa: 20 g/L - pH: 6,1), Agar Sabouraud dextrosa (glucosa: 40 g/L - pH: 5,6), CHROMID® CPS, Agar Columbia con 5 % de sangre de cordero. Cabe destacar que el uso de los medios CHROMagar Candida o CHROMagar Candida plus no es recomendado por el fabricante. El cultivo se realiza a temperaturas entre 30 y 37 °C durante un período de 24 a 72 h.

En el caso de las levaduras del género *Malassezia* deben ser cultivadas en medios como Dixon o similares ya que son dependientes de ácidos grasos de cadenas largas. El cultivo se realiza a temperaturas entre 32-35 °C durante 72-96 h. *Malassezia pachydermatis* es la única capaz de desarrollar en medios sin ácidos grasos de cadena larga.

Previo a la identificación, es necesario realizar una extracción proteica que puede realizarse *in-situ* con el ácido fórmico provisto por el fabricante (Producto REF: 411072). 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).

### PREPARACIÓN DE MATERIALES Y REACTIVOS

#### Preparación de palillos de madera

Los palillos de madera se esterilizan dentro de tubos de vidrio en autoclave a 121 °C durante 15 min. El fabricante recomienda la utilización de la herramienta VITEK® PICKME™ (Producto REF: 423546) en vez de utilizar palillos de madera. La cual consta de un bolígrafo con una punta que ayuda la estandarización de la preparación de muestras. También requiere la adquisición de los nibs o puntas (Producto REF: 423551) diseñadas específicamente para esta herramienta.

#### Placa de MALDI-TOF (Producto REF: 410893)

Las placas son descartables de 48 pocillos, distribuidos en 3 cuadrantes de 16 pocillos cada uno que en el centro tienen un pocillo menor para el calibrador.

#### Calibración

La calibración se puede realizar de dos maneras:

##### 1- Cepa de *Escherichia coli* ATCC 8739

- a- Repicar la cepa en una placa de agar Columbia con 5 % de sangre de cordero e incubar durante 18-24 h a 35 ± 2 °C.
- b- Tomar con un palillo de madera una mínima cantidad del cultivo de la cepa de *E. coli* ATCC y colocar una lámina de la muestra en la posición correspondiente al calibrador sobre la placa de MALDI-TOF.
- c- Sobre la lámina, colocar 1 µl de matriz y dejar secar a temperatura ambiente.

##### 2- MS SMARTCALIBRANT (Producto REF: 423710)

- a- Colocar 1 µl del calibrador y dejar secar a temperatura ambiente en la posición correspondiente al calibrador sobre la placa de MALDI-TOF y dejar secar.



b- Colocar 1µl de matriz y dejar secar a temperatura ambiente.

### **Matriz (Producto REF: 411071)**

La matriz ya viene preparada lista para su uso.

### **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 y lote de los reactivos utilizados.

### **Procedimiento:**

1. Tomar con un palillo de madera o con el pickme una mínima cantidad de cultivo colocar una lámina de la muestra en dos posiciones sobre la placa de MALDI-TOF.
2. Sobre el cultivo, colocar 0.5 µl de ácido fórmico y dejar secar a temperatura ambiente.
3. Luego colocar 1µl de matriz y dejar secar a temperatura ambiente.
4. En la placa se debe incluir el calibrador en el cuadrante donde se encuentran sembradas las cepas en estudio.

### **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 utilizando la base IVD.
3. Si no se obtiene un espectro o se obtienen resultados discordante, repetir la lectura de esos pocillos. También es posible hacer la lectura de los pocillos utilizando la base RUO.
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, como el ácido fórmico no se encuentren contaminados.



## Consideraciones generales para VITEK

**Valor de confianza:** valores de confianza de > 90 % indican una buena identificación a nivel de especie y valores de confianza > 70 % una buena identificación a nivel de género.

**Confirmación de la identificación:** cuando se identifica una especie rara o infrecuente y no se posee 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.

**Nomenclatura:** Revisar en el presente manual el nombre actual de las levaduras, informar el nombre actual junto con el nombre antiguo entre paréntesis. También utilizaremos el término “Complejo” o “Complejo de especies” para referirnos a grupos de especies crípticas o hermanas que fueron descritas como tales debido a su alta cercanía filogenética y que no pueden diferenciarse por los métodos fenotípicos convencionales.



## SECCIÓN 2 – VALIDACIÓN DE LA BASE LEVDMIC v3 Y VERIFICACIÓN DE LA BASE BRUKER MBT 12438

### Materiales y métodos

La base de datos LevDMic versión 3 cuenta con un total de 274 espectros de referencias pertenecientes a 108 taxones identificados por el método de referencia y conservados en la colección de cultivo DMic. El listado de las cepas se encuentra en la Tabla 1.

La validación de la base LevDMic y verificación de la base BRUKER se realizó con un total de 1099 cepas caracterizadas por el método de referencia pertenecientes a 90 taxones *Ascomycota* y 60 taxones *Basidiomycota*. La gran mayoría de estas cepas pertenecen a la colección de cultivos del Departamento Micología (DMic). Además, se incluyeron cepas de la "American Type Culture Collection" (ATCC) y cepas provista por el "Centers for Diseases Control and Prevention" (CDC).

Las cepas fueron subcultivadas en medio SDA a 30 °C durante 24-48 h, y la identificación por MALDI-TOF se realizó utilizando el procedimiento de extracción *in-situ* en placa. La identificación se realizó utilizando los equipos MALDI Biotyper y MALDI Biotyper SIRIUS con las bases de datos LevDMic v3 y MBT 12438.

### Resultados globales

RESULTADOS LEVADURAS <i>ASCOMYCOTA</i> con la base LevDMic v3	Nro. de cepas	Porcentaje (%)
Identificación correcta	603	85,5
Identificación incorrecta	0	0,0
No Identificación (se encuentra en la base)	33	4,7
No Identificación (no se encuentra en la base)	69	9,8
Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)	0	0,0
Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)	0	0,0

RESULTADOS LEVADURAS <i>ASCOMYCOTA</i> con la base MBT12438	Nro. de cepas	Porcentaje (%)
Identificación correcta	640	90,8
Identificación incorrecta	13	1,8
No Identificación (se encuentra en la base)	12	1,7
No Identificación (no se encuentra en la base)	40	5,7
Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)	12	1,7
Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)	1	0,1



<b>RESULTADOS LEVADURAS ASCOMYCOTA con LevDMic v3 + MBT12438</b>	<b>Nro. de cepas</b>	<b>Porcentaje (%)</b>
<b>Identificación correcta</b>	<b>689</b>	<b>97,7</b>
<b>Identificación incorrecta</b>	<b>5</b>	<b>0,7</b>
<b>No Identificación (se encuentra en las bases)</b>	<b>8</b>	<b>1,1</b>
<b>No Identificación (no se encuentra en las bases)</b>	<b>3</b>	<b>0,4</b>
<b>Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)</b>	<b>4</b>	<b>0,6</b>
<b>Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)</b>	<b>1</b>	<b>0,1</b>

<b>RESULTADOS LEVADURAS BASIDIOMYCOTA con LevDMic v3</b>	<b>Nro. de cepas</b>	<b>Porcentaje (%)</b>
<b>Identificación correcta</b>	<b>316</b>	<b>80,2</b>
<b>Identificación incorrecta</b>	<b>1</b>	<b>0,3</b>
<b>No Identificación (se encuentra en la base)</b>	<b>45</b>	<b>11,4</b>
<b>No Identificación (no se encuentra en la base)</b>	<b>32</b>	<b>8,1</b>
<b>Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)</b>	<b>1</b>	<b>0,3</b>
<b>Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)</b>	<b>0</b>	<b>0,0</b>

<b>RESULTADOS LEVADURAS BASIDIOMYCOTA con MBT12438</b>	<b>Nro. de cepas</b>	<b>Porcentaje (%)</b>
<b>Identificación correcta</b>	<b>300</b>	<b>76,1</b>
<b>Identificación incorrecta</b>	<b>8</b>	<b>2,0</b>
<b>No Identificación (se encuentra en la base)</b>	<b>38</b>	<b>9,6</b>
<b>No Identificación (no se encuentra en la base)</b>	<b>48</b>	<b>12,2</b>
<b>Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)</b>	<b>8</b>	<b>2,0</b>
<b>Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)</b>	<b>0</b>	<b>0,0</b>

<b>RESULTADOS LEVADURAS BASIDIOMYCOTA con LevDMic V3 + MBT12438</b>	<b>Nro. de cepas</b>	<b>Porcentaje (%)</b>
<b>Identificación correcta</b>	<b>363</b>	<b>92,1</b>
<b>Identificación incorrecta</b>	<b>6</b>	<b>1,5</b>
<b>No Identificación (se encuentra en las bases)</b>	<b>15</b>	<b>3,8</b>
<b>No Identificación (no se encuentra en las bases)</b>	<b>10</b>	<b>2,5</b>
<b>Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)</b>	<b>6</b>	<b>1,5</b>
<b>Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)</b>	<b>0</b>	<b>0,0</b>



## Recomendaciones

En base a los resultados de identificación, y su comparación con la identificación por el método de referencia, se establecieron las recomendaciones disponibles en las tablas 2 y 3. Estas recomendaciones fueron clasificadas en base a la evidencia como:

**(-):** no hay evidencia.

**Referencia:** se utilizó la misma cepa del espectro de referencia para la identificación debido a que no se poseen otras cepas de la misma especie en la colección de cultivos DMic.

**Baja:** se utilizaron menos de 5 cepas para la identificación.

**Media:** se utilizaron entre 5-9 cepas para la identificación.

**Alta:** se utilizaron 10 o más cepas para la identificación.



**Tabla 1. Listado de cepas en la base de datos LevDMic v3, Nro DMic, GenBank number de las secuencias correspondientes a cada cepa y otros datos de caracterización molecular.**

Especie	Nro. DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Apiotrichum sp.</i>	164995	PX801801	PX801837	IGS1: PX833965
<i>Apiotrichum domesticum (Trichosporon domesticum)</i>	175556	MT820001	MT814231	IGS1: MT818358
<i>Apiotrichum montevidense (Trichosporon montevidense)</i>	154934	PX801809	PX801843	IGS1: PX833964
<i>Arxiozyma slooffiae (Kazachstania slooffiae)</i>	185815	MT820007	MT814219	
<i>Arxiozyma bovina (Kazachstania bovina)</i>	195898	MT820010		
<i>Arxiozyma heterogenica (Kazachstania heterogenica)</i>	195934	MT820011	PX801841	
<i>Blastobotrys sp.</i>	185821	PX801803		
<i>Bulleromyces albus</i>	154876	MG009547	MG009570	
<i>Candida albicans</i>	113869	JN008112		
<i>Candida albicans</i>	113870	JN008115		
<i>Candida albicans</i>	113871	JN008116		
<i>Candida albicans</i>	113872	JN008117		
<i>Candida albicans</i>	113873	JN008114		
<i>Candida albicans</i>	113874	JN008118		
<i>Candida albicans</i>	113875	JN008119		
<i>Candida albicans</i>	113876	JN008120		
<i>Candida albicans</i>	113877	JN008121		
<i>Candida albicans</i>	113878	JN008124		
<i>Candida albicans</i>	134462	KX833100	KX792960	
<i>Candida atlantica</i>	237317	PX349439	PX349411	
<i>Candida blankii</i>	175429	MT819981		
<i>Candida dubliniensis</i>	93695	HQ457423		
<i>Candida dubliniensis</i>	113879	HQ457428		
<i>Candida dubliniensis</i>	113880	HQ457426		
<i>Candida dubliniensis</i>	113882	HQ457429		
<i>Candida dubliniensis</i>	113883	HQ457430		
<i>Candida metapsilosis</i>	154941	MG009519	MG009551	
<i>Candida metapsilosis</i>	134471	MG009520	MG009552	
<i>Candida metapsilosis</i>	144763	MG009521	MG009553	
<i>Candida metapsilosis</i>	154978	MG241512	MG228363	
<i>Candida metapsilosis</i>	144837	MT819987		
<i>Candida orthopsilosis</i>	113916	JN016732		
<i>Candida orthopsilosis</i>	154964	MG009517	MG009549	
<i>Candida orthopsilosis</i>	154967	MG009518	MG009550	
<i>Candida orthopsilosis</i>	175468	MT820000		



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Candida parapsilosis</i>	134410	KX833099	KX792959	
<i>Candida parapsilosis</i>	113903	JN016716		
<i>Candida parapsilosis</i>	113904	JN016717		
<i>Candida parapsilosis</i>	113905	JN016730		
<i>Candida parapsilosis</i>	113907	JN016719		
<i>Candida parapsilosis</i>	113908	JN016731		
<i>Candida parapsilosis</i>	113910	JN016721		
<i>Candida parapsilosis</i>	113911	JN016723		
<i>Candida parapsilosis</i>	113913	JN016725		
<i>Candida parapsilosis</i>	113914	JN016726		
<i>Candida parapsilosis</i>	113915	JN016729		
<i>Candida parapsilosis</i>	113954	JN016724		
<i>Candida tropicalis</i>	134463	KX833101	KX792961	
<i>Candida tropicalis</i>	113917	JN016733		
<i>Candida tropicalis</i>	113918	MG009522	JN031575	
<i>Candida tropicalis</i>	113919	JN016734		
<i>Candida tropicalis</i>	113920	NO	JN031576	
<i>Candida tropicalis</i>	113921	NO	JN031577	
<i>Candida tropicalis</i>	113923	JN016735		
<i>Candida viswanathii</i>	113943	NO	JN031568	
<i>Candidozyma sp.</i>	226774	PX801808	PX801842	
<i>Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)</i>	01600	JN008144		
<i>Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)</i>	113890	JN008146		
<i>Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)</i>	113946	JN008147		
<i>Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)</i>	113891	JN008148	JN031572	
<i>Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)</i>	175453	PX349417		
<i>Candidozyma duobushaemuli (Candida duobushaemulonii)</i>	154883	MG009534	MG009559	
<i>Candidozyma duobushaemuli (Candida duobushaemulonii)</i>	154951	MG009535	MG009560	
<i>Candidozyma pseudoaemuli (Candida pseudoaemulonii)</i>	185756	MT820005		
<i>Candidozyma cf pseudoaemuli</i>	185839	PX339969	PX349393	
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113900	JN008158		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113947	JN008163		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113948	JN008162		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113949	JN008165		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113950	JN008164		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113951	JN008159		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	113953	JN008160		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	154875	NO	MG009557	
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	154963	MG009533	MG009558	
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	216418	PX349426		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	227083	PX349407		
<i>Clavispora lusitaniae (Candida lusitaniae)</i>	227089	PX349409		



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	01539			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	185809			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	185801			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	165158			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	185802			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. gattii</i> )	185805			PCR URA 5: VGI
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	01540			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	185800			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	134389			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	185808			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	196008			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. deuterogattii</i> )	175446			PCR URA 5: VGII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. bacillisporus</i> )	031627			PCR URA 5: VGIII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. bacillisporus</i> )	185804			PCR URA 5: VGIII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. tetragattii</i> )	01542			PCR URA 5: VGIV
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. decagattii</i> )	175563			PCR URA 5: VGIV, MLST: VGIII
<i>Cryptococcus gattii</i> species complex (species <i>C. decagattii</i> )	185803			PCR URA 5: VGIV, MLST: VGIII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	01535			PCR URA 5: VNI
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	983041			PCR URA 5: VNI
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196006			PCR URA 5: VNI
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196007			PCR URA 5: VNI
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	343			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	00364			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	993207			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	165065			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196002			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196003			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196004			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. neoformans</i> )	196005			PCR URA 5: VNII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	00425			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	00435			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	01538			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	195997			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	195998			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	195999			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (species <i>C. deneoformans</i> )	196001			PCR URA 5: VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (hybrid VNIII)	961936			PCR URA 5: VNIII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (hybrid VNIII)	00426			PCR URA 5: VNIII
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (hybrid VNII-VNIV)	195992			PCR URA 5: VNII/VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (hybrid VNII-VNIV)	195993			PCR URA 5: VNII/VNIV
<i>Cryptococcus neoformans</i> species complex (hybrid VNII-VNIV)	195994			PCR URA 5: VNII/VNIV



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Cryptococcus neoformans species complex (hybrid VNII-VNIV)</i>	195995			PCR URA 5: VNII/VNIV
<i>Cryptococcus neoformans species complex (hybrid VNII-VNIV)</i>	195996			PCR URA 5: VNII/VNIV
<i>Cutaneotrichosporon curvatum (Cryptococcus curvatus)</i>	195946	MT820012	MT814235	
<i>Cutaneotrichosporon debeurmannianum (Trichosporon debeurmannianum)</i>	165199	MT819996	MT814227	IGS1: MT818356
<i>Cyberlindnera fabianii</i>	154890	MG009539	MG009563	
<i>Cyberlindnera jadinii (Candida utilis)</i>	993181	MT820015		
<i>Cyberlindnera jadinii (Candida utilis)</i>	165151	MT819993		
<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	206313	PX349424	PX349401	
<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	227085	PX349444	PX349408	
<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	185791	PX349418		
<i>Cystobasidium minutum (Rhodotorula minuta)</i>	144853	MT819988	MT814223	
<i>Cystobasidium slooffiae (Rhodotorula slooffiae)</i>	196009	MT820013	MT814236	
<i>Cystobasidium slooffiae (Rhodotorula slooffiae)</i>	227055	PX349434	PX349406	
<i>Cystobasidium slooffiae (Rhodotorula slooffiae)</i>	247705	PX349440	PX349412	
<i>Debaryomyces fabryi</i>	00280	KU896797	KX181953	ACT1: KX181969
<i>Debaryomyces hansenii (Candida famata)</i>	113902	JN008142	KX181955	ACT1: KX181971
<i>Debaryomyces hansenii (Candida famata)</i>	86144	KU896790	KX181942	ACT1: KX181958
<i>Debaryomyces hansenii (Candida famata)</i>	87156	KU896791	KX181943	ACT1: KX181959
<i>Debaryomyces hansenii (Candida famata)</i>	88237	KU896794	KX181944	ACT1: KX181960
<i>Debaryomyces hansenii (Candida famata)</i>	962456	KU896793	KX181946	ACT1: KX181962
<i>Debaryomyces nepalensis</i>	113901	JN008140	KX181954	ACT1: KX181970
<i>Debaryomyces tyrocola</i>	113957	JN008141	KX181956	ACT1: KX181972
<i>Dirkmeia churashimaensis (Pseudozyma churashimaensis)</i>	257974	PX349443		
<i>Diutina mesorugosa (Candida mesorugosa)</i>	226714	PV553765	PV553763	
<i>Diutina mesorugosa (Candida mesorugosa)</i>	226716	PX349428	PX349403	
<i>Diutina neorugosa (Candida neorugosa)</i>	154950	MG009538	MG009561	
<i>Diutina neorugosa (Candida neorugosa)</i>	185823	MT820008		
<i>Diutina rugosa (Candida rugosa)</i>	113939	JN021671		
<i>Filobasidium mali</i>	237271	PX349410		
<i>Filobasidium magnum (Cryptococcus magnus)</i>	154927	PX349415	PX349394	
<i>Filobasidium uniguttulatum (Cryptococcus uniguttulatus)</i>	164998	MT819992	MT814225	
<i>Geotrichum sp.</i>	196023	PX801805	PX801839	
<i>Geotrichum sp.</i>	237411	PX801807	PX801840	
<i>Helenozyma melibiosica (Candida melibiosica)</i>	206180	PX349423	PX349400	
<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefir)</i>	144784	KX833106	KX792966	
<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefir)</i>	113893	JN008152		
<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefir)</i>	113894	JN008150		
<i>Kluyveromyces marxianus (Candida kefir)</i>	154961	MG009532	MG009556	
<i>Kodamaea ohmeri</i>	113938	JN008143		
<i>Kodamaea ohmeri</i>	00143	MG009536		
<i>Lodderomyces elongisporus</i>	165328	MT819998		
<i>Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum)</i>	165160	MG009542		
<i>Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum)</i>	164990	MT819991		



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Malassezia dermatis</i>	237128	PX349435		
<i>Malassezia furfur</i>	165164	MT819994		
<i>Malassezia japonica</i>	226955	PX349433		
<i>Malassezia globosa</i>	226947	PX349432		
<i>Malassezia pachydermatis</i>	185837	MT820009	MT814234	
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo A)	226917	PX279128		IGS1:PX309470; CHS2:PX309490
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo C)	226919	PX279162		IGS1:PX309490; CHS2:PX309443
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo A)	226921	PX279140		IGS1:PX309467; CHS2:PX309461
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo B)	226925	PX279143		IGS1:PX309478; CHS2:PX309454
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo A)	226928	PX279129		IGS1:PX309465; CHS2:PX309458
<i>Malassezia pachydermatis</i> (genotipo B)	226930	PX279145		IGS1:PX309485; CHS2:PX309452
<i>Malassezia slooffiae</i>	226944	PX349431		
<i>Malassezia slooffiae</i>	237139	PX349436		
<i>Malassezia sympodialis</i>	154938	MT819990	MT814237	
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	86131	MG009524		ACT1: MG272559
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	962009	MG009525		ACT1: MG272562
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	021037	MG009526		ACT1: MG272563
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	113933	JN021668		ACT1: MG272565
<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	031488	MG009527		ACT1: MG272564
<i>Meyerozyma carpophila</i> ( <i>Candida carpophila</i> )	89355	MG269883		ACT1: MG272567
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	144785	KX833107	KX792967	
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113930	JN008131		ACT1: MG272529
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113931	JN008134		ACT1: MG272530
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113932	JN008135		ACT1: MG272531
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113934	JN008130		ACT1: MG272532
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113935	JN008132		ACT1: MG272533
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113936	JN008133		ACT1: MG272534
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113937	JN008136		ACT1: MG272535
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113955	JN008139		ACT1: MG272536
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	113956	JN008138		ACT1: MG272537
<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	124261	MG009523		ACT1: MG272538
<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	144752	KM610219	KM610218	
<i>Naganishia albida</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> )	154868	MT819989	MT814224	
<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	165320	MT819997	MT814229	
<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	185831	PX801804	PX801838	
<i>Naganishia globosa</i> ( <i>Cryptococcus saitoi</i> )	195895	PX349419	PX349396	
<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	134506	KX833102	KX792962	
<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	113884	JN008125		
<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	113885	JN008126		
<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	113886	JN008127		
<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	113887	JN008128		



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Nakaseomyces nivariensis (Candida nivariensis)</i>	154872	MG009528	MG009572	
<i>Nakaseomyces nivariensis (Candida nivariensis)</i>	962066	KP050697	KP050696	
<i>Nakaseomyces nivariensis (Candida nivariensis)</i>	962070	KP050697	KP050696	
<i>Nakaseomyces bracarensis (Candida bracarensis)</i>	144746	MG009529	MG009554	
<i>Nakaseomyces bracarensis (Candida bracarensis)</i>	144819	MG009530	MG009555	
<i>Ogataea polymorpha</i>	154895	MG009543	MG009566	
<i>Papiliotrema flavescens (Cryptococcus flavescens)</i>	216421	PX349427	PX349402	
<i>Papiliotrema laurentii (Cryptococcus laurentii)</i>	134508	KX833104	KX792964	
<i>Papiliotrema terrestris (Cryptococcus terrestris)</i>	196150	PX349421	PX349398	
<i>Pichia cactophila complex</i>	154952	NO	MG009562	
<i>Pichia cactophila complex</i>	175597	MT820003		
<i>Pichia cactophila complex</i>	154974	PX349416	PX349395	
<i>Pichia ethanolica (Candida ethanolica)</i>	175603	MT820004		
<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	134409	KX833098	KX792958	
<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	113895	JN008153		
<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	113896	JN008154		
<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	113897	NO	JN032661	
<i>Pichia kudriavzevii (Candida krusei)</i>	113898	JN008155		
<i>Pichia manshurica</i>	154869	MG009540	MG009564	
<i>Pichia membranifaciens (Candida valida)</i>	196015	MT820014		
<i>Pichia norvegensis (Candida norvegensis)</i>	175353	MT845222		
<i>Prototheca sp.</i>	154962	MH352133		
<i>Pseudozyma hubeiensis</i>	154889	MG009548	MG009571	
<i>Pseudozyma hubeiensis</i>	226760	PX349429	PX349404	
<i>Rhodotorula dairenensis</i>	216341	PX801806		
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	165198	MT819995	MT814226	
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	144854	MG241534	MG228377	
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	144775	MT819986	MT814222	
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	144831	MG009546	MG009569	
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	134507	KX833103	KX792963	
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0031	MT819982		
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	006	MT820016		
<i>Saccharomycopsis fibuligera</i>	257847	PX349441	PX349413	
<i>Starmera stellimalicola (Candida stellimalicola)</i>	257911	PX349442	PX349414	
<i>Starmerella sorbosivorans (Candida sorbosivorans)</i>	982821	MT845221		
<i>Sterigmatomyces elviae</i>	165297	MT820017	MT814228	
<i>Sterigmatomyces elviae</i>	175591	PX801802		
<i>Sungouiella sp.</i>	226797	PX349430	PX349405	
<i>Sungouiella intermedia (Candida intermedia)</i>	052571	MG009537		
<i>Torulaspota indica</i>	237207	PX349437		
<i>Trichomonascus ciferrii complex</i>	196035	PX349420	PX349397	



Especie	Nro DMic	GenBank number ITS	GenBank number 26S	Otros
<i>Trichosporon sp.</i>	114126	JX476290	JX476279	IGS1: JX476304
<i>Trichosporon asahii</i>	154953	MG009544	MG009567	IGS1: MG009573
<i>Trichosporon asahii</i>	175559	MT820002	MT814232	IGS1: MT818354
<i>Trichosporon asahii</i>	144768	MT819985	MT814221	IGS1: MT818355
<i>Trichosporon asahii</i>	114122	JX476281	JX476272	IGS1: JX476292
<i>Trichosporon asahii</i>	021060	JX476281	JX476272	IGS1: JX476293
<i>Trichosporon asahii</i>	114118	JX476281	JX476272	IGS1: JX476296
<i>Trichosporon asahii</i>	114119	JX476281	JX476272	IGS1: JX476294
<i>Trichosporon asahii</i>	114128	JX476281	JX476272	IGS1: JX476294
<i>Trichosporon asahii</i>	185799	MT820006	MT814233	IGS1: MT818359
<i>Trichosporon asahii</i>	114130	JX476281	JX476272	IGS1: JX476295
<i>Trichosporon asahii</i>	114127	JX476281	JX476272	IGS1: JX476294
<i>Trichosporon asahii</i>	114125	JX476281	JX476272	IGS1: JX476292
<i>Trichosporon asahii</i>	114124	JX476281	JX476272	IGS1: JX476292
<i>Trichosporon asahii</i>	114121	JX476281	JX476272	IGS1: JX476294
<i>Trichosporon coremiiforme</i>	185781	MH536831	MH536830	IGS1: MH543346
<i>Trichosporon faecale</i>	993262	JX476284	JX476274	IGS1: JX476298
<i>Trichosporon inkin</i>	85105	JX476286	JX476276	IGS1: JX476300
<i>Trichosporon inkin</i>	993198	JX476286	JX476276	IGS1: JX476300
<i>Trichosporon inkin</i>	175464	MT819999	MT814230	IGS1: MT818357
<i>Wickerhamiella pararugosa (Candida pararugosa)</i>	02906	MT819983		
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	052608	JN016740		
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	113925	JN016737		
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	113926	JN016738		
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	113927	JN016739		
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	113928	MG009531	JN031571	
<i>Wickerhamomyces anomalus (Candida pelliculosa)</i>	113929	JN016741		
<i>Wickerhamomyces myanmarensis (Pichia myanmarensis)</i>	031664	MT819984	MT814220	
<i>Wickerhamomyces onychis (Pichia onychis)</i>	216380	PX349425		
<i>Yarrowia lipolytica (Candida lipolytica)</i>	113941	JN021670		
<i>Zygosaccharomyces rouxii</i>	124141	MG009541	MG009565	



**Tabla 2. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división *Ascomycota* con el equipo BRUKER**

Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Arxiozyma</b>	<i>Arxiozyma bovina</i> ( <i>Kazachstania bovina</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Arxiozyma heterogenica</i> ( <i>Kazachstania heterogenica</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Arxiozyma pintolopesii</i> ( <i>Kazachstania pintolopesii</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Arxiozyma slooffiae</i> ( <i>Kazachstania slooffiae</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> group)	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Blastobotrys</b>	<i>Blastobotrys</i> sp.	<i>Blastobotrys</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Candida</b>	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>	Alta	
	<i>Candida atlantica</i>	<i>Candida atlantica</i>	Baja	
	<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Candida dubliniensis</i>	Alta	
	<i>Candida metapsilosis</i>	<i>Candida metapsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida orthopsilosis</i>	<i>Candida orthopsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida palmioleophila</i>	<i>Candida palmioleophila</i>	Baja	
	<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Candida parapsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida sojae</i>	<i>Candida sojae</i>	Baja	
	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Candida tropicalis</i>	Alta	
	<i>Candida viswanathii</i>	<i>Candida viswanathii</i>	Baja	
	<i>Candida zeylanoides</i>	<i>Candida zeylanoides</i>	Baja	
<b>Candidozyma</b>	<i>Candidozyma auris</i> ( <i>Candida auris</i> )	<i>Candidozyma auris</i> ( <i>Candida auris</i> )	Alta	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
	<i>Candidozyma duobushaemuli</i> ( <i>Candida duobushaemulonii</i> )	<i>Candidozyma</i> sp.	Media	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
	<i>Candidozyma haemuli</i> ( <i>Candida haemulonii</i> )	<i>Candidozyma</i> sp.	Media	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
	<i>Candidozyma pseudobushaemuli</i> ( <i>Candida pseudohaemulonii</i> )	<i>Candidozyma</i> sp.	Media	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
<b>Clavispora</b>	<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	<i>Clavispora lusitaniae</i> ( <i>Candida lusitaniae</i> )	Alta	
<b>Cyberlindnera</b>	<i>Cyberlindnera fabianii</i> ( <i>Candida fabianii</i> )	<i>Cyberlindnera fabianii</i> ( <i>Candida fabianii</i> )	Alta	
	<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	<i>Cyberlindnera</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	<i>Cyberlindnera rhodanensis</i>	Baja	



Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Debaryomyces</b>	<i>Debaryomyces fabryi</i>	Complejo <i>Debaryomyces hansenii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> ) con score > 2	<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> )	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> ) con score < 2	Complejo <i>Debaryomyces hansenii</i>	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Debaryomyces nepalensis</i>	Complejo <i>Debaryomyces hansenii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Debaryomyces tyrocola</i>	Complejo <i>Debaryomyces hansenii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Diutina</b>	<i>Diutina catenulata</i> ( <i>Candida catenulata</i> )	<i>Diutina catenulata</i> ( <i>Candida catenulata</i> )	Baja	
	<i>Diutina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	<i>Diutina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	Media	
	<i>Diutina neorugosa</i> ( <i>Candida neorugosa</i> )	<i>Diutina neorugosa</i> ( <i>Candida neorugosa</i> )	Baja	
	<i>Diutina mesorugosa</i> ( <i>Candida mesorugosa</i> )	<i>Diutina mesorugosa</i> ( <i>Candida mesorugosa</i> )	Baja	
<b>Geotrichum</b>	<i>Geotrichum</i> sp.	<i>Geotrichum</i> sp.	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Geotrichum candidum</i> ( <i>Galactomyces candidus</i> , <i>Galactomyces geotrichum</i> )	<i>Geotrichum candidum</i>	Baja	
<b>Hanseniaspora</b>	<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	<i>Hanseniaspora</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Helenezyma</b>	<i>Helenezyma melibiosica</i> ( <i>Candida melibiosica</i> )	<i>Helenezyma melibiosica</i> ( <i>Candida melibiosica</i> )	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Hyphopichia</b>	<i>Hyphopichia burtonii</i>	<i>Hyphopichia burtonii</i>	Baja	
<b>Kluyveromyces</b>	<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefyri</i> )	<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefyri</i> )	Alta	
	<i>Kluyveromyces lactis</i> ( <i>Candida sphaerica</i> )	<i>Kluyveromyces lactis</i> ( <i>Candida sphaerica</i> )	Baja	
<b>Kodamaea</b>	<i>Kodamaea ohmeri</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> var <i>membranifaciens</i> )	<i>Kodamaea ohmeri</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> var <i>membranifaciens</i> )	Media	
<b>Lodderomyces</b>	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	Alta	
<b>Magnusiomyces</b>	<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> , <i>Saprochaete capitata</i> )	<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> , <i>Saprochaete capitata</i> )	Alta	
	<i>Magnusiomyces clavatus</i> ( <i>Saprochaete clavata</i> )	<i>Magnusiomyces clavatus</i> ( <i>Saprochaete clavata</i> )	Baja	
<b>Metschnikowia</b>	<i>Metschnikowia pulcherrima</i> ( <i>Candida pulcherrima</i> )	<i>Metschnikowia pulcherrima</i> ( <i>Candida pulcherrima</i> )	Baja	
<b>Meyerozyma</b>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> ) con score > 2	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Alta	
	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> ) con score < 2	Complejo <i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Alta	
	<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	Complejo <i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Meyerozyma carpophila</i> ( <i>Candida carpophila</i> )	Complejo <i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Nakaseomyces</b>	<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	Alta	
	<i>Nakaseomyces nivariensis</i> ( <i>Candida nivariensis</i> )	<i>Nakaseomyces nivariensis</i> ( <i>Candida nivariensis</i> )	Alta	
	<i>Nakaseomyces bracarensis</i> ( <i>Candida bracarensis</i> )	<i>Nakaseomyces bracarensis</i> ( <i>Candida bracarensis</i> )	Alta	



Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Pichia</b>	<i>Pichia inconspicua</i> ( <i>Candida inconspicua</i> )/ <i>Pichia cactophila</i>	<i>Pichia inconspicua</i> ( <i>Candida inconspicua</i> )/ <i>Pichia cactophila</i>	Alta	
	<i>Pichia pseudocactophila</i>	<i>Pichia</i> sp.	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Pichia norvegensis</i>	<i>Pichia norvegensis</i>	Alta	
	<i>Pichia ethanolica</i> ( <i>Candida ethanolica</i> )	<i>Pichia ethanolica</i> ( <i>Candida ethanolica</i> )	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Pichia fermentans</i> ( <i>Candida lambica</i> )	<i>Pichia fermentans</i> ( <i>Candida lambica</i> )	Baja	
	<i>Pichia kluyveri</i>	<i>Pichia kluyveri</i>	Baja	
	<i>Pichia kudriavzevii</i> ( <i>Candida krusei</i> )	<i>Pichia kudriavzevii</i> ( <i>Candida krusei</i> )	Alta	
	<i>Pichia manshurica</i>	<i>Pichia manshurica</i>	Baja	
	<i>Pichia membranifaciens</i> ( <i>Candida valida</i> )	<i>Pichia membranifaciens</i> ( <i>Candida valida</i> )	Baja	
<b>Saccharomyces</b>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Alta	
<b>Saccharomycopsis</b>	<i>Saccharomycopsis fibuligera</i>	<i>Saccharomycopsis fibuligera</i>	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Starmera</b>	<i>Starmera stellimalicola</i> ( <i>Candida stellimalicola</i> )	<i>Starmera stellimalicola</i> ( <i>Candida stellimalicola</i> )	Baja	
<b>Starmerella</b>	<i>Starmerella magnoliae</i> ( <i>Candida magnoliae</i> )	<i>Starmerella</i> sp.	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Starmerella sorbosivorans</i> ( <i>Candida sorbosivorans</i> )	<i>Starmerella</i> sp.	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Sungouiella</b>	<i>Sungouiella</i> sp.	<i>Sungouiella</i> sp.	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Sungouiella intermedia</i> ( <i>Candida intermedia</i> )	<i>Sungouiella intermedia</i> ( <i>Candida intermedia</i> )	Media	
<b>Tardiomyces (nom. inval.)</b>	<i>Tardiomyces blankii</i> ( <i>Candida blankii</i> )	<i>Tardiomyces blankii</i> ( <i>Candida blankii</i> )	Baja	
<b>Trichomonascus</b>	<i>Trichomonascus ciferrii</i>	Complejo <i>Trichomonascus ciferrii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Trichomonascus ciferrii complex</i>	Complejo <i>Trichomonascus ciferrii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Blastobotrys allociferrii</i> ( <i>Candida allociferrii</i> )	Complejo <i>Trichomonascus ciferrii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Blastobotrys mucifer</i> ( <i>Candida mucifera</i> )	Complejo <i>Trichomonascus ciferrii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Wickerhamiella</b>	<i>Wickerhamiella sorbophila</i> ( <i>Candida infanticola</i> )	<i>Wickerhamiella</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> )	<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> )	Media	
<b>Wickerhamomyces</b>	<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> , <i>Pichia anomala</i> )	<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> , <i>Pichia anomala</i> )	Alta	
	<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i> ( <i>Pichia myanmarensis</i> )	<i>Wickerhamomyces myanmarensis</i> ( <i>Pichia myanmarensis</i> )	Baja	
	<i>Wickerhamomyces onychis</i> ( <i>Pichia onychis</i> )	<i>Wickerhamomyces onychis</i> ( <i>Pichia onychis</i> )	Baja	
<b>Yarrowia</b>	<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	Alta	



**Tabla 3. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división *Basidiomycota* con el equipo BRUKER**

Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b><i>Apiotrichum</i></b>	<i>Apiotrichum</i> sp.	<i>Apiotrichum</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> )	<i>Apiotrichum domesticum</i> / <i>Apiotrichum montevidense</i>	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Apiotrichum loubieri</i> ( <i>Trichosporon loubieri</i> )	<i>Apiotrichum loubieri</i> ( <i>Trichosporon loubieri</i> )	Baja	
	<i>Apiotrichum montevidense</i> ( <i>Trichosporon montevidense</i> )	<i>Apiotrichum domesticum</i> / <i>Apiotrichum montevidense</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Apiotrichum mycotoxinivorans</i> ( <i>Trichosporon mycotoxinivorans</i> )	<i>Apiotrichum mycotoxinivorans</i> ( <i>Trichosporon mycotoxinivorans</i> )	Baja	
<b><i>Bulleromyces</i></b>	<i>Bulleromyces albus</i> ( <i>Bullera alba</i> )	<i>Bulleromyces albus</i> ( <i>Bullera alba</i> )	Baja	
<b><i>Cryptococcus</i></b>	<i>Cryptococcus gattii</i> con score < 2 (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus gattii</i> con score > 2 y no hay otra especie en TOP10 con score > 2 (Base LevDMic v3)	<i>Cryptococcus gattii</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus gattii</i> (Base MBT12438)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus deuterogattii</i> con score < 2 (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus deuterogattii</i> con score > 2 y no hay otra especie en TOP10 con score > 2 (Base LevDMic v3)	<i>Cryptococcus deuterogattii</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus bacillisporus</i> (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus tetragattii</i> (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus decagattii</i> (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus neoformans</i> (genotipos VNI y VNII) con score >1.7 y no hay otra especie en TOP10 con score >1.7 (Base LevDMic v3)	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Alta	
	<i>Cryptococcus neoformans</i> genotipo VNI con score > 2 y no hay otra especie/genotipo en TOP10 con score > 2 (Base LevDMic v3)	<i>Cryptococcus neoformans</i> genotipo VNI	Alta	
	<i>Cryptococcus neoformans</i> genotipo VNII con score > 2 y no hay otra especie/genotipo en TOP10 con score > 2 (Base LevDMic v3)	<i>Cryptococcus neoformans</i> genotipo VNII	Alta	
	<i>Cryptococcus neoformans</i> (genotipos VNI y VNII) con score < 2 (Base MBT12438)	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus neoformans</i> (genotipos VNI y VNII) con score > 2 y no hay otra especie en TOP10 con score > 2 (Base MBT12438)	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Alta	
	<i>Cryptococcus deneoformans</i> (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus neoformans</i> hybrid VNIII (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus neoformans</i> hybrid VNII-VNIV (Base LevDMic v3)	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus deneoformans</i> (Base MBT12438)	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Media	Confirmar por el método de referencia



Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Cutaneotrichosporon</b>	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i> ( <i>Trichosporon cutaneum</i> )	<i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i> ( <i>Trichosporon cutaneum</i> )	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cutaneotrichosporon debeurmannianum</i> ( <i>Trichosporon debeurmannianum</i> )	<i>Cutaneotrichosporon debeurmannianum</i> ( <i>Trichosporon debeurmannianum</i> )	Baja	
	<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i> ( <i>Trichosporon jirovecii</i> )	<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i> ( <i>Trichosporon jirovecii</i> )	Baja	
	<i>Cutaneotrichosporon mucoides/dermatis</i> group	<i>Cutaneotrichosporon mucoides/dermatis</i> group	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Cystobasidium</b>	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	Baja	
	<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> )	<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> )	Baja	
<b>Dirkmeia</b>	<i>Dirkmeia churashimaensis</i> ( <i>Pseudozyma churashimaensis</i> )	<i>Dirkmeia churashimaensis</i> ( <i>Pseudozyma churashimaensis</i> )	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Filobasidium</b>	<i>Filobasidium mali</i>	<i>Filobasidium mali</i>	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Filobasidium magnum</i> ( <i>Cryptococcus magnum</i> )	<i>Filobasidium magnum</i> ( <i>Cryptococcus magnum</i> )	Media	
	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	Baja	
<b>Hannaella</b>	<i>Hannaella luteola</i> ( <i>Cryptococcus luteolus</i> )	<i>Hannaella luteola</i> ( <i>Cryptococcus luteolus</i> )	Baja	
<b>Malassezia</b>	<i>Malassezia dermatis</i>	<i>Malassezia dermatis</i>	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Malassezia furfur</i>	<i>Malassezia furfur</i>	Alta	
	<i>Malassezia japonica</i>	<i>Malassezia japonica</i>	Baja	
	<i>Malassezia globosa</i>	<i>Malassezia globosa</i>	Media	
	<i>Malassezia pachydermatis</i>	<i>Malassezia pachydermatis</i>	Alta	
	<i>Malassezia sympodialis</i>	<i>Malassezia sympodialis</i>	Media	
	<i>Malassezia slooffiae</i>	<i>Malassezia slooffiae</i>	Referencia	Confirmar por el método de referencia
<b>Moesziomyces</b>	<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	<i>Moesziomyces aphidis</i> ( <i>Pseudozyma aphidis</i> )	Media	
<b>Naganishia</b>	<i>Naganishia adeliensis</i> ( <i>Cryptococcus adeliensis</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia albidus</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia albidosimilis</i> ( <i>Cryptococcus albidosimilis</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Media	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia globosa</i> ( <i>Cryptococcus saitoi</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia liquefaciens</i> ( <i>Cryptococcus liquefaciens</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Papiliotrema</b>	<i>Papiliotrema flavescens</i> ( <i>Cryptococcus flavescens</i> )	<i>Papiliotrema</i> sp.	Referencia	Confirmar por el método de referencia
	<i>Papiliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	<i>Papiliotrema</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Papiliotrema terrestri</i> ( <i>Cryptococcus terrestri</i> )	<i>Papiliotrema</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Pseudozyma</b>	<i>Pseudozyma hubeiensis</i>	<i>Pseudozyma hubeiensis</i>	Baja	



Género	Resultado BRUKER (LevDMic + MBT12438)	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Rhodotorula</b>	<i>Rhodotorula dairenensis</i>	<i>Rhodotorula dairenensis</i>	Baja	
	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Alta	
<b>Sterigmatomyces</b>	<i>Sterigmatomyces elviae</i>	<i>Sterigmatomyces elviae</i>	Baja	
<b>Trichosporon</b>	<i>Trichosporon asahii</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	Alta	
	<i>Trichosporon coremiiforme</i>	<i>Trichosporon coremiiforme</i>	Baja	
	<i>Trichosporon faecale</i>	<i>Trichosporon faecale</i>	Baja	
	<i>Trichosporon inkin</i>	<i>Trichosporon inkin</i> / <i>ovoides</i> / <i>austroamericanum</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Trichosporon japonicum</i>	<i>Trichosporon japonicum</i> / <i>Trichosporon asteroides</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Trichosporon ovoides</i>	<i>Trichosporon inkin</i> / <i>Trichosporon ovoides</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Vanrija</b>	<i>Vanrija humicola</i> ( <i>Cryptococcus humicola</i> )	<i>Vanrija humicola</i> ( <i>Cryptococcus humicola</i> )	-	Confirmar por el método de referencia



## SECCIÓN 3- VERIFICACIÓN DE LA BASE VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17

### Materiales y métodos

La verificación se realizó con un total de 491 cepas caracterizadas por el método de referencia pertenecientes a 73 taxones *Ascomycota* y 29 taxones *Basidiomycota*. La gran mayoría de estas cepas pertenecen a la colección de cultivos del Departamento Micología (DMic). Además, se incluyeron cepas de la "American Type Culture Collection" (ATCC) y cepas provista por el "Centers for Diseases Control and Prevention" (CDC). Las cepas fueron subcultivadas en medio SDA a 30 °C durante 24-48 h, y la identificación por MALDI-TOF se realizó utilizando el procedimiento de extracción *in-situ* en placa según el protocolo recomendado por el fabricante. La identificación se realizó utilizando el equipo VITEK MS PRIME y la base IVD v3.3. Sólo en caso de no obtener una identificación (luego de repetir la identificación con la base IVD) se realizó la identificación con la base SARAMIS v4.17.

### Resultados globales

RESULTADOS LEVADURAS ASCOMYCOTA	Nro. de cepas	Porcentaje (%)
Identificación correcta (IVD + SARAMIS)	330	86,8
No Identificación correcta (no está en las bases )	28	7,4
No Identificación (está en alguna de las bases)	3	0,8
Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)	13	3,4
Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)	6	1,6

RESULTADOS LEVADURAS BASIDIOMYCOTA	Nro. de cepas	Porcentaje (%)
Identificación correcta (IVD + SARAMIS)	82	73,9
No Identificación correcta (no está en las bases )	22	19,8
No Identificación (está en alguna de las bases)	6	5,4
Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)	0	0
Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)	1	0,9



## Recomendaciones

En base a los resultados de identificación, y su comparación con la identificación por el método de referencia, se establecieron las recomendaciones disponibles en la próxima sección y resumidas en las tablas 4 y 5. Estas recomendaciones fueron clasificadas en base a la evidencia como:

**(-):** no hay evidencia.

**Referencia:** se utilizó la misma cepa del espectro de referencia para la identificación debido a que no se poseen otras cepas de la misma especie en la colección de cultivos DMic.

**Baja:** se utilizaron menos de 5 cepas para la identificación.

**Media:** se utilizaron entre 5-9 cepas para la identificación.

**Alta:** se utilizaron 10 o más cepas para la identificación.



**Tabla 4. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división *Ascomycota* con el equipo VITEK MS PRIME y las bases VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17**

Género	Resultado VITEK	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Arxiozyma</b>	<i>Arxiozyma slooffiae</i> ( <i>Kazachstania slooffiae</i> )	Complejo <i>Arxiozyma telluris</i> ( <i>Kazachstania telluris</i> )	Media	Confirmar por el método de referencia
<b>Candida</b>	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>	Alta	
	<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Candida dubliniensis</i>	Media	
	<i>Candida metapsilosis</i>	<i>Candida metapsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida orthopsilosis</i>	<i>Candida orthopsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida palmiophila</i>	<i>Candida palmiophila</i>	Baja	
	<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Candida parapsilosis</i>	Alta	
	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Candida tropicalis</i>	Alta	
	<i>Candida viswanathii</i>	<i>Candida viswanathii</i>	Baja	
	<i>Candida zeylanoides</i>	<i>Candida zeylanoides</i>	Baja	
<b>Clavispora</b>	<i>Clavispora lusitanae</i> ( <i>Candida lusitanae</i> )	<i>Clavispora lusitanae</i> ( <i>Candida lusitanae</i> )	Alta	
<b>Candidozyma</b>	<i>Candidozyma auris</i> ( <i>Candida auris</i> )	<i>Candidozyma auris</i> ( <i>Candida auris</i> )	Alta	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
	<i>Candidozyma duobushaemuli</i> ( <i>Candida duobushaemulonii</i> )	<i>Candidozyma sp.</i>	Media	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
	<i>Candidozyma haemuli</i> ( <i>Candida haemulonii</i> )	<i>Candidozyma sp.</i>	Media	Confirmar por el método de referencia. Derivar al Laboratorio Nacional de Referencia
<b>Cyberlindnera</b>	<i>Cyberlindnera fabianii</i> ( <i>Candida fabianii</i> )	<i>Cyberlindnera fabianii</i> ( <i>Candida fabianii</i> )	Baja	
	<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	<i>Cyberlindnera jadinii</i> ( <i>Candida utilis</i> )	Baja	
<b>Debaryomyces</b>	<i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> )	Complejo <i>Debaryomyces hansenii</i> ( <i>Candida famata</i> )	Media	Confirmar por el método de referencia
<b>Diutina</b>	<i>Diutina catenulata</i> ( <i>Candida catenulata</i> )	<i>Diutina catenulata</i> ( <i>Candida catenulata</i> )	Baja	
	<i>Diutina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	Complejo <i>Diutina rugosa</i> ( <i>Candida rugosa</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Geotrichum</b>	<i>Geotrichum sp.</i>	<i>Geotrichum sp.</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Geotrichum candidum</i> ( <i>Galactomyces candidus</i> , <i>Galactomyces geotrichum</i> , <i>Geotrichum silvicola</i> ) / <i>Geotrichum klebahnii</i>	<i>Geotrichum candidum</i> / <i>Geotrichum klebahnii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Helеноzyma</b>	<i>Helеноzyma melibiosica</i> ( <i>Candida melibiosica</i> )	<i>Helеноzyma melibiosica</i> ( <i>Candida melibiosica</i> )	Baja	
<b>Kluyveromyces</b>	<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefir</i> )	<i>Kluyveromyces marxianus</i> ( <i>Candida kefir</i> )	Alta	
	<i>Kluyveromyces lactis</i> ( <i>Candida sphaerica</i> )	<i>Kluyveromyces lactis</i> ( <i>Candida sphaerica</i> )	Baja	
<b>Kodamaea</b>	<i>Kodamaea ohmeri</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> var <i>membranifaciens</i> )	<i>Kodamaea ohmeri</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> var <i>membranifaciens</i> )	Alta	
<b>Lodderomyces</b>	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	<i>Lodderomyces elongisporus</i>	Media	



Género	Resultado VITEK	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b>Magnusiomyces</b>	<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> , <i>Saprochaete capitata</i> )	<i>Magnusiomyces capitatus</i> ( <i>Geotrichum capitatum</i> , <i>Saprochaete capitata</i> )	Baja	
	<i>Magnusiomyces clavatus</i> ( <i>Saprochaete clavata</i> )	<i>Magnusiomyces clavatus</i> ( <i>Saprochaete clavata</i> )	-	Confirmar por el método de referencia
<b>Metschnikowia</b>	<i>Metschnikowia pulcherrima</i> ( <i>Candida pulcherrima</i> )	<i>Metschnikowia pulcherrima</i> ( <i>Candida pulcherrima</i> )	-	Confirmar por el método de referencia
<b>Meyerozyma</b>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Complejo <i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Meyerozyma caribbica</i> ( <i>Candida fermentati</i> )	Complejo <i>Meyerozyma guilliermondii</i> ( <i>Candida guilliermondii</i> )	Media	Confirmar por el método de referencia
<b>Nakaseomyces</b>	<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	<i>Nakaseomyces glabratus</i> ( <i>Candida glabrata</i> )	Alta	
	<i>Nakaseomyces nivariensis</i> ( <i>Candida nivariensis</i> )	<i>Nakaseomyces nivariensis</i> ( <i>Candida nivariensis</i> )	Media	
	<i>Nakaseomyces bracarensis</i> ( <i>Candida bracarensis</i> )	<i>Nakaseomyces bracarensis</i> ( <i>Candida bracarensis</i> )	Media	
<b>Pichia</b>	<i>Pichia inconspicua</i> ( <i>Candida inconspicua</i> )/ <i>Pichia cactophila</i>	<i>Pichia inconspicua</i> ( <i>Candida inconspicua</i> )/ <i>Pichia cactophila</i>	Alta	
	<i>Pichia norvegensis</i>	<i>Pichia norvegensis</i>	Media	
	<i>Pichia fermentans</i> ( <i>Candida lambica</i> )	<i>Pichia fermentans</i> ( <i>Candida lambica</i> )	Baja	
	<i>Pichia kudriavzevii</i> ( <i>Candida krusei</i> )	<i>Pichia kudriavzevii</i> ( <i>Candida krusei</i> )	Alta	
	<i>Pichia membranifaciens</i> ( <i>Candida valida</i> )	<i>Pichia membranifaciens</i> ( <i>Candida valida</i> )	Baja	
<b>Saccharomyces</b>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Alta	
<b>Starmerella</b>	<i>Starmerella magnoliae</i> ( <i>Candida magnoliae</i> )	<i>Starmerella</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Sungouiella</b>	<i>Sungouiella intermedia</i> ( <i>Candida intermedia</i> )	<i>Sungouiella intermedia</i> ( <i>Candida intermedia</i> )	Media	
<b>Tardiomyces (nom. inval.)</b>	<i>Tardiomyces blankii</i> ( <i>Candida blankii</i> )	<i>Tardiomyces blankii</i> ( <i>Candida blankii</i> )	Baja	
<b>Trichomonascus</b>	<i>Trichomonascus ciferrii</i>	Complejo <i>Trichomonascus ciferrii</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b>Wickerhamiella</b>	<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> )	<i>Wickerhamiella pararugosa</i> ( <i>Candida pararugosa</i> )	Media	
<b>Wickerhamomyces</b>	<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> , <i>Pichia anomala</i> )	<i>Wickerhamomyces anomalus</i> ( <i>Candida pelliculosa</i> , <i>Pichia anomala</i> )	Alta	
<b>Yarrowia</b>	<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	<i>Yarrowia lipolytica</i> ( <i>Candida lipolytica</i> )	Media	



**Tabla 5. Recomendaciones para la identificación de levaduras de la división *Basidiomycota* con el equipo VITEK MS PRIME y las bases VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17**

Género	Resultado VITEK	Informar	Evidencia	Identificación definitiva a nivel de especie
<b><i>Apiotrichum</i></b>	<i>Apiotrichum domesticum</i> ( <i>Trichosporon domesticum</i> )	<i>Apiotrichum domesticum</i>	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Apiotrichum loubieri</i> ( <i>Trichosporon loubieri</i> )	<i>Apiotrichum loubieri</i> ( <i>Trichosporon loubieri</i> )	Baja	
<b><i>Bulleromyces</i></b>	<i>Bulleromyces albus</i> ( <i>Bullera alba</i> )	<i>Bulleromyces albus</i> ( <i>Bullera alba</i> )	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Cryptococcus</i></b>	<i>Cryptococcus gattii</i>	Complejo <i>Cryptococcus gattii</i>	Alta	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Complejo <i>Cryptococcus neoformans</i>	Alta	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Cutaneotrichosporon</i></b>	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	<i>Cutaneotrichosporon curvatum</i> ( <i>Cryptococcus curvatus</i> )	Baja	
	<i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i> ( <i>Trichosporon cutaneum</i> )	<i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i> ( <i>Trichosporon cutaneum</i> )	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Cutaneotrichosporon mucoides/dermatis</i> group	<i>Cutaneotrichosporon mucoides/dermatis</i> group	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Cystobasidium</i></b>	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	<i>Cystobasidium minutum</i> ( <i>Rhodotorula minuta</i> )	Baja	
	<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> )	<i>Cystobasidium slooffiae</i> ( <i>Rhodotorula slooffiae</i> )	Baja	
<b><i>Filobasidium</i></b>	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	<i>Filobasidium uniguttulatum</i> ( <i>Cryptococcus uniguttulatus</i> )	Baja	
<b><i>Malassezia</i></b>	<i>Malassezia furfur</i>	<i>Malassezia furfur</i>	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Malassezia globosa</i>	<i>Malassezia globosa</i>	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Malassezia pachydermatis</i>	<i>Malassezia pachydermatis</i>	Alta	
<b><i>Naganishia</i></b>	<i>Naganishia albida</i> ( <i>Cryptococcus albidus</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Naganishia diffluens</i> ( <i>Cryptococcus diffluens</i> )	<i>Naganishia</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Papilliotrema</i></b>	<i>Papilliotrema laurentii</i> ( <i>Cryptococcus laurentii</i> )	<i>Papilliotrema</i> sp.	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Rhodotorula</i></b>	<i>Rhodotorula mucilaginoso</i>	<i>Rhodotorula mucilaginoso</i>	Media	
<b><i>Trichosporon</i></b>	<i>Trichosporon asahii</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	Alta	
	<i>Trichosporon asteroides</i>	<i>Trichosporon asteroides</i>	-	Confirmar por el método de referencia
	<i>Trichosporon inkin</i>	<i>Trichosporon inkin</i> / <i>Trichosporon ovoides</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
	<i>Trichosporon ovoides</i>	<i>Trichosporon inkin</i> / <i>ovoides</i>	Baja	Confirmar por el método de referencia
<b><i>Vanrija</i></b>	<i>Vanrija humicola</i> ( <i>Cryptococcus humicola</i> )	<i>Vanrija humicola</i> ( <i>Cryptococcus humicola</i> )	-	Confirmar por el método de referencia



## SECCIÓN 4- ANALISIS DETALLADO POR ESPECIE PARA LA IDENTIFICACION DE LEVADURAS POR MALDI-TOF

### DIVISIÓN ASCOMYCOTA

#### *Arxiozyma*

- **Complejo *Arxiozyma telluris* (*Kazachstania telluris*)**

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica correctamente el complejo, pero hay escasa evidencia de las especies dentro del complejo. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia correctamente las especies, hay sólo 1 especie en la base de datos. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Arxiozyma bovina* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

*Arxiozyma heterogenica* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

*Arxiozyma pintolopesii* BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Arxiozyma slooffiae* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

*Arxiozyma telluris* BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Arxiozyma telluris* group BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** [3–7], este estudio

#### *Blastobotrys*

**Especies:** Aunque éste género no es generalmente reconocido como patógeno humano, se han reportado casos de infección en humanos en pacientes inmunocomprometidos o paciente con fibrosis quística en las siguientes especies: *Blastobotrys adenivorans*, *Blastobotrys raffinosifermentans*, *Blastobotrys proliferans*, *Blastobotrys serpentis* y *Blastobotrys mokoenaui*. Estas especies son capaces de crecer a 37 °C.

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** hay sólo un espectro de referencia del género y escasa evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Blastobotrys* sp. BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

**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:** [8–11], este estudio



## **Candida**

- **Complejo *Candida albicans***

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

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** en nuestro estudio se diferenció correctamente *C. albicans* de *C. dubliniensis*, pero estudios multicéntricos han mostrado en algunos casos una mala diferenciación entre estas dos especies cercanas.

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

*Candida albicans* BRUKER MBT 12438: 31, LevDMic v3: 11, VITEK IVD v3.3: SI

*Candida dubliniensis* BRUKER MBT 12438: 18, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1,12–15], este estudio

\*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* [16]. 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 distinguirlas.

- ***Candida atlantica***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** este estudio

- ***Candida palmioleophila***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 17, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

**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 fluvialtilis*. La secuenciación de EF-1a, RPB1 o RPB2 permite una mejor separación de estas especies.

**Referencias:** [17–19], este estudio

- **Complejo *Candida parapsilosis***

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

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** en nuestro estudio se diferenció correctamente las tres especies, pero estudios multicéntricos han mostrado en algunos casos una mala diferenciación entre *C. parapsilosis* y *C.*



*orthopsilosis*.

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

*Candida metapsilosis* BRUKER MBT 12438: 21, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

*Candida orthopsilosis* BRUKER MBT 12438: 22, LevDMic v3: 4, VITEK IVD v3.3: SI

*Candida parapsilosis* BRUKER MBT 12438: 22, LevDMic v3: 12, VITEK IVD v3.3: SI

**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:** [1,20], este estudio

- ***Candida sojae***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** [21], este estudio

- ***Candida tropicalis***

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 24, LevDMic v3: 8, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1], este estudio

- ***Candida viswanathii***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [22]

- ***Candida zeylanoides***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 19, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21]

## ***Clavispora***

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

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 22, LevDMic v3: 12, VITEK IVD v3.3: SI

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



**Referencias:** [1,23,24], este estudio

### ***Candidozyma***

**Especies:** El género *Candidozyma* fue recientemente descrito y está formado actualmente por 13 especies de las cuales 6 han sido reportadas como patógenos humanos: *Candidozyma auris*, *Candidozyma duobushaemuli*, *Candidozyma haemuli*, *Candidozyma khanbai*, *Candidozyma pseudohaemuli* y *Candidozyma vulturna*. Estas especies son difíciles de diferenciar por los métodos fenotípicos convencionales. No todas las especies están representadas en las bases de datos. La identificación de cualquiera de las especies del género debe ser confirmada por el método de referencia debido a la importancia clínica y epidemiológica de estas especies.

- ***Candidozyma auris (Candida auris)***

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** 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:** BRUKER MBT 12438: 16, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [25–28], este estudio

**Nota:** Los métodos fenotípicos convencionales no permiten diferenciar *C. auris* de las otras especies del género con confianza [29]. Derivar al laboratorio nacional de referencia y reportar en SISA.

- ***Candidozyma duobushaemuli (Candida duobushaemulonii)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** no diferencia *Cz. duobushaemulonii* de *Cz. pseudohaemuli* y *Cz. vulturna*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica correctamente la especie. Sin embargo, no hay espectros de referencia de todas las especies cercanas. *Cz. pseudohaemuli* ha sido erróneamente identificada como *Cz. duobushaemuli*. La identificación a nivel de especies debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 16, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: SI

**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:** [1,25,28–30], este estudio

- ***Candidozyma haemuli (Candida haemulonii)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica a nivel de especie, pero no diferencia *Cz. haemuli* de *Cz. haemuli var vulneris*. Sin embargo, estudios recientes muestran que *Cz. haemuli var. vulneris* no muestra diferencias filogenómicas que justifiquen su diferenciación como un taxón separado de *Cz. haemuli*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica correctamente la especie. Sin embargo, no hay espectros de referencia de todas las especies cercanas. *Cz. pseudohaemuli* ha sido erróneamente identificada como *Cz. haemuli*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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



*Candida haemulonii* BRUKER MBT 12438: 12, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

*Candida haemulonii var vulnera* BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

**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:** [1,25,28–30], este estudio

- ***Candidozyma pseudobushaemuli (Candida pseudohaemulonii)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero no la diferencia de *Cz. duobusdohaemuli* ni *Cz. vulturna*. La identificación a nivel de especies debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

**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:** [1,25,28–30], este estudio

## ***Cyberlindnera***

- ***Cyberlindnera fabianii (Candida fabianii)***

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 8, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI (RUO)

**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.

**Referencias:** [31–34], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** *Candida mengyunia* ha sido identificada erróneamente como *C. jadinii*. La identificación a nivel de especies debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 17, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO (SI en base RUO)

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

**Referencias:** [34–36], este estudio

- ***Cyberlindnera rhodanensis***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: NO

**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*. Algunas especies no desarrollan a 37 °C.

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica a nivel de Complejo *D. hansenii*. Identifica correctamente *D. hansenii* a nivel de especie utilizando un score > 2. No hay espectros de referencia de todas las especies en las bases de datos. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie *D. hansenii*, pero hay poca evidencia. No hay espectros de referencias de todas las especies en la base de datos. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Debaryomyces fabryi* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

*Debaryomyces hansenii* BRUKER MBT 12438: 19, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

*Debaryomyces nepalensis* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

*Debaryomyces tyrocola* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

*Debaryomyces maramus* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Debaryomyces vindobonensis* BRUKER MBT 12438: 5, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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*.

**Referencia:** [1,37,38], este estudio

## **Diutina**

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 9, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21], este estudio

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

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica las especies *D. rugosa*, *D. neorugosa* y *D. mesorugosa*. No hay espectros de *Diutina pseudorugosa*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** *D. neorugosa* ha sido erróneamente identificada como *D. rugosa*. No hay espectros de referencias de todas las especies en la base de datos. La identificación a nivel de especies



debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Diutina rugosa* BRUKER MBT 12438: 6, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

*Diutina neorugosa* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

*Diutina mesorugosa* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** [39,40], este estudio

## ***Geotrichum***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia *Geotrichum candidum* de *Geotrichum klebahnii*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Geotrichum sp.* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: SI

*Geotrichum candidum* BRUKER MBT 12438: 12, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Geotrichum candidum/Geotrichum klebahnii* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [24,35,42], este estudio

- ***Geotrichum klebahnii***

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia *Geotrichum klebahnii* de *Geotrichum candidum*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Geotrichum candidum/Geotrichum klebahnii* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [24,35,42,43], este estudio

## ***Hanseniaspora***

- ***Hanseniaspora opuntiae***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia de la especie y de especies relacionadas. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Hanseniaspora opuntiae* BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

**Especies relacionadas que tienen espectro en las bases:**

*Hanseniaspora lachancei* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Hanseniaspora uvarum* BRUKER MBT 12438: 21, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

No hay espectros de otras especies cercanas en las bases de datos como *Hanseniaspora guillermondii*, *Hanseniaspora pseudoguilliermondii*, *Hanseniaspora clermontiae*.

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

**Referencia:** [21], este estudio



## ***Helenozyma***

- ***Helenozyma melibiosica (Candida melibiosica)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [41], este estudio

## ***Hyphopichia***

- ***Hyphopichia burtonii***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 5, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** este estudio

## ***Kluyveromyces***

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

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 24, LevDMic v3: 4, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1,21,24], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 14, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [24,36,44], este estudio

## ***Kodamaea***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie.

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 25, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21,36,45], este estudio



## ***Lodderomyces***

- ***Lodderomyces elongisporus***

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21,24,46,47], este estudio

## ***Magnusiomyces***

- ***Magnusiomyces capitatus (Geotrichum capitatum, Saprochaete capitata)***

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 25, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21,24,48,49], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [48–50], este estudio

## ***Metschnikowia***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 6, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21,51]

## ***Meyerozyma***

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

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



**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica y diferencia correctamente *M. guilliermondii* de *M. caribbica* y *M. carpophila* utilizando un score de 2.00 pero no diferencia *M. caribbica* de *M. carpophila*. La identificación de estas dos especies debe confirmarse por la técnica de referencia por secuenciación.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica el complejo, pero no diferencia correctamente las especies. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Meyerozyma guilliermondii* BRUKER MBT 12438: 23, LevDMic v3: 11, VITEK IVD v3.3: SI

*Meyerozyma caribbica* BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

*Meyerozyma carpophila* BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

**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:** [1,38], este estudio

## ***Nakaseomyces***

- **Complejo *Nakaseomyces glabratus* (*Candida glabrata*)**

**Especies:** *Nakaseomyces glabratus*, *Nakaseomyces nivariensis*, *Nakaseomyces bracarensis*

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica y diferencia correctamente las especies 3 especies.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** en nuestro estudio se diferenció correctamente las 3 especies, pero estudios multicéntricos han mostrado en algunos casos una mala diferenciación entre estas tres especies cercanas.

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

*Nakaseomyces bracarensis* BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO (SI en base RUO)

*Nakaseomyces glabratus* BRUKER MBT 12438: 27, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

*Nakaseomyces nivariensis* BRUKER MBT 12438: 10, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1,52–55], este estudio

## ***Pichia***

- **Complejo *Pichia cactophila***

**Especies:** *Pichia inconspicua* (*Candida inconspicua*)\*, *Pichia alaskabaensis*, *Pichia cactophila*\*, *Pichia pseudocactophila*, *Pichia norvegensis* (*Candida norvegensis*), *Pichia galeolata*

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica correctamente las especies *Pichia cactophila*/*P. inconspicua* y *P. norvegensis*. Sin embargo, hay poca evidencia de especies relacionadas. No hay espectros de referencia de *P. alaskabaensis* y *Pichia galeolata*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica las especies *Pichia cactophila*/*P. inconspicua* y *P. norvegensis*. Sin embargo, hay poca evidencia de especies relacionadas. No hay espectros de referencia de *P. pseudocactophila*, *P. alaskabaensis* y *Pichia galeolata*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse



por el método de referencia.

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

*Pichia inconspicua/Pichia cactophila* BRUKER MBT 12438: 16, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

*Pichia pseudocactophila* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Pichia norvegensis* BRUKER MBT 12438: 15, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [21,36,56], este estudio

\*La clasificación taxonómica de *P. inconspicua* y *P. cactophila* es incierta. Se ha propuesto que ambas son la misma especie. Sin embargo, recientemente se ha rechazado esa propuesta. En este manual continuaremos nombrando ambas como parte del mismo taxón hasta que su clasificación taxonómica sea más clara.

- ***Pichia ethanolica (Candida ethanolica)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 17, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [21,24,35]

- ***Pichia kluyveri***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [21], este estudio

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

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 24, LevDMic v3: 5, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1], este estudio

- ***Pichia manshurica***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

**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: [21,24], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 18, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

**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:** [21,24]

## ***Saccharomyces***

- ***Saccharomyces cerevisiae***

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 24, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1,21,24,44], este estudio

## ***Saccharomyopsis***

- ***Saccharomyopsis fibuligera***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

## ***Starmera***

- ***Starmera stellimalicola (Candida stellimalicola)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** este estudio

## ***Starmerella***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. No hay evidencia en este estudio.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia correctamente *S. sorbosivorans* de *S. magnoliae*. No hay espectros de referencia de *S. sorbosivorans*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el



método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [21]

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. Puede no diferenciarla de especies cercanas.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencias:** este estudio

### ***Sungoiella***

- ***Sungoiella intermedia (Candida intermedia)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero no hay evidencia de la especie relacionada *Candida pseudointermedia* ya que no se encuentra en las bases de datos.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero no hay evidencia de la especie relacionada *Candida pseudointermedia* ya que no se encuentra en las bases de datos.

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

*Candida intermedia* BRUKER MBT 12438: 14, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

**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:** [57], este estudio

### ***Tardiomyces***

- ***Tardiomyces blankii (Candida blankii)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. No hay espectros en las bases de datos de las especies relacionadas *Tardiomyces depauwii* y *Tardiomyces digboiensis (Candida digboiensis)*.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. No hay espectros en las bases de datos de las especies relacionadas *Tardiomyces depauwii* y *Tardiomyces digboiensis (Candida digboiensis)*.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 9, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencias:** [1,58], este estudio

### ***Trichomonascus***

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

**Especies:** *Trichomonascus ciferrii*, *Blastobotrys allociferrii (Candida allociferrii)*, *Blastobotrys mucifer (Candida mucifera)*



**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Hay poca evidencia y no hay espectro de *Blastobotrys mucifer* en las bases de datos. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Hay poca evidencia y no hay espectro de *Blastobotrys mucifer* en las bases de datos. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Blastobotrys allociferii* BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

*Trichomonascus ciferrii* BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

*Trichomonascus ciferrii* complex LevDMic v3: 1

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

**Referencias:** [21,35,59], este estudio

## ***Wickerhamiella***

- ***Wickerhamiella sorbophila (Wickerhamiella infanticola, Candida infanticola)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie.

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 15, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [21,24,36], este estudio

## ***Wickerhamomyces***

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

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 17, LevDMic v3: 6, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

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



**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

**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 BRUKER + LevDMic:** identifica la especie correctamente.

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 22, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1,60], este estudio

## **DIVISIÓN *BASIDIOMYCOTA***

### ***Apiotrichum***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente la especie de *Apiotrichum montevidense*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio

- ***Apiotrichum loubieri (Trichosporon loubieri)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 6, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

**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 BRUKER + LevDMic:** No diferencia la especie correctamente de *Apiotrichum domesticum*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [61–63], este estudio



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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

**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:** [62], este estudio

### ***Bulleromyces***

- ***Bulleromyces albus (Bullera alba)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

### ***Cryptococcus***

- ***Complejo Cryptococcus gattii***

**Especies:** *Cryptococcus gattii*, *Cryptococcus deuterogattii*, *Cryptococcus bacillisporus*, *Cryptococcus tetragattii*, *Cryptococcus decagattii*

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica correctamente el complejo. Identifica correctamente *C. gattii* y *C. deuterogattii* a nivel de especie con score > 2 y no hay otra especie en TOP10 con score > 2 utilizando la base LevDMic. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica el complejo, pero no hay espectros de las distintas especies del complejo. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Cryptococcus gattii sensu lato* BRUKER MBT 12438: 20, LevDMic v3: 17, VITEK IVD v3.3: SI

*Cryptococcus gattii sensu stricto* LevDMic v3: 6

*Cryptococcus deuterogattii* LevDMic v3: 6

*Cryptococcus bacillisporus* LevDMic v3: 2

*Cryptococcus tetragattii* LevDMic v3: 1

*Cryptococcus decagattii* LevDMic v3: 2

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

**Referencias:** [64], este estudio

- ***Complejo Cryptococcus neoformans***

**Especies:** *Cryptococcus neoformans*, *Cryptococcus deneoformans*, Híbrido *Cryptococcus neoformans* x *Cryptococcus deneoformans*

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica correctamente el complejo, diferencia correctamente *Cryptococcus neoformans* de *Cryptococcus deneoformans* y los híbridos *C. neoformans* x *C.*



*deneoformans*. Sin embargo, no diferencia 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. Identifica correctamente *C. neoformans* genotipo VNI y *C. neoformans* genotipo VNII a nivel de especie con score > 2 y no hay otra especie en TOP10 con score > 2 utilizando la base LevDMic. **Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica el complejo, pero no hay espectros de las distintas especies del complejo y los híbridos. La identificación a nivel de especie/híbrido debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Cryptococcus neoformans sensu lato* BRUKER MBT 12438: 23, LevDMic v3: 25, VITEK IVD v3.3: SI

*Cryptococcus neoformans sensu stricto* BRUKER MBT 12438: 15, LevDMic v3: 12

*Cryptococcus deneoformans* BRUKER MBT 12438: 12, LevDMic v3: 6

Híbrido *Cryptococcus neoformans* x *Cryptococcus deneoformans* VNIII LevDMic v3: 2

Híbrido *Cryptococcus neoformans* x *Cryptococcus deneoformans* VNII-VNIV LevDMic v3: 5

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

**Referencias:** [64], este estudio

## ***Cutaneotrichosporon***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [21,65], este estudio

- ***Cutaneotrichosporon cutaneum (Trichosporon cutaneum)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [62]

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [63], este estudio

- ***Cutaneotrichosporon dermatitis (Trichosporon dermatitis)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** En las bases de datos se encuentra a nivel de grupo con *Cutaneotrichosporon mucooides* ya que la técnica MALDI-TOF no diferencia entre estas dos especies. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.



**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** En las bases de datos se encuentra a nivel de grupo con *Cutaneotrichosporon mucooides* ya que la técnica MALDI-TOF no diferencia entre estas dos especies. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Cutaneotrichosporon mucooides/dermatis group* BRUKER MBT 12438: 21, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [49,61–63], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [35,61,62], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** En las bases de datos se encuentra a nivel de grupo con *Cutaneotrichosporon dermatis* ya que la técnica MALDI-TOF no diferencia entre estas dos especies. La identificación debe confirmarse con la técnica de referencia por secuenciación.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** En las bases de datos se encuentra a nivel de grupo con *Cutaneotrichosporon dermatis* ya que la técnica MALDI-TOF no diferencia entre estas dos especies. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

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

*Cutaneotrichosporon mucooides/dermatis group* BRUKER MBT 12438: 21, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [49,61–63], este estudio

## ***Cystobasidium***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 6, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

**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 BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio

## ***Dirkmeia***



- ***Dirkmeia churashimaensis (Pseudozyma churashimaensis)***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

### ***Filobasidium***

- ***Filobasidium mali***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

**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 BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 6, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1,21]

### ***Hannaella***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** puede identificarla erróneamente como *Rhodotorula mucilaginosa*.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

### ***Malassezia***

- ***Malassezia dermatis***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.



**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO  
**Método de referencia:** secuenciación de las regiones ITS y D1/D2 del 26s del ADN ribosomal.  
**Referencia:** este estudio [66–69]

- ***Malassezia furfur***

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

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero no hay evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 13, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio [66–69]

- ***Malassezia japonica***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio [66–69]

- ***Malassezia globosa***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** identifica la especie, pero no hay evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio [66–69]

- ***Malassezia pachydermatis***

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

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 14, LevDMic v3: 7, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [21,24,44,70], este estudio

- ***Malassezia slooffiae***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

- ***Malassezia sympodialis***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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



Referencia: este estudio

### ***Moesziomyces***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [71], este estudio

### ***Naganishia***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero no hay evidencia en nuestro estudio. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [72]

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente entre *N. albida* y *N. liquefaciens*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente entre *N. albidosimilis* y *N. diffluens*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

**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 BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente entre *N. albidosimilis* y *N. diffluens*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO (SI



en la base RUO)

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

**Referencia:** [21,35], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 3, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [36], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** *Naganishia albida* es identificada erróneamente como *Naganishia liquefaciens*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [21], este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

## ***Papiliotrema***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente *P. flavescens* de *P. terrestri*. Hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 5, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** este estudio

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



**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** No diferencia correctamente *P. flavescens* de *P. terrestris*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** este estudio

### ***Pseudozyma***

- ***Pseudozyma hubeiensis***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

**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 BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie correctamente.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** puede identificar erróneamente *Hannaella luteola* (*Cryptococcus luteolus*) como *Rhodotorula mucilaginosa*. Sin embargo, las colonias de *H. luteola* son de color crema, mientras que *R. mucilaginosa* presente colonias color naranja.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 22, LevDMic v3: 4, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1], este estudio

### ***Sterigmatomyces***

- ***Sterigmatomyces elviae***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 2, VITEK IVD v3.3: NO

**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 BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie correctamente.

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

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 19, LevDMic v3: 14, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [1], este estudio



- ***Trichosporon asteroides***

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no hay evidencia. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 0, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** -

- ***Trichosporon coremiiforme***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [49,61–63], este estudio

- ***Trichosporon faecale***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero hay poca evidencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 1, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [49,61,62], este estudio

- ***Trichosporon inkin***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** no diferencia correctamente *T. inkin* de *T. ovoides* y *T. austroamericanum*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia correctamente *T. inkin* de *T. ovoides*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 17, LevDMic v3: 3, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [49,61,62,73], este estudio

- ***Trichosporon japonicum***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** no diferencia correctamente *T. japonicum* y *T. asteroides*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 1, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: NO

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

**Referencia:** [49,62]

- ***Trichosporon ovoides***

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** no diferencia correctamente *T. inkin* y *T. ovoides*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** no diferencia correctamente *T. inkin* de *T. ovoides*. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 4, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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



**Referencia:** [49,61,62]

## ***Vanrija***

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

**Identificación por MALDI-TOF BRUKER + LevDMic:** Identifica la especie, pero no hay evidencia en este estudio. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Identificación por MALDI-TOF VITEK:** Identifica la especie, pero no hay evidencia en este estudio. La identificación a nivel de especie debe confirmarse por el método de referencia.

**Número de espectros en las bases de datos:** BRUKER MBT 12438: 2, LevDMic v3: 0, VITEK IVD v3.3: SI

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

**Referencia:** [74]



## REFERENCIAS

- [1] 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>.
- [2] 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>.
- [3] 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>.
- [4] 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>.
- [5] Brunet K, Minoza A, Rammaert B, Portet-Sulla V, Hubert F, Lorenzo J-C, et al. Invasive *Candida bovis* Infection, France. *Emerg Infect Dis* 2020;26:626–7. <https://doi.org/10.3201/eid2603.191371>.
- [6] Alvarez-Perez S, Mateos A, Dominguez L, Martinez-Nevado 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>.
- [7] Kaeuffer C, Baldacini M, Ruge T, Ruch Y, Zhu Y-J, De Cian M, et al. Fungal Infections Caused by *Kazachstania* spp., Strasbourg, France, 2007-2020. *Emerg Infect Dis* 2022;28:29–34. <https://doi.org/10.3201/eid2801.211543>.
- [8] 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>.
- [9] 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>.
- [10] 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).
- [11] Shiomi I, Makuuchi Y, Noura I, Kakuno S, Niki M, Kaimi Y, et al. Invasive fungal infection caused by *Blastobotrys mokoensis* in an immunocompromised patient with acute myeloid leukemia: A case report. *J Infect Chemother Off J Jpn Soc Chemother* 2024;30:557–61. <https://doi.org/10.1016/j.jiac.2023.12.002>.
- [12] 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>.
- [13] 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.
- [14] 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).
- [15] 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>.



- [16] 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>.
- [17] 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>.
- [18] 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 mis-identification as *C. albicans*. *New Microbiol* 2020;43:47–50.
- [19] 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/ijs.0.053009-0>.
- [20] 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>.
- [21] 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>.
- [22] 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>.
- [23] 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>.
- [24] 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>.
- [25] CDC. Algorithm to identify *Candida auris* based on phenotypic laboratory method and initial species identification n.d.
- [26] 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>.
- [27] Liu F, Hu Z-D, Zhao X-M, Zhao W-N, Feng Z-X, Yurkov A, et al. Phylogenomic analysis of the *Candida auris*-*Candida haemuli* clade and related taxa in the Metschnikowiaceae, and proposal of thirteen new genera, fifty-five new combinations and nine new species. *Persoonia* 2024;52:22–43. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2024.52.02>.
- [28] Taverna CG, Córdoba S, Haim MS, Lombardo M, Vivot ME, Arias BA, et al. Molecular Epidemiology and Antifungal Susceptibility Profile of *Candidozyma* Isolates From Argentina. *Mycoses* 2025;68:e70025. <https://doi.org/10.1111/myc.70025>.
- [29] 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>.
- [30] 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>.
- [31] 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>.



- [32] 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>.
- [33] 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>.
- [34] 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>.
- [35] 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>.
- [36] 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>.
- [37] 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>.
- [38] 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>.
- [39] 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 FG B* 2013;61:33–41. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2013.10.007>.
- [40] 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>.
- [41] 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>.
- [42] 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>.
- [43] Tshisevhe V, Mitton B, Skosana L. Invasive *Geotrichum klebahnii* fungal infection: A case report. *Access Microbiol* 2021;3:000287. <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000287>.
- [44] 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>.
- [45] 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>.
- [46] 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>.
- [47] 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>.
- [48] 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>.
- [49] 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>.
- [50] 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>.
- [51] 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>.
- [52] 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>.
- [53] Correia A, Sampaio P, James S, Pais C. *Candida bracarensis* 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/ijs.0.64076-0>.
- [54] 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>.
- [55] 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>.
- [56] Caldwell AT, Gabaldón T, Mixão V, Wengenack NL, Westley BP, Stevens RW. An inconspicuous identification: Isolation and identification of a novel *Pichia* species presenting as fungemia following cardiac surgery. *Int J Infect Dis IJID Off Publ Int Soc Infect Dis* 2024;143:107040. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2024.107040>.
- [57] 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>.
- [58] Spruijtenburg B, de Souza Lima BJB, Tosar STG, Borman AM, Andersen CT, Nizamuddin S, et al. The yeast genus *Tardiomyces* gen. nov. with one new species and two new combinations. *Infection* 2024;52:1799–812. <https://doi.org/10.1007/s15010-024-02229-6>.
- [59] Guo P, Wu Z, Liu P, Chen Y, Liao K, Peng Y, et al. Identification and Antifungal Susceptibility Analysis of *Stephanoascus ciferrii* Complex Species Isolated From Patients With Chronic Suppurative Otitis Media. *Front Microbiol* 2021;12:680060. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.680060>.
- [60] 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>.
- [61] 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>.
- [62] 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>.
- [63] 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>.
- [64] 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>.
- [65] 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>.
- [66] 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>.
- [67] 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>.
- [68] 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>.
- [69] Denis J, Machouart M, Morio F, Sabou M, Kauffmann-LaCroix C, Contet-Audonneau 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>.
- [70] 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>.
- [71] 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>.
- [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>.
- [73] de Almeida JN, Favero Gimenes VM, Francisco EC, Machado Siqueira LP, Gonçalves de Almeida RK, Guitard J, et al. Evaluating and Improving Vitek MS for Identification of Clinically Relevant Species of *Trichosporon* and the Closely Related Genera *Cutaneotrichosporon* and *Apiotrichum*. *J Clin Microbiol* 2017;55:2439–44. <https://doi.org/10.1128/JCM.00461-17>.
- [74] Lee JW, Eunjeong W, Sung H, Kim M-N. Emergence of *Vanrija humicola* as a pathogen of urinary tract infections in Korea. *Ann Clin Microbiol* 2024;27:31–7. <https://doi.org/10.5145/ACM.2024.27.1.5>.

ISBN 978-631-91627-3-8

