



Nos complace anunciar que este año el XII Taller RENAEM se realizará en el marco del Congreso SADEBAC, en el Salón Monet del segundo piso del Palais Rouge, el día 6 de noviembre.

La actividad se desarrollará en dos bloques horarios: de 8:30 a 10:00 horas y de 10:30 a 12:00 horas. Invitamos a toda la comunidad RENAEM a participar de este espacio de encuentro, intercambio y actualización científica.

Durante el próximo taller, se informará el listado de los nuevos MSPs incorporados este año a las bases de datos. A partir de este año, las nuevas actualizaciones ya no se instalarán directamente en los equipos, sino que estarán disponibles a través de MicrobeNet (<https://microbenet.cdc.gov/>).

Aquellos usuarios que deseen recibir capacitación para el uso de esta plataforma pueden comunicarse con el equipo coordinador.

Esperamos que este año nos encuentre nuevamente trabajando de manera colaborativa, con muchos proyectos, novedades y oportunidades de cooperación.

Les enviamos un afectuoso saludo.

Equipo Coordinador RENAEM

Contactos: [bacteriologiaespecial@anlis.gob.ar](mailto:bacteriologiaespecial@anlis.gob.ar) [florirocca1980@gmail.com](mailto:florirocca1980@gmail.com)



## Expandiendo las capacidades de identificación en MALDI-TOF

# Convertidor-TXT-XML

## Expandiendo las capacidades de identificación en MALDI-TOF MS

Dr. Darío Godoy, Hospital de Alta Complejidad EL CRUCE, Bs. As

La espectrometría de masas MALDI-TOF transformó la identificación microbiológica. Sin embargo, en la práctica persisten desafíos asociados a aislamientos difíciles o microorganismos poco frecuentes que no siempre se encuentran adecuadamente representados en las bibliotecas comerciales disponibles.

Con el objetivo de aportar una solución concreta a esta problemática, desarrollamos **Convertidor-TXT-XML**, un software libre y gratuito que permite convertir espectros en formato TXT de plataformas tipo Vitek MS / Saramis RUO a formato XML compatible con MicrobeNet, facilitando el acceso a librerías complementarias.

Este desarrollo constituye un avance en interoperabilidad y acceso abierto, ampliando las posibilidades de identificación para usuarios de MALDI TOF MS.

El proyecto fue desarrollado íntegramente en el Área Microbiología del Hospital de Alta Complejidad en Red El Cruce Dr. N. C. Kirchner SAMIC, a partir de necesidades reales observadas en la práctica asistencial y con el objetivo de generar herramientas accesibles para todos.

### ¿Por qué puede resultar útil?

- ✓ Acceso ampliado a bibliotecas complementarias de espectros.
- ✓ Potencial utilidad en aislamientos complejos o poco frecuentes.
- ✓ Integración sencilla dentro del flujo de trabajo MALDI-TOF.
- ✓ Herramienta libre, gratuita y de ejecución local.
- ✓ Desarrollo orientado a necesidades reales de laboratorio.

### Convocatoria a validación colaborativa



Invitamos a miembros de la red, laboratorios e instituciones que trabajen con VitekMS a participar en la validación colaborativa del software mediante pruebas de uso, evaluación de compatibilidad, intercambio técnico y retroalimentación científica.

La participación de los usuarios será fundamental para fortalecer y expandir esta herramienta abierta para toda la comunidad.

**Página del proyecto y descarga del software:**

[dariogodoy2003.github.io/Convertidor-TXT-XML/](https://dariogodoy2003.github.io/Convertidor-TXT-XML/)

**Repositorio:** [github.com/dariogodoy2003/Convertidor-](https://github.com/dariogodoy2003/Convertidor-TXT-XML)

[TXT-XML](#) **Contacto para participar en la validación:**

[dario\\_godoy2003@yahoo.com.ar](mailto:dario_godoy2003@yahoo.com.ar),

[bacteriocruce@gmail.com](mailto:bacteriocruce@gmail.com)

**Más interoperabilidad. Más espectros. Más herramientas para la identificación microbiológica.**



## Cooperación internacional: RENAEM y MALDI-UP

# MALDI-UP internacional – Visita técnica de ANLIS-Malbrán, Buenos Aires, a la CVUA Stuttgart para la identificación de patógenos

El Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Stuttgart, conocido como CVUA Stuttgart, es uno de los cuatro laboratorios oficiales de control de alimentos y sanidad animal de Baden-Wurtemberg, un estado del sur de Alemania. Un equipo altamente calificado integrado por aproximadamente 200 especialistas —entre ellos químicos de alimentos, veterinarios y biólogos— junto con técnicos y personal de laboratorio, analiza anualmente alrededor de 24.000 productos de consumo y más de 117.000 muestras relacionadas con sanidad animal.

Las técnicas de reconocimiento de patrones basadas en espectrometría MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry) y FT-IR (espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier) han revolucionado y acelerado la identificación de patógenos a nivel mundial. Con el objetivo de fomentar el intercambio de conocimientos y experiencias sobre estas tecnologías de identificación espectroscópica, CVUA Stuttgart desarrolla desde hace más de diez años la plataforma abierta [MALDI-UP](#).

MALDI-UP es una plataforma gratuita y de acceso abierto en internet donde usuarios de todo el mundo comparten espectros de referencia generados mediante espectrometría de masas MALDI-TOF. Funciona como una base de datos colaborativa que permite a microbiólogos y analistas de alimentos intercambiar información y contribuir al cierre de brechas diagnósticas.

Esta plataforma fue presentada por el Dr. Joerg Rau durante el XI Taller RENAEM realizado en 2025, y constituyó además el punto de partida para la reciente visita científica de la Dra. Florencia Rocca a los laboratorios de CVUA Stuttgart, en representación del INEI-ANLIS Malbrán y de la RENAEM.

Durante su estadía, la Dra. Rocca compartió con el equipo de CVUA los métodos de clasificación y las estrategias de evaluación actualmente utilizadas en nuestro laboratorio para la diferenciación de patógenos relevantes, como *Salmonella* y *Listeria*. El intercambio



permitió identificar rápidamente intereses científicos comunes y nuevas oportunidades de colaboración en torno a estas tecnologías.

Asimismo, Florencia pudo conocer metodologías innovadoras desarrolladas en CVUA Stuttgart para la identificación de especies animales y vegetales mediante MALDI-TOF MS, aplicadas a la detección de adulteraciones y declaraciones falsas en alimentos.

La visita del Dr. Rau a Argentina y la posterior visita de Florencia Rocca a Alemania fortalecieron los vínculos de cooperación entre ambas instituciones y consolidaron la articulación entre dos redes no comerciales: RENAEM y MALDI-UP. Esta colaboración abre nuevas oportunidades para el desarrollo conjunto de proyectos de investigación, intercambio científico y fortalecimiento de capacidades técnicas.





## Diferenciación de *Streptococcus pneumoniae* y grupo *mitis/oralis*

# Evaluación de las diferentes plataformas de MALDI-TOF disponibles en el mercado para la Diferenciación entre *Streptococcus pneumoniae* y el Grupo *Streptococcus mitis/oralis*.

### Introducción

La diferenciación entre *Streptococcus pneumoniae* y los integrantes del grupo *Streptococcus mitis/oralis* constituye un desafío diagnóstico mayor en microbiología clínica debido a su estrecha homología genética. El presente reporte evalúa, a partir de datos microbiológicos reales, la capacidad de los sistemas MALDI-TOF para discriminar con precisión ambas entidades. Este reporte también evalúa la nueva aplicación del Módulo de Subtipado MBT HT presente en el MALDI-TOF SIRIUS, cuyo algoritmo optimizado permite confirmar o corregir la clasificación de *S. pneumoniae* y de *Streptococcus grupo mitis/oralis* (SGM). Tras una identificación inicial por MALDI Biotyper, el sistema aplica un análisis basado en una lista de clasificación ponderada (weighted ranking) que incrementa la fiabilidad de la diferenciación. Asimismo, cabe destacar que en esta versión de la biblioteca de referencia, las especies *S. mitis* y *S. oralis* se han unificado bajo la designación combinada "*Streptococcus mitis/oralis*".

### Recomendaciones para la Implementación Diagnóstica

A partir de los niveles de concordancia y rendimiento analítico observados en este estudio, se formulan las siguientes recomendaciones para la optimización del algoritmo diagnóstico en el laboratorio:



1. **Adopción de la Espectrometría de Masas como Primera Línea:** Se recomienda consolidar la metodología MALDI-TOF como la herramienta primaria y de screening para la identificación del género *Streptococcus*. La solidez de sus valores predictivos (VPP y VPN) en plataformas de alta precisión —como VITEK MS y SIRIUS— justifica su uso directo en el flujo de trabajo rutinario, permitiendo reducir significativamente los tiempos de entrega de resultados.
2. **Criterio de Uso Selectivo para Pruebas Clásicas: Optoquina y Solubilidad en Bilis(SB):** No se aconseja la discontinuación absoluta de los ensayos fenotípicos tradicionales, sino su reconfiguración como pruebas de confirmación selectiva. Su aplicación deberá quedar estrictamente restringida a los siguientes escenarios:
  - Zonas grises de identificación: Aislamientos que arrojen puntajes de confianza (scores) bajos o perfiles de inconsistencia en el espectrómetro.
  - Plataformas con márgenes de error identificados: En laboratorios que operen con sistemas que evidenciaron menor sensibilidad relativa para el grupo mitis/oralis (ej. MICROFLEX, con 89%), se deberá mantener un umbral de sospecha más bajo y confirmar fenotípicamente aquellos perfiles con morfología colonial dudosa.
  - Muestras de alta criticidad clínica: Ante aislamientos provenientes de sitios estériles (como líquido cefalorraquídeo o hemocultivos) donde la diferenciación entre *S. pneumoniae* y el grupo mitis/oralis, el uso combinado de espectrometría y la confirmación fenotípica clásica aportará el máximo nivel de seguridad diagnóstica.

### **Conclusión del Algoritmo Propuesto**

En conclusión, la transición hacia un algoritmo mixto —donde la espectrometría de masas lidere el tamizaje biológico y las pruebas de optoquina/bilis actúen como árbitros de confirmación dirigida— maximiza la eficiencia operativa del laboratorio sin comprometer la rigurosa especificidad que exige la vigilancia epidemiológica y clínica de estas especies.

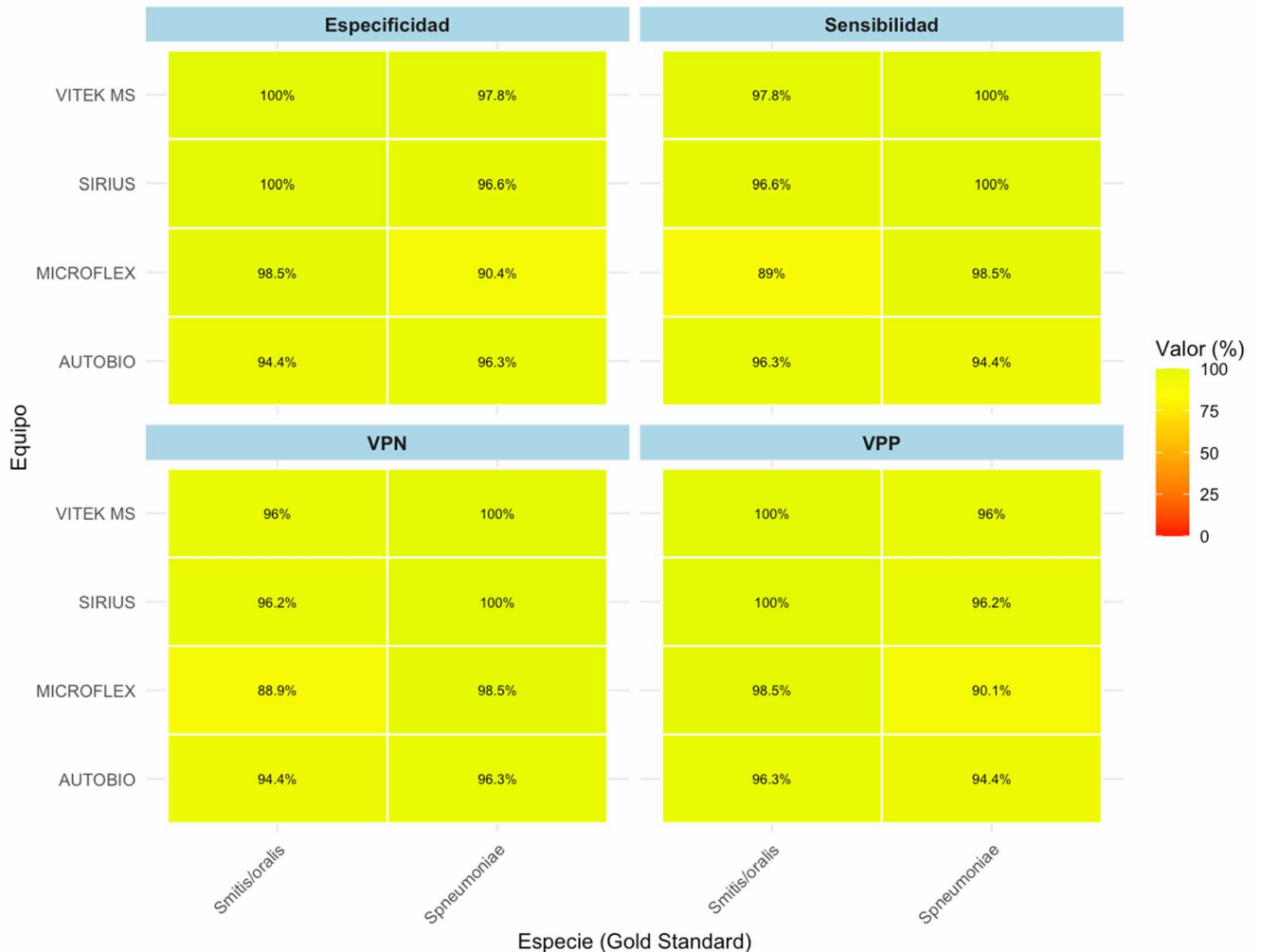


Plataforma	Criterio de Aceptación	Acción por debajo del umbral
<b>SIRIUS</b>	Log(score) $\geq$ 2.00 (+++/++) y Consistencia High (A).	Score entre 1.70 y 1.99 (+) y Low (B) Resultado dudoso. <b>Se recomienda realizar y las pruebas de optoquina/SB.</b>
<b>VITEK MS</b>	Confidence level $\geq$ 80%.	<b>Por debajo de ese valor, se recomienda realizar y las pruebas de optoquina/SB</b>
<b>AUTOBIO</b>	Score $\geq$ 8	<b>Por debajo de ese valor, se recomienda realizar y las pruebas de optoquina/SB</b>
<b>MICROFLEX</b>	Se acepta identificación de <b><i>Streptococcus pneumoniae</i></b> solo: Log(score) $\geq$ 2.00 (+++/++) y el segundo mejor match <b>NO</b> es <i>S.</i> <i>mitis/oralis</i> ó la diferencia es <b>&gt; 0,15</b>	<b>Por debajo de ese valor, se recomienda realizar y las pruebas de optoquina/SB</b>



### Métricas de Rendimiento por Equipo y Especie

Comparación de Sensibilidad, Especificidad, VPP y VPN



Con el fin de **retroalimentar la comunicación y la performance** de estos algoritmos, les agradeceremos cualquier devolución al respecto.

Elaborado por Jonathan Zintgraff, Servicio de Bacteriología Clínica, Departamento de Bacteriología, INEI-ANLIS "DR. CARLOS G. MALBRÁN"

**Mail de contacto:** [jzintgraff@gmail.com](mailto:jzintgraff@gmail.com)

[jzintgraff@anlis.gob.ar](mailto:jzintgraff@anlis.gob.ar)



## Genómica y MALDI-TOF en el estudio de *Ralstonia*

# Estudio colaborativo sobre identificación de especies mediante MALDI-TOF MS y secuenciación genómica.

Junto con el Hospital de Clínicas de la FFyB-UBA se llevó a cabo un proyecto colaborativo en el que se analizaron, mediante secuenciación genómica, un conjunto de aislamientos clínicos de *Ralstonia* y se evaluó el desempeño de las plataformas Biotyper y Vitek MS para su identificación.

La especie *R. mannitolilytica* fue identificada correctamente por ambas plataformas. Asimismo, *R. pickettii* mostró una identificación adecuada; sin embargo, algunos aislamientos inicialmente identificados como *R. pickettii* resultaron corresponder a *R. thomassi*, especie descrita en 2024. A partir de estos aislamientos se generaron MSPs destinados a complementar las bases de datos comerciales.

La especie *R. insidiosa* también fue identificada correctamente, aunque necesitamos un mayor número de cepas para lograr un número significativo

Por este motivo, solicitamos a la comunidad RENAEM que, ante la identificación rutinaria de aislamientos informados como *R. insidiosa*, los deriven al LNR para realizar secuenciación genómica y evaluar el desempeño de MALDITOF-MS

Contactos: [bacteriologiaespecial@anlis.gob.ar](mailto:bacteriologiaespecial@anlis.gob.ar);

Ariel Gianecini [gianecinir@gmail.com](mailto:gianecinir@gmail.com); Lucía Cipolla [cipollalucia@gmail.com](mailto:cipollalucia@gmail.com) Servicio

Bacteriología Especial

INEI ANLIS Malbrán



## **Nuevas recomendaciones para la identificación de levaduras por MALDI-TOF**

# **NOVEDADES EN MICOLOGÍA**

**SE PUBLICA LA 2DA EDICIÓN DEL MANUAL DE  
INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS PARA LA  
IDENTIFICACIÓN DE LEVADURAS DE INTERÉS  
MÉDICO POR MALDI-TOF.**

**EL MANUAL SE ENCUENTRA DISPONIBLE DE FORMA  
GRATUITA EN LA PÁGINA DE GESTIÓN DEL  
CONOCIMIENTO DEL ANLIS-INEI DR. CARLOS G.  
MALBRÁN.**



### **OBJETIVO**

- ✓ Validación de la base de datos LevDMic versión 3
- ✓ Verificación de la base de datos MBT12438 de los equipos MALDI Biotyper (Bruker)
- ✓ Verificación de las bases de datos IVD v3.3 y SARAMIS v4.17 de los equipos VITEK MS (BioMérieux)



**Tablas de recomendaciones para informar los resultados obtenidos utilizando estos equipos en la  
identificación de levaduras de importancia clínica.**

Se clasifican las recomendaciones de acuerdo con el grado de evidencia.



## METODOLOGÍA

<b>Consideraciones generales Equipos MALDI Biotyper</b>	<b>Consideraciones generales Equipos VITEK MS</b>
<p><b>Medios de cultivo:</b> Sabouraud (SDA), YM o CHROMagar Candida, CHROMagar Candida plus, Dixon (<i>Malassezia</i> sp.).</p>	<p><b>Medios de cultivo:</b> Sabouraud (SDA), CHROMID® CPS, Agar Columbia con 5 % de sangre de cordero, Dixon (<i>Malassezia</i> sp.).</p>
<p><b>Incubación:</b> 30-37 °C durante 24-72 h.</p>	<p><b>Incubación:</b> 30-37 °C durante 24-72 h.</p>
<p><b>Extracción proteica:</b> <i>in-situ</i> con Acido fórmico 100 %</p>	<p><b>Extracción proteica:</b> <i>in-situ</i> con Acido fórmico del fabricante</p>
<p><b>ID a nivel de especie:</b> score <math>\geq 1.700</math>, observar siempre el TOP 10. Consideraciones especiales para <i>Cryptococcus</i> sp, <i>Debaryomyces</i> sp. y <i>Meyerozyma</i> sp.</p>	<p><b>ID a nivel de especie:</b> valor de confianza <math>\geq 90</math> % con base IVD, utilizar la base SARAMIS sólo si no hay resultado con la base IVD.</p>

## VALIDACIÓN DE LA BASE DE DATOS LevDMic v3 Y VERIFICACIÓN DE LA BASE DE DATOS MBT12438 DE LOS EQUIPOS MALDI BIOTYPER (BRUKER)

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. En esta nueva versión se incluye espectros de 5 especies del género *Malassezia* y otras 29 especies no representadas o poco representadas en las bases de datos del proveedor.

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*.



**Tabla1. Resultados de identificación utilizando las bases LevDMic v3 y MBT12438**

RESULTADOS	Base LevDMic v3		Base MBT12438		Ambas bases	
	Nro. de cepas	(%)	Nro. de cepas	(%)	Nro. de cepas	(%)
Identificación correcta	919	83,6	940	85,5	1052	95,7
Identificación incorrecta	1	0,1	21	1,9	11	1,0
No Identificación (se encuentra en la base)	78	7,1	50	4,5	23	2,1
No Identificación (no se encuentra en la base)	101	9,2	88	8,0	13	1,2
Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)	1	0,1	20	1,8	10	0,9
Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)	0	0	1	0,1	1	0,1

En las tablas 2 y 3 del manual se establecen las recomendaciones para la identificación de levaduras *Ascomycota* y *Basidiomycota* utilizando estos equipos y ambas bases de datos basadas en los resultados obtenido. Algunos datos para destacar:

- ✓ Es posible diferenciar correctamente las especies del Complejo *Candida albicans*, Complejo *Lodderomyces parapsilosis* (*Candida parapsilosis*), *Nakaseomyces glabratus* (*Candida glabrata*). Sin embargo, otros grupos de especies relacionadas pueden no diferenciarse correctamente y en esos casos se recomienda informar a nivel de complejo o de género, según corresponda.
- ✓ Si bien un score  $\geq 1.700$  es suficiente para una buena identificación a nivel de especie en la gran mayoría de los casos, es necesario obtener un score  $\geq 2.000$  para una identificación confiable a nivel de especie en los siguientes casos: *Meyerozyma guilliermondii* (*Candida guilliermondii*) y *Debaryomyces hansenii* (*Candida famata*).
- ✓ En el caso de las especies del género *Candidozyma*, derivar al Laboratorio Nacional de Referencia para confirmar su identificación por el método de referencia debido a la importancia en salud pública de la correcta identificación de *Candidozyma auris* (*Candida auris*). Además, en los últimos años se han descrito un gran número de especies dentro de este género que no se encuentran en las bases de datos.
- ✓ Se establecen nuevas recomendaciones para la identificación de los Complejos de especies *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii*, las cuales ayudaran a los usuarios a la identificación a nivel de especie o genotipo. Esto permitirá la interpretación de las pruebas de sensibilidad utilizando los puntos



de corte epidemiológicos establecidos. Es importante tener en cuenta que estas recomendaciones son diferentes según si se utilice la base de datos LevDMic o la base del proveedor, utilizar sólo la base LevDMic v3 para la identificación a nivel de genotipo. En el caso de *Cryptococcus neoformans* (genotipos VNI y VNII), un score  $\geq 1.700$  es suficiente para una buena identificación a nivel de especie, pero es necesario un score  $\geq 2.000$  si se quiere identificar a nivel de genotipo (VNI o VNII). En el caso de *Cryptococcus gattii* (genotipo VGI), *Cryptococcus deuterogattii* (genotipo VGII) es necesario un score  $\geq 2.000$  para una buena identificación a nivel de especie.

#### VERIFICACIÓN DE LA BASE VITEK IVD v3.3 Y SARAMIS v4.17 DE LOS EQUIPOS VITEK MS

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*

**Tabla1. Resultados de identificación utilizando las bases IVD v3.3 y SARAMIS v4.17**

RESULTADOS	Nro. de cepas	%
<b>Identificación correcta</b>	<b>412</b>	<b>83,9</b>
<b>Identificación incorrecta</b>	<b>20</b>	<b>4,1</b>
<b>No Identificación (se encuentra en las bases)</b>	<b>9</b>	<b>1,8</b>
<b>No Identificación (no se encuentra en las bases)</b>	<b>50</b>	<b>10,2</b>
<b>Identificaciones erróneas menores (especies relacionadas)</b>	<b>13</b>	<b>2,6</b>
<b>Identificaciones erróneas mayores (especies no relacionadas)</b>	<b>7</b>	<b>1,4</b>

En las tablas 4 y 5 del manual se establecen las recomendaciones para la identificación de levaduras *Ascomycota* y *Basidiomycota* utilizando estos equipos y ambas bases de datos basadas en los resultados obtenido. Algunos datos para destacar:

- ✓ Es posible diferenciar correctamente las especies del Complejo *Candida albicans*, Complejo *Lodderomyces parapsilosis* (*Candida parapsilosis*), *Nakaseomyces glabratus* (*Candida glabrata*). Sin embargo, *Nakaseomyces bracarensis* no se encuentra en la base IVD y debe identificarse con la base SARAMIS. Por otro lado, otros grupos de especies relacionadas pueden no diferenciarse correctamente y en esos casos se recomienda informar a nivel de complejo o de género.



- ✓ En el caso de *Meyerozyma guilliermondii* se recomienda informar a nivel de complejo debido a que no se diferencia correctamente de las especies crípticas *Meyerozyma caribbica* y *Meyerozyma carpophila*.
- ✓ En el caso de las especies del género *Candidozyma*, derivar al Laboratorio Nacional de Referencia para confirmar su identificación por el método de referencia debido a la importancia en salud pública de la correcta identificación de *Candidozyma auris* (*Candida auris*). Además, en los últimos años se han descrito un gran número de especies dentro de este género que no se encuentran en las bases de datos.
- ✓ La identificación de los Complejos de especies *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* es a nivel de complejo.

#### **CONCLUSIONES:**

Ambos equipos muestran una buena performance en la identificación de levaduras de interés médico. Si bien observamos algunas identificaciones erróneas, la gran mayoría se debieron a especies relacionadas filogenéticamente que son difíciles de diferenciar aún con los métodos de referencia. En estos casos, las recomendaciones son de informar los resultados a nivel de complejo de especies o de género, según corresponda. Por otro lado, la gran mayoría de las cepas no identificadas pertenecían a especies raras o infrecuentes que no se encuentran en las bases de datos.

Finalmente, solicitamos derivar Laboratorio Nacional de Referencia toda cepa identificada como perteneciente a una especie que tenga una baja evidencia para su identificación por métodos de referencia.

Contacto: Constanza Taverna

[constanzataverna@gmail.com](mailto:constanzataverna@gmail.com)



**RENAEM**  
Red Nacional de Espectrometría  
de Masas aplicada al Laboratorio  
de Microbiología Clínica

# Boletín Informativo.

## Primer semestre 2026



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

**Grupo Coordinador RENAEM: Carlos Vay <sup>1</sup>, Marisa Almuzara <sup>1</sup>, Claudia Barberis <sup>1</sup>,  
María Florencia Rocca <sup>2</sup>, Mónica Prieto <sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Departamento de Bioquímica Clínica, Cátedra de Microbiología Clínica, Buenos Aires, Argentina

<sup>2</sup> ANLIS MALBRÁN, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Departamento Bacteriología, Servicio Bacteriología Especial

**Editores Boletín RENAEM: María Florencia Rocca, Mónica Prieto**

Agradecimientos: Sandra Raiher, Dario Addesi.