

**Manual de interpretación de resultados de
MALDI-TOF (Bruker Daltonics)**

**Alternativas para la identificación de
microorganismos**

Autores: Rocca MF¹, Prieto M¹, Almuzara M², Barberis C², Vay C².

Edición: Viñes MP².

2018

¹ Servicio Bacteriología Especial, INEI-Anlis “Dr. Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina.

² Laboratorio de Bacteriología, Departamento de Bioquímica Clínica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

Índice

Regla general			4
A			
	<i>Abiotrophia defectiva</i>		6
	<i>Achromobacter</i>		7
	<i>Acidovorax</i>		9
	<i>Acinetobacter</i>		11
	<i>Actinobacillus</i>		15
	<i>Actinobaculum/ Actinotignum</i>		17
	<i>Actinomyces</i>		18
	<i>Advenella</i>		21
	<i>Aerococcus</i>		21
	<i>Aeromonas</i>		22
	<i>Aggregatibacter</i>		25
	<i>Alcaligenes</i>		26
	<i>Alishewanella</i>		26
	<i>Alloiococcus</i>		26
	<i>Anaerobiospirillum</i>		26
	<i>Anaerococcus</i>		27
	<i>Arcanobacterium</i>		29
	<i>Arcobacter</i>		29
	<i>Arthrobacter</i>		30
B			
	<i>Bacillus</i>		32
	<i>Bacteroides</i>		35
	<i>Bartonella</i>		38
	<i>Bergeyella</i>		39
	<i>Bifidobacterium</i>		39
	<i>Bordetella</i>		41
	<i>Brevibacillus</i>		43
	<i>Brevibacterium</i>		44
	<i>Brevundimonas</i>		45
	<i>Brucella</i>		46
	<i>Burkholderia</i>		46
C			
	<i>Campylobacter</i>		51
	<i>Capnocytophaga</i>		52
	<i>Cardiobacterium</i>		54
	<i>Cellulomonas</i>		54
	<i>Cellulosimicrobium</i>		55
	<i>Chryseobacterium</i>		56
	<i>Citrobacter</i>		58
	<i>Clostridium</i>		60
	<i>Comamonas</i>		63
	<i>Corynebacterium</i>		64
	<i>Cupriavidus</i>		68
D			
	<i>Delftia</i>		70
	<i>Dermabacter</i>		70
	<i>Desulfovibrio</i>		72
	<i>Dolosicoccus</i>		73
	<i>Dolosigranulum</i>		73
	<i>Dysgonomonas</i>		73
E			
	<i>Eikenella corrodens</i>		75
	<i>Elizabethkingia</i>		75
	<i>Empedobacter brevis</i>		76
	<i>Enterobacter</i>		77
	<i>Enterococcus</i>		78
	<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>		80
	<i>Escherichia</i>		80
	<i>Eubacterium</i>		81
	<i>Exiguobacterium</i>		84
F			
	<i>Facklamia</i>		85
	<i>Finegoldia magna</i>		86
	<i>Flavobacterium</i>		86
	<i>Francisella</i>		86
	<i>Fusobacterium</i>		88
G			
	<i>Gardnerella vaginalis</i>		89
	<i>Gemella</i>		89
	<i>Globicatella</i>		91
	<i>Gordonia</i>		92
	<i>Granulicatella</i>		94
H			
	<i>Haemophilus</i>		96
	<i>Hafnia</i>		97
	<i>Helcococcus</i>		97
	<i>Helicobacter</i>		99
	<i>Histophilus somni</i>		101
I			
	<i>Ignavigranum ruoffiae</i>		102
	<i>Inquilinus limosus</i>		102
J			
	<i>Jeotgalicoccus halotolerans</i>		103
K			
	<i>Kerstesia</i>		104
	<i>Kingella</i>		104
	<i>Klebsiella</i>		105
	<i>Kocuria</i>		107
	<i>Kytococcus</i>		108
L			
	<i>Lactobacillus</i>		109
	<i>Lactococcus</i>		112
	<i>Legionella</i>		113
	<i>Leuconostoc</i>		113
	<i>Listeria</i>		114
M			
	<i>Microbacterium</i>		116
	<i>Micrococcus</i>		117
	<i>Moraxella</i>		118
	<i>Morganella</i>		120
	<i>Mycoplasma hominis</i>		120
	<i>Myroides</i>		120
N			
	<i>Neisseria</i>		122
	<i>Nocardia</i>		123
O			
	<i>Ochrobactrum</i>		130
	<i>Oligella</i>		133
P			
	<i>Paenibacillus</i>		134
	<i>Pandoraea</i>		138
	<i>Pannonibacter</i>		139
	<i>Pantoea</i>		139
	<i>Pasteurella</i>		140

	<i>Pediococcus</i>	142		<i>Sphingobacterium</i>	175
	<i>Peptococcus</i>	143		<i>Sphingomonas</i>	176
	<i>Peptoniphilus</i>	143		<i>Staphylococcus</i>	178
	<i>Peptostreptococcus</i>	145		<i>Stenotrophomonas</i>	189
	<i>Porphyromonas</i>	146		<i>Streptococcus</i>	190
	<i>Prevotella</i>	148		<i>Streptomyces</i>	196
	<i>Propionibacterium</i>	150	T		
	<i>Proteus</i>	152		<i>Terribacillus</i>	198
	<i>Pseudoalcaligenes</i>	153		<i>Tetragenococcus solitarius</i>	198
	<i>Pseudomonas</i>	153		<i>Trueperella</i>	198
	<i>Psychrobacter</i>	161		<i>Tsukamurella</i>	200
R				<i>Turicella</i>	201
	<i>Ralstonia</i>	162	U		
	<i>Raoultella</i>	163		<i>Ureaplasma</i>	203
	<i>Rhizobium</i>	164	V		
	<i>Rhodococcus</i>	164		<i>Vagococcus</i>	204
	<i>Roseomonas</i>	167		<i>Veillonella</i>	205
	<i>Rothia</i>	170		<i>Vibrio</i>	207
S			W		
	<i>Salmonella</i>	172		<i>Weeksella</i>	209
	<i>Serratia</i>	173		<i>Weissella</i>	210
	<i>Shewanella</i>	174	Y		
	<i>Shigella</i>	175		<i>Yersinia</i>	213

Regla general: en la identificación de todos los microorganismos se debe revisar el Top Ten, y de estar frente a un resultado de varias especies con valores de score mayor a 2,0 (categoría B) utilizar el siguiente criterio que permite dar validez a la interpretación:

“Para poder distinguir entre especies muy parecidas, se recomienda una divergencia del 10% entre la primer especie y la siguiente distinta del Top Ten”.

Meaning of score value

Range	Description	Symbols	Color
2.300 ... 3.000	highly probable species identification	(+++)	green
2.000 ... 2.299	secure genus identification, probable species identification	(++)	green
1.700 ... 1.999	probable genus identification	(+)	yellow
0.000 ... 1.699	not reliable identification	(-)	red

Meaning of consistency category A, B, C

Category	Description
A	Species consistency: The best match was classified as green. Further green matches are of the same species as the first one. First yellow match are at least the same genus as the first one.
B	Genus consistency: The best match was classified as green or yellow. Further green or yellow matches are of the same genus as the first one. The conditions of species consistency are not fulfilled.
C	No consistency: Neither species nor genus consistency. Check for synonyms of names or microbial mixtures.

Premisa: ante una identificación por espectrometría de masas de un microorganismo poco conocido o infrecuente, se deberá confirmar la identificación mediante un método de referencia.

Ejemplo:

Prime score: 2,270. El 10% es: 0,2270

La siguiente especie distinta debe tener entonces un valor de score menor o igual a: 2,270 – 0,2270: 2,043

SCORE	
2.270	Bacillus cereus ATCC 4342 SMI
2.268	Bacillus cereus ATCC 10987 SMI
2.246	Bacillus thuringiensis BGSC 4Y1 SMI
2.225	Bacillus cereus IH41385 SMI
2.215	Bacillus cereus WSBC 10286 SMI
2.196	Bacillus thuringiensis BGSC 4AJ1 SMI
2.191	Bacillus cereus RIVM BC67 SMI
2.183	Bacillus thuringiensis BGSC 4AW1 SMI
2.181	Bacillus cereus MHI1305 SMI
2.170	Bacillus cereus NVH 1105-98 SMI

En este caso, no es posible diferenciar a nivel de especie entre *Bacillus cereus* y *Bacillus thuringiensis*.

Referencias:

- De Bel A, Wybo I, Vandoorslaer K, Rosseel P, Lauwers S, Piérard D. Acceptance criteria for identification results of Gram-negative rods by mass spectrometry. J Med Microbiol 2011; 60(5) :684-6. doi: 10.1099/jmm.0.023184-0.
- Degand N, Carbonnelle E, Dauphin B, Beretti JL, Le Bourgeois M, Sermet-Gaudelus I, Segonds C, Berche P, Nassif X, Ferroni A. Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for identification of nonfermenting gram-negative bacilli isolated from cystic fibrosis patients. J Clin Microbiol 2008; 46(10):3361-7. doi: 10.1128/JCM.00569-08.
- Khot PD, Couturier MR, Wilson A, Croft A, Fisher MA. Optimization of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry Analysis for Bacterial Identification. J Clin Microbiol 2012;50(12):3845-52. doi: 10.1128/JCM.00626-12.
- Saffert RT, Cunningham SA, Ihde SM, Jobe KE, Mandrekar J, Patel R. Comparison of Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometer to BD Phoenix automated microbiology system for identification of gramnegative bacilli. J Clin Microbiol 2011; 49(3):887-92. doi: 10.1128/JCM.01890-10.

A

Abiotrophia defectiva

Los organismos del género *Abiotrophia* y *Granulicatella* son conocidos como variantes nutricionales de *Streptococcus* (VNS).

La prueba del satelitismo es fundamental para la identificación de ambos géneros.

MALDI -TOF identifica correctamente *Abiotrophia defectiva*.

Existen tres perfiles (MSP) de cepas de referencia en la base de datos para este microorganismo.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Aclaración: la sugerencia está basada en un número reducido de aislamientos.

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Rojas Velázquez V, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to *the Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016; 10:202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Kohlmann R, Hoffmann A, Geis G, Gatermann S. MALDI-TOF mass spectrometry following short incubation on a solid medium is a valuable tool for rapid pathogen identification from positive blood cultures. Int J Med Microbiol 2015;305(4-5):469-479. doi: 10.1016/j.ijmm.2015.04.004.
- Lipari F, Martínez M, Hernández D, Laborie M, Caeiro JP. Endocarditis infecciosa por *Abiotrophia defectiva* diagnosticada por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) en Argentina. Revista chilena de infectología 2016; 33(6):688-690. doi: 10.4067/s0716-10182016000600012
- Ratcliffe P, Fang H, Thidholm E, Boräng S, Westling K, Özenci V. Comparison of MALDI-TOF MS and VITEK 2 system for laboratory diagnosis of *Granulicatella* and *Abiotrophia* species causing invasive infections. Diagn Microbiol Infect Dis 2013;77(3):216-9. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2013.07.008.

- Scott JS, Sterling SA, To H, Seals SR, Jones AE. Diagnostic performance of matrix-assisted laser desorption ionisation time-of-flight mass spectrometry in blood bacterial infections: a systematic review and meta-analysis. *Infect Dis (Lond)* 2016;48(7):530-6. doi: 10.3109/23744235.2016.1165350.

Achromobacter

La taxonomía del género *Achromobacter* está íntimamente asociada al género *Alcaligenes*.

La mayoría de las especies del género pueden ser diferenciadas usando la secuenciación parcial del gen *nrdA*. Como alternativa se puede realizar la técnica de MLST en base a los genes *atpD*, *icd*, *recA*, *rpoB* y *gyrB*.

La secuenciación parcial del 16S ARNr no discrimina las especies del género.

IMPORTANTE: cualquiera de las especies identificadas por MALDI-TOF, se recomienda que sean informadas como *Achromobacter* sp., puesto que no se logra identificación a nivel de especie.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

Tabla 1. Traducción de especies de *Achromobacter* de origen clínico.

Especie	Presencia en Base de datos Bruker (BD)	Nro de MSPs en BD
<i>A. aegrifaciens</i>	NO	
<i>A. animicus</i>	NO	
<i>A. anxifer</i>	NO	
<i>A. denitrificans</i>	SI	3
<i>A. dolens</i>	NO	
<i>A. insuavis</i>	NO	
<i>A. marplatensis</i>	NO	
<i>A. mucicolens</i>	NO	
<i>A. piechaudii</i>	SI	2
<i>A. pulmonis</i>	NO	
<i>A. ruhlandii</i>	SI	1
<i>A. sediminum</i>	NO	
<i>A. spanius</i>	SI	2
<i>A. xylooxidans</i>	SI	7
<i>A. spiritinus</i>	NO	
<i>A. insolitus</i>	SI	2

Referencias:

- AbdulWahab A, Taj-Aldeen SJ, ibrahi, EB, Talaq E, Abu-Madi M, Fotedar R. Discrepancy in MALDI-TOF MS identification of uncommon Gram-negative bacteria from lower respiratory secretions in patients with cystic fibrosis. *Infection and Drug Resistance* 2015;8,83-88. doi: <https://doi.org/10.2147/IDR.S80341>
- Alby K, Gilligan PH, Miller MB. Comparison of matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight (maldi-tof) mass spectrometry platforms for the identification of gram-negative rods from patients with cystic fibrosis. *J Clin Microbiol* 2013;51(11):3852-4. doi: 10.1128/JCM.01618-13.

- Barrado L, Brañas P, Orellana MA, Martínez MT, García G, Otero JR, Chaves F. Molecular Characterization of *Achromobacter* Isolates from Cystic Fibrosis and Non-Cystic Fibrosis Patients in Madrid, Spain. J Clin Microbiol 2013; 51(6): 1927–1930. doi: 10.1128/JCM.00494-13
- Fernández-Olmos A, García-Castillo M, Morosini MI, Lamas A, Màiz L, Cantón R. MALDI-TOF MS improves routine identification of non-fermenting Gram negative isolates from cystic fibrosis patients. J Cyst Fibros 2012;11(1):59-62. doi: 10.1016/j.cf.2011.09.001.
- Rodrigues ER, Ferreira AG, Leão RS, Leite CC, Carvalho-Assef AP, Albano RM, Marques EA. Characterization of *Achromobacter* Species in Cystic Fibrosis Patients: Comparison of bla(OXA-114) PCR Amplification, Multilocus Sequence Typing, and Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry. J Clin Microbiol 2015;53(12):3894-6. doi: 10.1128/JCM.02197-15
- Vandamme PA, Peeters C, Inganäs E, Cnockaert M, Houf K, Spilker T, Moore ER, LiPuma JJ. Taxonomic dissection of *Achromobacter denitrificans* Coenye et al. 2003 and proposal of *Achromobacter agilis* sp. nov., nom. rev., *Achromobacter pestifer* sp. nov., nom. rev., *Achromobacter kerstersii* sp. nov. and *Achromobacter deleyi* sp. nov. Int J Syst Evol Microbiol 2016; 66(9):3708-3717. doi: 10.1099/ijsem.0.001254.

Acidovorax

El género *Acidovorax* comprende, en su gran mayoría, especies ambientales o patogénicas de plantas. Solamente *A. delafieldii*, *A. temperans*, *A. facillis*, *A. avenae*, *A. oryzae*, y *A. wautersii* han sido aisladas a partir de muestras clínicas.

Existe poca evidencia científica para evaluar la fiabilidad de *Acidovorax*. Dada su rareza en aislamientos clínicos, y debido a la limitada experiencia con aislamientos propios, se sugiere informar sólo a nivel de género según los criterios recomendados por el fabricante.

Es decir, a partir de **score >1,7** se informa *Acidovorax* sp.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

Tabla 2. Traducción para especies de *Acidovorax* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en Base de datos Bruker (BD)	Nro de MSPs en BD
<i>A. avenae</i>	SI	2
<i>A. delafieldii</i>	SI	1
<i>A. facillis</i>	SI	2
<i>A. oryzae</i>	NO	
<i>A. temperans</i>	SI	2
<i>A. wautersii</i>	NO	

Referencias:

- Choi A, Bae J, Cha C, Chun J, Im W, Jahng KY, Jeon CO, Joh K, Kim SB, Seong CN, Yoon J, Cho J. A report of 39 unrecorded bacterial species in Korea, belonging to the *Betaproteobacteria* and *Gammaproteobacteria*. *Journal of Species Research* 2015;4(2):109-126. doi: 10.12651/JSR.2015.4.2.109.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Malkan AD, Strollo W, Scholand SJ, Dudrick SJ. Implanted-port-catheter-related sepsis caused by *Acidovorax avenae* and methicillin-sensitive *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 2009;47(10): 3358–3361. doi: 10.1128/JCM.01093-09.
- Orsborne C, Hardy A, Isalska B, Williams SG, Muldoon EG. *Acidovorax oryzae* Catheter-Associated Bloodstream Infection. *J Clin Microbiol* 2014; 52(12): 4421–4424. doi:10.1128/JCM.00657-14.
- Vaneechoutte M, Janssens M, Avesani V, Delmée M, Deschaght P. Description of *Acidovorax wautersii* sp. nov. to accommodate clinical isolates and an environmental isolate, most closely related to *Acidovorax avenae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2013;63(6):2203-6. doi: 10.1099/ij.s.0.046102-0.
- Wang Y, Zhou Q, Li B, Liu B, Wu G, Ibrahim M, Xie G, Li H, Sun G. Differentiation in MALDI-TOF MS and FTIR spectra between two closely related species *Acidovorax oryzae* and *Acidovorax citrulli*. *BMC Microbiol* 2012;12:182. doi: 10.1186/1471-2180-12-182.

Acinetobacter

Las limitaciones de MALDI-TOF ocurren en la identificación de las especies del complejo *A. calcoaceticus/A. baumannii*, *A. junii/A. johnsonii* y *A. guillouiae*, y para aquellas especies que están pobremente representadas o no están incluidas en la base de datos de espectros proteicos, como *A. soli*, *A. beijerinckii*, *A. berenzinae*, *A. variabilis*.

Para una completa identificación a nivel de especie se requiere la secuenciación de genes tales como *rpoB*, *gyrB* y *recA*.

Los resultados serán informados siguiendo las recomendaciones del fabricante y considerando el criterio del 10% de divergencia entre la primera especie y la distinta siguiente del Top Ten.

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Tabla 3. Traducción para especies de *Acinetobacter* spp.

ID por MALDI-TOF	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar solo con score ≥ 2	Observaciones
<i>A. calcoaceticus</i>	SI	10	Complejo <i>Acinetobacter calcoaceticus-baumannii</i>	
<i>A. baumannii</i>	SI	12	<i>A. baumannii</i>	<i>A. baumannii</i> puede ser identificado como <i>A. nosocomialis</i> . Informar complejo <i>A. baumannii/nosocomialis</i>
<i>A. baylyi</i>	SI	3	<i>Acinetobacter</i> sp.	Diferenciar de <i>A. bereziniae</i> y de <i>A. soli</i> . Confirmar especie con <i>rpoB</i>
<i>A. bereziniae</i>	SI	1	<i>Acinetobacter</i> sp.	Confirmar especie con <i>rpoB</i> . Picos característicos de <i>A. bereziniae</i> : 7156, 7407, 7796 Da

<i>A. guillouiae</i>	SI	2	<i>Acinetobacter</i> sp.	Confirmar especie con <i>rpoB</i> . Picos característicos de <i>A. guillouiae</i> : 3258, 3690, 6513, 6978, 7378, 7813 Da.
<i>A. haemolyticus</i>	SI	7	<i>A. haemolyticus</i>	
<i>A. johnsonii</i>	SI	9	<i>Acinetobacter</i> sp.	Diferenciar de <i>A. ursingii</i> y de <i>A. oleovorans</i> mediante <i>rpoB</i> .
<i>A. junii</i>	SI	8	<i>A. junii/A johnsonii</i>	
<i>A. lwoffii</i>	SI	11	<i>A. lwoffii</i>	
<i>A. nosocomialis</i>	SI	8	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>A. baumannii</i> puede ser identificado como <i>A. nosocomialis</i> . Informar complejo <i>A. baumannii/nosocomialis</i> Confirmar especie mediante <i>rpoB</i> .
<i>A. parvus</i>	SI	1	<i>Acinetobacter</i> sp.	Colonias muy pequeñas en agar nutritivo. Debido a que no hay experiencia propia, confirmar especie con <i>rpoB</i> .
<i>A. pittii</i>	SI	18	<i>A. pittii</i>	
<i>A. radioresistens</i>	SI	8	<i>A. radioresistens</i>	
<i>A. schindleri</i>	SI	1	<i>A. schindleri</i>	
<i>A. ursingii</i>	SI	9	<i>A. ursingii</i>	

En los casos que dentro del Top Ten la identificación arroja *A.baumannii* y *A. nosocomialis*, informar complejo *A. baumannii/nosocomialis*.

Las siguientes especies no se encuentran representadas en la base de datos del equipo, por lo que pueden aparecer como *Acinetobacter* sp., con bajo score y sin lograr el 10% de divergencia entre especies. Para confirmar la identificación en estos casos, se recomienda la secuenciación del gen *rpoB*:

- *Acinetobacter beijerinckii*
- *Acinetobacter courvalini*
- *Acinetobacter dijkshoorniae*

- *Acinetobacter dispersus*
- *Acinetobacter gyllenbergii*
- *Acinetobacter modestus*
- *Acinetobacter proteolyticus*
- *Acinetobacter seifertii*
- *Acinetobacter soli*
- *Acinetobacter variabilis*
- *Acinetobacter venetianus*
- *Acinetobacter vivianii*

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Bouvet PJM, Grimont PAD. Taxonomy of the Genus *Acinetobacter* with the Recognition of *Acinetobacter baumannii* sp. nov., *Acinetobacter haemolyticus* sp. nov., *Acinetobacter johnsonii* sp. nov., and *Acinetobacter junii* sp. nov. and Emended Descriptions of *Acinetobacter calcoaceticus* and *Acinetobacter lwoffii*. Int J Syst Bacteriol 1986; 36, 228-240. doi: 10.1099/00207713-36-2-228
- Cosgaya C, Mari-Almirall M, Van Assche A, Fernández-Orth D, Mosqueda N, Telli M, Huys G, Higgins PG, Seifert H, Lievens B, Roca I, Vila J. *Acinetobacter dijkshoorniae* sp. nov., a member of the *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* complex mainly recovered from clinical samples in different countries. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(10): 4105-4111. doi: 10.1099/ijsem.0.001318.
- Gaillard T, Darles C, Pons S, Martinaud C, Soler C, Brisou P. *Acinetobacter parvus* bacteraemia community-acquired. Int J Med Microbiol 2012;302(7-8): 327-9. doi: 10.1016/j.ijmm.2012.10.002.
- Hsueh P, Kuo L, Chang T, Lee T, Teng S, Chuang Y, Teng L, Sheng W. Evaluation of the Bruker Biotyper Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry System for Identification of Blood Isolates of *Acinetobacter* Species. J Clin Microbiol 2014;52(8): 3095–3100. doi: 10.1128/JCM.01233-14
- Jeong S, Hong JS, Kim JO, Kim KH, Lee W, Bae IK, Lee K, Jeong SH. Identification of *Acinetobacter* Species Using Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. Ann Lab Med 2016;36(4): 325–334. doi: 10.3343/alm.2016.36.4.325.
- Kishii K, Kikuchi K, Matsuda N, Yoshida A, Okuzumi K, Uetera Y, Yasuhara H, Moriya K. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for species identification of *Acinetobacter* strains isolated

from blood cultures. Clin Microbiol Infect 2014;20(5):424-30. doi: 10.1111/1469-0691.12376.

- Krizova L, McGinnis J, Maixnerova M, Nemec M, Poirel L, Mingle L, Sedo O, Wolfgang W, Nemec A. *Acinetobacter variabilis* sp. nov. (formerly DNA group 15 *sensu* Tjernberg & Ursing), isolated from humans and animals. Int J Syst Evol Microbiol 2015;65 (3):857-863. doi: 10.1099/ijs.0.000028.
- Nemec A, De Baere T, Tjernberg I, Vaneechoutte M, van der Reijden TJ, Dijkshoorn L. *Acinetobacter ursingii* sp. nov. and *Acinetobacter schindleri* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2001; 51 (5): 1891-1899. doi: 10.1099/00207713-51-5-1891.
- Nemec A, Krizova L, Maixnerova M, Sedo O, Brisse S, Higgins PG. *Acinetobacter seifertii* sp. nov., a member of the *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* complex isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2015;65, 934-942. doi: 10.1099/ijs.0.000043.
- Nemec A, Dijkshoorn L, Cleenwerck I, De Baere T, Janssens D, Van Der Reijden TJ, Jezek P, Vaneechoutte M. *Acinetobacter parvus* sp. nov., a small-colony-forming species isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2003;53(5):1563-1567. doi: 10.1099/ijs.0.02631-0.
- Nemec A, Krizova L, Maixnerova M, van der Reijden TJ, Deschaght P, Passet V, Vaneechoutte M, Brisse S, Dijkshoorn L. Genotypic and phenotypic characterization of the *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* complex with the proposal of *Acinetobacter pittii* sp. nov. (formerly *Acinetobacter* genomic species 3) and *Acinetobacter nosocomialis* sp. nov. (formerly *Acinetobacter* genomic species 13TU). Res Microbiol 2011; 162(4): 393-404. doi: 10.1016/j.resmic.2011.02.006.
- Nemec A, Musílek M, Maixnerová M, De Baere T, van der Reijden TJ, Vaneechoutte M, Dijkshoorn L. *Acinetobacter beijerinckii* sp. nov. and *Acinetobacter gyllenbergii* sp. nov., haemolytic organisms isolated from humans. Int J Syst Evol Microbiol 2009;59 (1): 118-124. doi: 10.1099/ijs.0.001230-0.
- Nemec A, Musílek M, Sedo O, De Baere T, Maixnerová M, van der Reijden TJ, Zdráhal Z, Vaneechoutte M, Dijkshoorn L. *Acinetobacter bereziniae* sp. nov. and *Acinetobacter guillouiae* sp. nov., to accommodate *Acinetobacter* genomic species 10 and 11, respectively. Int J Syst Evol Microbiol 2010;60(4): 896-903. doi: 10.1099/ijs.0.013656-0.
- Nemec A, Radolfova-Krizova L, Maixnerova M, Vrestiakova E, Jezek P, Sedo O. Taxonomy of haemolytic and/or proteolytic strains of the genus *Acinetobacter* with the proposal of *Acinetobacter courvalinii* sp. nov. (genomic species 14 *sensu* Bouvet & Jeanjean), *Acinetobacter dispersus* sp. nov. (genomic species 17), *Acinetobacter modestus* sp. nov., *Acinetobacter proteolyticus* sp. nov. and *Acinetobacter vivianii* sp. nov. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(4): 1673-85. doi: 10.1099/ijsem.0.000932.

- Nishimura Y, Ino T, Iizuka H. *Acinetobacter radioresistens* sp. nov. Isolated from Cotton and Soil. Int J Syst Bacteriol 1988; 38, 209-211. doi: 10.1099/00207713-38-2-209.

Actinobacillus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Actinobacillus hominis no se encuentra representado en la base de datos del equipo, y puede generarse una inconsistencia al ser identificado como otras especies del género con alto valor de score.

En todos los casos, se recomienda confirmar la identificación a nivel de especie mediante pruebas fenotípicas adicionales (Ver Tabla 5).

Tabla 4. Traducción para especies de *Actinobacillus* spp.

ID por MALDI-TOF	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar	Observaciones
<i>A. equuli</i>	SI	1	<i>Actinobacillus suis/ equuli</i>	
<i>A. hominis</i>	NO			
<i>A. lignieresii</i>	SI	1	<i>Actinobacillus lignieresii/ pleuropneumoniae</i>	
<i>A. pleuropneumoniae</i>	SI	2	<i>Actinobacillus lignieresii/ pleuropneumoniae</i>	
<i>A. suis</i>	SI	1	<i>Actinobacillus suis/ equuli</i>	
<i>A. ureae</i>	SI	1	<i>A. ureae</i>	Informar con valor de score $\geq 2,0$

Tabla 5. Características fenotípicas de especies de *Actinobacillus* spp.

Ensayo	<i>Actinobacillus lignieresii</i>	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i>	<i>Actinobacillus equuli</i>	<i>Actinobacillus suis</i>	<i>Actinobacillus ureae</i>	<i>Actinobacillus hominis</i>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>
Hemólisis	-	+	V	+	-	-	-
Hidrólisis de Esculina	-	-	-	+	-	V	-
Ureasa	+	+	+	+	+	+	-
ONPG	+	+	+	V	-	+	
Acido de Lactosa	V	V	+	+	-	+	-
Acido de Trehalosa	-	-	+	+	-	+	-
Acido de Melibiosa	-	-	+	+	-	+	-

Símbolos: V, variable.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Montagnania C, Pecile P, Moriondo M, Petricci P, Becciani S, Chiappini E, Indolfi G, Rossolini GM, Azzari C, de Martino M, Galli L. First Human Case of Meningitis and Sepsis in a Child Caused by *Actinobacillus suis* or *Actinobacillus equuli*. J Clin Microbiol 2015;53(6):1990-2. doi: 10.1128/JCM.00339-15.
- Schulthess B, Bloemberg GV, Zbinden A, Mouttet F, Zbinden R, Böttger EC, Hombach M. Evaluation of the Bruker MALDI Biotyper for Identification of Fastidious Gram-Negative Rods. J Clin Microbiol 2016;54(3): 543–548. doi: 10.1128/JCM.03107-15.

Actinobaculum/ Actinotignum

MALDI-TOF identifica correctamente las especies del género.

Para *Actinobaculum schaalii*, se aceptan valores de score para una identificación confiable:

SCORE $\geq 1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,5$ = no identifica

Para las otras especies (*A. urinale*, *A. suis*, *A. sanguinis*), dados los pocos datos bibliográficos, informar especie sólo si el **score es $\geq 2,0$** (sugerido por el fabricante).

La especie *Actinobaculum massiliense* no existe en la taxonomía actual, por lo cual ante un aislado por MALDI-TOF como *A. massiliense* informar *Actinotignum* sp.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 6. Traducción para especies de *Actinobaculum/Actinotignum* spp.

ID por MALDI-TOF	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar
<i>A. massiliense</i>	SI	1	<i>Actinotignum</i> sp.
<i>A. sanguinis</i>	SI	2	<i>A. sanguinis</i>
<i>A. schaalii</i>	SI	3	<i>A. schaalii</i>
<i>A. suis</i>	SI	2	<i>A. suis</i>
<i>A. urinale</i>	SI	1	<i>A. urinale</i>

Referencias:

- Lotte R, Lotte L, Ruimy R. *Actinotignum schaalii* (formerly *Actinobaculum schaalii*): a newly recognized pathogen-review of the literature. Clin Microbiol Infect 2016;22(1):28-36. doi: 10.1016/j.cmi.2015.10.038.
- Schmitt BH, Cunningham SA, Dailey AL, Gustafson DR, Patel R. Identification of anaerobic bacteria by Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry with on-plate formic acid preparation. J Clin Microbiol 2013;51(3):782-6. doi: 10.1128/JCM.02420-12.
- Schulthess B, Bloemberg GV, Zbinden R, Böttger EC, Hombach M. Evaluation of the Bruker MALDI Biotyper for identification of Gram-positive rods:

development of a diagnostic algorithm for the clinical laboratory. J Clin Microbiol 2014;52(4): 1089-97. doi: 10.1128/JCM.02399-13.

- Yassin AF, Spröer C, Pukall R, Sylvester M, Siering C, Schumann P. Dissection of the genus *Actinobaculum*: Reclassification of *Actinobaculum schaalii* Lawson et al. 1997 and *Actinobaculum urinale* Hall et al. 2003 as *Actinotignum schaalii* gen. nov., comb. nov. and *Actinotignum urinale* comb. nov., description of *Actinotignum sanguinis* sp. nov. and emended descriptions of the genus *Actinobaculum* and *Actinobaculum suis*; and re-examination of the culture deposited as *Actinobaculum massiliense* CCUG 47753T (5DSM 19118T), revealing that it does not represent a strain of this species. Int J Syst Evol Microbiol 2015;65, 615–624. doi: 10.1099/ijs.0.069294-0.

Actinomyces

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Las especies *A. oris*, *A. naeslundii*, *A. viscosus* y *A. johnsonii* corresponden a un grupo heterogéneo que no se logra discriminar, por lo que deberían informarse como Grupo *Actinomyces naeslundii*.

Se recomienda confirmar la identificación mediante secuenciación del gen 16S ARNr.

Tabla 7. Traducción para especies de *Actinomyces* spp. halladas en muestras clínicas.

ID por MALDI-TOF	Presencia en BD	Nro MSPs en BD	Informar	Comentarios
<i>A. cardiffensis</i>	SI	1	<i>A. cardiffensis</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. dentalis</i>	SI	1	<i>A. dentalis</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. europaeus</i>	SI	8	<i>A. europaeus</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. funkei</i>	SI	3	<i>A. funkei</i>	
<i>A. georgiae</i>	SI	2	<i>A. georgiae</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. gerencseriae</i>	SI	1	<i>A. gerencseriae</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. graevenitzii</i>	SI	8	<i>A. graevenitzii</i>	Confirmar con 16S ARNr Presenta fluorescencia roja bajo luz UV en agar sangre.
<i>A. hominis</i>	SI	1	<i>A. hominis</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. israelii</i>	SI	3	<i>A. israelii</i>	
<i>A. johnsonii</i>	NO		Grupo <i>Actinomyces naeslundii</i>	
<i>A. meyeri</i>	SI	11	<i>A. meyeri</i>	
<i>A. naeslundii</i>	SI	4	Grupo <i>Actinomyces naeslundii</i>	
<i>A. neuui</i>	SI	15	<i>A. neuui</i>	
<i>A. odontolyticus</i>	SI	19	<i>A. odontolyticus</i>	
<i>A. oris</i>	SI	10	Grupo <i>Actinomyces naeslundii</i>	
<i>A. radidentis</i>	SI	1	<i>A. radidentis</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. radingae</i>	SI	7	<i>A. radingae</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. turicensis</i>	SI	7	<i>A. turicensis</i>	Confirmar con 16S ARNr
<i>A. urogenitalis</i>	SI	6	<i>A. urogenitalis</i>	
<i>A. viscosus</i>	SI	1	Grupo <i>Actinomyces naeslundii</i>	

Las siguientes especies no se encuentran representadas en la base de datos del equipo, por lo que pueden aparecer como *Actinomyces* sp., con bajo score y sin lograr el 10 % de divergencia entre especies. Para confirmar la identificación en estos casos, se recomienda la secuenciación del gen 16S ARNr:

- *A. hongkongensis*
- *A. johnsonii*
- *A. massiliensis*
- *A. oricola*
- *A. timonensis*

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Funke G, Alvarez N, Pascual C, Falsen E, Akervall E, Sabbe L, Schouls L, Weiss N, Collins MD. *Actinomyces europaeus* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Bacteriol 1997;47(3):687-692. doi: 10.1099/00207713-47-3-687.
- Hall V, Collins MD, Lawson PA, Falsen E, Duerden BI. *Actinomyces dentalis* sp. nov., from a human dental abscess. Int J Syst Evol Microbiol 2005;55, 427–431. doi: 10.1099/ijs.0.63376-0.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Ramos CP, Falsen E, Alvarez N, Akervall E, Sjöden B, Collins MD. *Actinomyces graevenitzii* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Bacteriol 1997; 47(3): 885-888. doi: 10.1099/00207713-47-3-885.
- Stingu CS, Borgmann T, Rodloff AC, Vielkind P, Jentsch H, Schellenberger W, Eschrich K. Rapid identification of oral *Actinomyces* species cultivated from subgingival biofilm by MALDI-TOF-MS. J Oral Microbiol 2015;7: 10.3402/jom.v7.26110. doi: 10.3402/jom.v7.26110.
- UK Standards for Microbiology Investigations ID 15: Identification of Anaerobic *Actinomyces* species. Public Health England 2015.

Advenella

La identificación se realiza según recomendaciones del fabricante. Escasa experiencia con datos propios y bibliográficos.

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,7$ = no identifica

Tabla 8. Traducción para especies de *Advenella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. incenata</i>	SI	1
<i>A. kashmirensis</i>	SI	3

Aerococcus

Para las especies *Aerococcus urinae* y *Aerococcus viridans*, se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $>1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,5$ = no identifica

Aclaración: *A. viridans* arroja, en la mayoría de los casos, bajos valores de score.

Debido a limitada experiencia, se recomienda informar a nivel de especie con valor de **score $\geq 2,0$** las siguientes:

- *A. christensenii*
- *A. sanguinicola*
- *A. urinaehominis*

Tabla 9. Traducción de especies de *Aerococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. christensenii</i>	SI	2
<i>A. sanguinicola</i>	SI	3
<i>A. urinae</i>	SI	7
<i>A. urinaehominis</i>	SI	1
<i>A. viridans</i>	SI	19

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Senneby E, Nilson B, Petersson AC, Rasmussen M. Matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry is a sensitive and specific method for identification of aerococci. J Clin Microbiol 2013;51(4): 1303–1304. doi: 10.1128/JCM.02637-12.

Aeromonas

La identificación se realiza según recomendación del fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

No se logra correcta discriminación entre especies del género; se recomienda informar como *Aeromonas* sp.

Para lograr identificación a nivel de especie se requiere la secuenciación del gen *rpoD*.

Sin embargo, si MALDI-TOF arroja resultados de *Aeromonas caviae* / *hydrophila*, se puede realizar la búsqueda manual por el usuario de picos característicos y/o completar la identificación mediante pruebas fenotípicas (Ver Tabla 11 a continuación).

Aeromonas hydrophila: 2222Da, 4322Da, 4450Da, 6026Da.

Informar **Complejo *Aeromonas hydrophila***: *A. hydrophila*, *A. bestiarum*, *A. salmonicida*.

Aeromonas caviae: 2942Da, 3852Da, 4305Da, 4976Da, 5886Da, 7701Da.

Informar **Complejo *Aeromonas caviae***: *A. caviae*, *A. media*, *A. eucrenophila*

Informar **Complejo *Aeromonas veronii***: incluye las especies *A. veronii*, *A. jandaei*, *A. schubertii*, *A. trota*.

Tabla 10. Traducción de especies de *Aeromonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar
<i>A. bestiarum</i>	SI	2	Complejo <i>Aeromonas hydrophila</i>
<i>A. caviae</i>	SI	3	Complejo <i>Aeromonas caviae</i>
<i>A. dhakensis</i>	NO		
<i>A. eucrenophila</i>	SI	2	Complejo <i>Aeromonas caviae</i>
<i>A. hydrophila</i>	SI	5	Complejo <i>Aeromonas hydrophila</i>
<i>A. ichthiosmia</i>	SI	1	Corresponde a <i>Aeromonas veronii</i> en la taxonomía actual
<i>A. jandaei</i>	SI	2	Complejo <i>Aeromonas veronii</i>
<i>A. media</i>	SI	4	Complejo <i>Aeromonas caviae</i>
<i>A. punctata</i>	SI	1	Corresponde a <i>Aeromonas caviae</i> en la taxonomía actual
<i>A. salmonicida</i>	SI	5	Complejo <i>Aeromonas hydrophila</i>
<i>A. schubertii</i>	SI	2	Complejo <i>Aeromonas veronii</i>
<i>A. sobria</i>	SI	2	<i>A. sobria</i>
<i>A. trota</i>	NO		Complejo <i>Aeromonas veronii</i>
<i>A. veronii</i>	SI	7	Complejo <i>Aeromonas veronii</i>

Si no se logra identificación confiable y aplicando el criterio del 10% de divergencia entre las especies, puede corresponder a *Aeromonas dhakensis*, cuyo perfil está ausente en la base de datos comercial; en estos casos se recomienda realizar el perfil de pruebas bioquímicas (Ver Tabla 11).

Tabla 11. Pruebas fenotípicas para especies relacionadas del género *Aeromonas* spp.

Ensayo	<i>A. caviae</i>	<i>A. hydrophila</i>	<i>A. dhakensis</i>
Gas de glucosa	-	+	+
VP	-	+	+
LDC	-	+	+
Arabinosa	+	+	-

Referencias:

- Abbott SL, Cheung WK, Janda JM. The genus *Aeromonas*: biochemical characteristics, atypical reactions, and phenotypic identification schemes. *J Clin Microbiol* 2003; 41(6):2348–2357.
- *Aeromonas punctata* (Zimmermann 1890) Snieszko 1957 (Approved Lists 1980) is an earlier homotypic synonym of *Aeromonas caviae* (ex Eddy 1962) Popoff 1984.
- Beaz-Hidalgo R, Martínez-Murcia A, Figueras MJ. Reclassification of *Aeromonas hydrophila* subsp. *dhakensis* Huys et al. 2002 and *Aeromonas aquariorum* Martínez-Murcia et al. 2008 as *Aeromonas dhakensis* sp. nov. comb nov. and emendation of the species *Aeromonas hydrophila*. *Syst Appl Microbiol* 2013;36(3): 171-176. doi: 10.1016/j.syapm.2012.12.007.
- Huys G, Kämpfer P, Swings J. New DNA-DNA hybridization and phenotypic data on the species *Aeromonas ichthiosmia* and *Aeromonas allosaccharophila*: *A. ichthiosmia* Schubert et al. 1990 is a later synonym of *A. veronii* Hickman-Brenner et al. 1987. *Syst Appl Microbiol* 2001;24(2): 177-182. doi: 10.1078/0723-2020-00038.
- Janda JM, Abbott SL. The Genus *Aeromonas*: Taxonomy, Pathogenicity and Infection. *Clin Microbiol Rev* 2010;23(1):35-73. doi: 10.1128/CMR.00039-09.

- Puthucheary SD, Pua SM, Chua KH. Molecular characterization of clinical isolates of *Aeromonas* species from Malaysia. PLoS One 2012;7(2):e30205. doi: 10.1371/journal.pone.0030205.

Aggregatibacter

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Las principales especies del género son correctamente identificadas por MALDI-TOF.

Los valores de score aumentan cuando el microorganismo se encuentra en condiciones óptimas de crecimiento.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 12. Traducción de especies de *Aggregatibacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. actinomycetemcomitans</i>	SI	6
<i>A. aphrophilus</i>	SI	5
<i>A. segnis</i>	SI	2

Referencias:

- Couturier MR, Mehinovic E, Croft AC, Fisher MA. Identification of HACEK Clinical Isolates by matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 2011;49(3):1104–1106. doi: 10.1128/JCM.01777-10.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Khot PD, Couturier MR, Wilson A, Croft A, Fisher MA. Optimization of matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry analysis for bacterial identification. J Clin Microbiol 2012;50(12):3845–3852. doi: 10.1128/JCM.00626-12.

- Nørskov-Lauritsen N. Classification, identification, and clinical significance of Haemophilus and Aggregatibacter species with host specificity for humans. Clin Microbiol Rev 2014; 27(2):214–240. doi: 10.1128/CMR.00103-13.

Alcaligenes

Alcaligenes faecalis: existen 11 MSPs en la base de datos para este microorganismo.

Informar a nivel de especie con valor de **score $\geq 1,7$** .

No informar a nivel de subespecie.

Alishewanella

Alishewanella fetalis: la identificación se realiza según recomendaciones del fabricante. No existe validación molecular en nuestra experiencia.

Aparece representada por un único perfil de referencia o MSP en la base de datos.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,7$ = no identifica

Alloiococcus

La identificación se realiza según recomendaciones del fabricante. No existe validación molecular en nuestra experiencia.

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,7$ = no identifica

Alloiococcus otitis, está representado por 6 MSPs en la base de datos.

Anaerobiospirillum

La identificación se realiza según recomendaciones del fabricante. No existe validación molecular en nuestra experiencia.

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Tabla 13. Traducción de especies de *Anaerobiospirillum* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. succiniciproducens</i>	SI	3
<i>A. thomasii</i>	NO	

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Malnick H. *Anaerobiospirillum thomasii* sp. nov., an anaerobic spiral bacterium isolated from the feces of cats and dogs and from diarrheal feces of humans, and emendation of the genus *Anaerobiospirillum*. Int J Syst Bacteriol 1997;47(2):381-4. doi: 10.1099/00207713-47-2-381.

Anaerococcus

Según bibliografía, este género suele presentar valores de score menores a 2,0 y es necesaria la ampliación de la base de datos original.

No existe validación molecular en nuestra experiencia. En base a bibliografía, se aceptan para una identificación confiable:

SCORE $\geq 1,8$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,6-1,79 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,6$ = no identifica

Tabla 14. Traducción de especies de *Anaerococcus* spp. halladas en muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. degenerii</i>	NO	
<i>A. hydrogenalis</i>	SI	1
<i>A. lactolyticus</i>	SI	4
<i>A. mediterraneensis</i>	NO	
<i>A. murdochii</i>	SI	7
<i>A. naya</i>	NO	
<i>A. octavius</i>	SI	2
<i>A. prevotii</i>	SI	2
<i>A. provenciensis</i>	NO	
<i>A. senegalensis</i>	NO	
<i>A. tetradius</i>	SI	2
<i>A. vaginalis</i>	SI	7

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Diop K, Bretelle F, Fournier PE, Fenollar F. “*Anaerococcus mediterraneensis*” sp. nov., a new species isolated from human female genital tract. *New Microbes New Infect* 2017;17:75-76. doi: 10.1016/j.nmni.2017.02.007.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Lagier JC, Karkouri KE, Nguyen TT, Armougom F, Raoult D, Fournier PE. Non-contiguous finished genome sequence and description of *Anaerococcus senegalensis* sp. nov. *Stand Genomic Sci* 2012;6(1):116–125. doi: 10.4056/sigs.2415480.
- Murphy EC, Frick IM. Gram-positive anaerobic cocci – commensals and opportunistic pathogens. *FEMS Microbiol Rev* 2013;37(4):520-53. doi: 10.1111/1574-6976.12005.

- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. *Anaerobe* 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.

Arcanobacterium

Arcanobacterium haemolyticum: informar a nivel de especie con valor de **score $\geq 1,7$** . Existen 6 MSPs en la base de datos correspondientes a este microorganismo.

Pruebas adicionales sugeridas:

Catalasa (-), Esculina (-), Ureasa (-), Gelatinasa (-)

Hemólisis (+), pirazinamidasa (+), DNAsa (+), CAMP reverso (+)

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Miyamoto H, Suzuki T, Murakami S, Fukuoka M, Tanaka Y, Kondo T, Nishimiya T, Suemori K, Tauchi H, Osawa H. Bacteriological characteristics of *Arcanobacterium haemolyticum* isolated from seven patients with skin and soft-tissue infections. *J Med Microbiol* 2015;64, 369–374. doi: 10.1099/jmm.0.000038.

Arcobacter

La identificación se realiza según recomendaciones del fabricante. No existe validación molecular en nuestra experiencia.

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Tabla 15. Traducción de especies de *Arcobacter* sp. más frecuentemente halladas en muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. butzleri</i>	SI	4
<i>A. cibarius</i>	SI	1
<i>A. cryaerophilus</i>	SI	6
<i>A. mytili</i>	NO	
<i>A. nitrofigilis</i>	SI	1
<i>A. skirrowii</i>	SI	2
<i>A. thereius</i>	NO	

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: *LPS bacterio.net*

Arthrobacter

Debido a limitada experiencia, se recomienda informar sólo género: *Arthrobacter* sp. con valor de **score $\geq 1,5$** .

Es necesaria la secuenciación parcial del gen 16S ARNr para una completa identificación.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 16. Traducción de especies de *Arthrobacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>A. albus</i>	NO	
<i>A. citreus</i>	SI	2
<i>A. creatinolyticus</i>	SI	3
<i>A. cumminsii</i>	SI	5
<i>A. luteolus</i>	SI	1
<i>A. oxydans</i>	SI	2
<i>A. scleromae</i>	SI	2
<i>A. woluwensis</i>	SI	1

Referencias:

- Funke G, Hutson RA, Bernard KA, Pfyffer GE, Wauters G, Collins MD. Isolation of *Arthrobacter* spp. from clinical specimens and description of *Arthrobacter cumminsii* sp. nov. and *Arthrobacter woluwensis* sp. nov. J Clin Microbiol 1996;34(10):2356-2363.
- Hou XG, Kawamura Y, Sultana F, Shu S, Hirose K, Goto K, Ezaki T. Description of *Arthrobacter creatinolyticus* sp.nov., isolated from human urine. Int J Syst Bacteriol 1998;48,423-429. doi: 10.1099/00207713-48-2-423.
- Huang Y, Zhao N, He L, Wang L, Liu Z, You M, Guan F. *Arthrobacter scleromae* sp. nov. isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 2005;43(3):1451-1455. doi: 10.1128/JCM.43.3.1451-1455.2005.
- Koch C, Rainey FA, Stackebrandt E. 16S rDNA studies on members of *Arthrobacter* and *Micrococcus*: An aid for their future taxonomic restructuring. FEMS Microbiol Lett 1994;123(1-2)167-171. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.1994.tb07217.x>.
- Vargha M, Takáts Z, Konopka A, Nakatsu CH. Optimization of MALDI-TOF MS for strain level differentiation of *Arthrobacter* isolates. J Microbiol Methods 2006;66(3):399-409. doi: 10.1016/j.mimet.2006.01.006.
- Wauters G, Charlier J, Janssens M, Delmée M. Identification of *Arthrobacter oxydans*, *Arthrobacter luteolus* sp. nov., and *Arthrobacter albus* sp. nov., isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 2000;38(6): 2412-15.

B

Bacillus

Se emplean los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Aclaración: puede dar fallas en la identificación según el grado de esporulación; utilizar cultivos frescos.

Informar como ***Bacillus grupo cereus*** (incluye las especies *B. cereus*, *B. thuringiensis*, *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. cytotoxicus*, *B. weihenstephanensis* y *B. toyonensis*).

Bacillus anthracis (grupo *Bacillus cereus*) no forma parte de la base de datos por ser un agente de bioterrorismo. Por lo tanto, ante un aislamiento Lecitinasa positiva, gamma hemolítico e inmóvil, confirmar la sospecha de *Bacillus anthracis* mediante biología molecular.

Se recomienda completar la identificación de las especies del grupo *Bacillus cereus* mediante el perfil de pruebas bioquímicas (Ver Anexo).

También se puede realizar secuenciación del gen 16S ARNr, y de no lograrse discriminación completar con otros genes: 23S ARNr, *gyrB*, *rpoB* y *groEL*; del mismo modo que ocurre con el resto de los grupos del género.

Tabla 17. Traducción para las especies del género *Bacillus* spp.

ID por MALDI-TOF	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar	Comentarios
<i>B. cereus</i>	SI	3	<i>Bacillus</i> grupo <i>cereus</i>	
<i>B. thuringiensis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>cereus</i>	
<i>B. mycoides</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>cereus</i>	
<i>B. pseudomycoides</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>cereus</i>	
<i>B. weihenstephanensis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>cereus</i>	
<i>B. subtilis</i>	SI	9	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	
<i>B. atropheus</i>	SI	4	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	
<i>B. mojavensis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	
<i>B. vallismortis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	
<i>B. sonorensis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	
<i>B. amyloliquefaciens</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>subtilis</i>	<i>B. amyloliquefaciens</i> debe informarse como "grupo operacional <i>B. amyloliquefaciens</i> " que incluye <i>B. amyloliquefaciens</i> , <i>B. siamensis</i> y <i>B. velezensis</i> . *
<i>B. licheniformis</i>	SI	3	<i>B. licheniformis</i>	Informar a nivel de especie si da anaerobiosis +
<i>B. pumilus</i>	SI	6	<i>Bacillus</i> grupo <i>pumilus</i>	
<i>B. safensis</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>pumilus</i>	
<i>B. altitudinis</i>	SI	2	<i>Bacillus</i> grupo <i>pumilus</i>	
<i>B. megaterium</i>	SI	3	<i>B. megaterium</i>	
<i>B. circulans</i>	SI	2	<i>Bacillus</i> grupo <i>circulans</i>	

<i>B. firmus</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> grupo <i>circulans</i>	
<i>B. lentus</i>	SI	2	<i>Bacillus</i> grupo <i>circulans</i>	
<i>B. coagulans</i>	SI	2	<i>Bacillus</i> grupo <i>circulans</i>	
<i>B. clausii</i>	SI	3	<i>B. clausii</i>	Confirmar con 16S ARNr o <i>gyrB</i>
<i>B. halmapalus</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> sp.	Confirmar con <i>gyrB</i>
<i>B. horikoshii</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> sp.	Confirmar con <i>gyrB</i>
<i>B. jeotgali</i>	SI	1	<i>Bacillus</i> sp.	Confirmar con <i>gyrB</i>
<i>B. simplex</i>	SI	2	<i>Bacillus</i> sp.	Confirmar con <i>gyrB</i>

* Se recomienda informar refiriendo cita: Fan B, Blom J, Klenk HP, Borriss R. *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus velezensis*, and *Bacillus siamensis* Form an “Operational Group *B. amyloliquefaciens*” within the *B. subtilis* Species Complex. *Front Microbiol* 2017;8:22. doi: 10.3389/fmicb.2017.00022.

Las siguientes especies no se encuentran representadas en la base de datos del equipo:

- *B. cytotoxicus* (grupo *B. cereus*)
- *B. rhizosphareae*
- *B. toyonensis* (grupo *B. cereus*)
- *B. velezensis* (grupo *B. subtilis*)
- *Bacillus beringensis* / *kortensis*
- *Bacillus borboni* / *carboniphilus*
- *Bacillus stratosphaericus* / *B. aerophilus* (grupo *B. pumilus*)

Las mismas han sido confirmadas mediante biología molecular.

Referencias:

- Bavykin SG, Lysov YP, Zakhariev V, Kelly JJ, Jackman J, Stahl DA, Cherni A. Use of 16S rRNA, 23S rRNA, and *gyrB* gene sequence analysis to determine phylogenetic relationships of *Bacillus cereus* group microorganisms. *J Clin Microbiol* 2004;42(8):3711-30. doi: 10.1128/JCM.42.8.3711-3730.2004.
- Fan B, Blom J, Klenk HP, Borriss R. *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus velezensis*, and *Bacillus siamensis* Form an “Operational Group *B.*

amyloliquefaciens” within the *B. subtilis* Species Complex. *Front Microbiol* 2017;8:22. doi: 10.3389/fmicb.2017.00022.

- Rooney AP, Price NP, Ehrhardt C, Swezey JL, Bannan JD. Phylogeny and molecular taxonomy of the *Bacillus subtilis* species complex and description of *Bacillus subtilis* subsp. *inaquosorum* subsp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2009;59(10):2429-36. doi: 10.1099/ijls.0.009126-0.
- Senesi S, Celandroni F, Tavanti A, Ghelardi E. Molecular Characterization and Identification of *Bacillus clausii* Strains Marketed for Use in Oral Bacteriotherapy. *Appl Environ Microbiol* 2001;67(2): 834–839. doi: 10.1128/AEM.67.2.834-839.2001.

Bacteroides

Se recomiendan los criterios aceptados en la bibliografía:

SCORE $\geq 1,8$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,6-1,79 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,6$ = no identifica

Según Jorgensen *et al.* (2015) la identificación a nivel de especie es correcta.

Sin embargo sugerimos discriminar la identificación en ciertos casos:

Cuando MALDI-TOF arroje un resultado de *Bacteroides ovatus*, se deberá informar *Bacteriodes ovatus/ xylanisolvens* debido a su estrecha similitud y a la ausencia de este último en la base de datos del equipo, o realizar pruebas manuales útiles en su diferenciación (Ver Tabla 18).

Por otra parte, MALDI-TOF puede dar como *Bacteroides stercoris*, las especies *Bacteroides fragilis/clarus* (Ver Tabla 18 a continuación).

Cuando MALDI-TOF arroje un resultado de *Bacteroides vulgatus*, se deberá informar *Bacteroides vulgatus/dorei* debido a su estrecha similitud y a la ausencia de este último en la base de datos del equipo. Del mismo modo, cuando arroje un resultado como *Bacteroides thetaiotaomicron* se deberá informar como *B. thetaiotamicron/faecis*, ya que poseen similitud pero el número de espectros de *B. faecis* es menor que *B. thetaiotaomicron*.

Tabla 18. Diferenciación fenotípica de especies de *Bacteroides* spp. con dificultades por MALDI-TOF.

Especie	Indol	Catalasa	α -Fucosidasa	Arabinosa	Trehalosa	Xilosa
<i>B. stercoris</i>	+	V	V	-	-	+
<i>B. fragilis</i>	-	+	+	-	-	+
<i>B. clarus</i>	+	-	-	-	W	+
<i>B. ovatus</i>	+	+	+	+	+	+
<i>B. xylanisolvans</i>	-	-	+	+	+	+

Símbolos: V, variable; W, débil.

Tabla 19. Traducción para especies del género *Bacteroides* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>B. caccae</i>	SI	5
<i>B. cellulosilyticus</i>	SI	3
<i>B. clarus</i>	SI	1
<i>B. coagulans</i>	SI	1
<i>B. coprocola</i>	SI	1
<i>B. coprophilis</i>	SI	1
<i>B. dorei</i>	NO	
<i>B. eggerthii</i>	SI	3
<i>B. faecis</i>	SI	2
<i>B. fingoldii</i>	SI	3
<i>B. fluxus</i>	SI	1
<i>B. fragilis</i>	SI	14

<i>B. galacturonicus</i>	NO	
<i>B. intestinalis</i>	SI	4
<i>B. massiliensis</i>	SI	6
<i>B. nordii</i>	SI	6
<i>B. oleiciplenus</i>	SI	1
<i>B. ovatus</i>	SI	6
<i>B. pectinophilus</i>	NO	
<i>B. plebeius</i>	SI	1
<i>B. pyogenes</i>	SI	7
<i>B. salyersae</i>	SI	9
<i>B. stercoris</i>	SI	5
<i>B. thetaiotaomicron</i>	SI	8
<i>B. uniformis</i>	SI	10
<i>B. vulgatus</i>	SI	8
<i>B. xylanisolvens</i>	NO	

Referencias:

- Johnson JL, Moore WEC, Moore LVH. *Bacteroides caccae* sp. nov., *Bacteroides merdae* sp. nov., and *Bacteroides stercoris* sp. nov. isolated from human feces. Int J Syst Bacteriol 1986;36, 499-501. doi: 10.1099/00207713-36-4-499.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. Anaerobe 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.
- Veloo ACM, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, Kostrzewa M, Friedrich AW. Validation of MALDI-TOF MS Biotyper database optimized for anaerobic bacteria: The ENRIA project. Anaerobe 2018;54:224-230. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2018.03.007>.

- Watanabe Y, Nagai F, Morotomi M, Sakon H, Tanaka R. *Bacteroides clarus* sp. nov., *Bacteroides fluxus* sp. nov. and *Bacteroides oleiciplenus* sp. nov., isolated from human faeces. Int J Syst Evol Microbiol 2010;60(8):1864-1869. doi: 10.1099/ijs.0.015107-0.

Bartonella

Las especies del género *Bartonella* son consideradas patógenos emergentes; poseen un ciclo natural que incluye infección persistente intraeritrocitaria en un huésped que actúa como reservorio. Los vectores artrópodos transmiten la bacteria entre el reservorio y un huésped susceptible, incluyendo humanos.

De las 19 especies reconocidas oficialmente, las más comunes como patógenos humanos son: *Bartonella bacilliformis*, *Bartonella quintana* y *Bartonella henselae*.

Las especies de *Bartonella* crecen muy lentamente, requiriendo desde 7 días hasta 6 semanas de incubación.

Suelen ser identificadas mediante técnicas moleculares (genes diana: 16S ARNr, *gltA*, *rpoB*, *ribC*, *ftsZ*, *groEL*).

De acuerdo a la bibliografía, MALDI-TOF identifica correctamente las especies del género luego de incorporar a la base de datos comercial, perfiles proteicos (MSP) de cepas de referencia.

Existe un único espectro de referencia en la base de datos del equipo y corresponde a *Bartonella japonica*.

Debido a escasa experiencia se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Referencias:

- Fournier PE, Couderc C, Buffet S, Flaudrops C, Raoult D. Rapid and cost-effective identification of *Bartonella* species using mass spectrometry. J Med Microbiol 2009;58(9):1154-9. doi: 10.1099/jmm.0.009647-0.
- SITIO WEB: <http://www.bacterio.cict.fr/b/bartonella.html>

Bergeyella

Existe un solo espectro de referencia en MALDI-TOF que corresponde a *Bergeyella zoohelcum*.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Bifidobacterium

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Según datos de escasa experiencia de aislados secuenciados, *Bifidobacterium scardovii* puede ser informada a nivel de especie con valores de **score $\geq 1,7$** .

Tabla 20. Traducción para especies del género *Bifidobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>B. adolescentis</i> (incluye <i>B. angulatum</i> y <i>B. merycicum</i>)	SI	4
<i>B. animalis</i>	SI	3
<i>B. asteroides</i>	SI	2
<i>B. bifidum</i>	SI	5
<i>B. breve</i>	SI	5
<i>B. catenulatum</i>	SI	2
<i>B. dentium</i>	SI	4
<i>B. infantis</i>	NO	
<i>B. longum</i>	SI	6
<i>B. magnum</i>	SI	2
<i>B. pseudocatenulatum</i>	SI	2
<i>B. scardovii</i>	SI	3
<i>B. suis</i>	NO	

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Junick J, Blaut M. Quantification of human fecal Bifidobacterium species by use of quantitative real-time PCR analysis targeting the groEL gene. Appl Environ Microbiol 2012;78(8):2613-22. doi: 10.1128/AEM.07749-11.
- Schulthess B, Bloemberg GV, Zbinden R, Böttger EC, Hombach M. Evaluation of the Bruker MALDI Biotyper for identification of Gram-positive rods: development of a diagnostic algorithm for the clinical laboratory. J Clin Microbiol 2014;52(4): 1089-97. doi: 10.1128/JCM.02399-13.

- Shafer D, Liu H, Dong J, Liu W, Loft J, Phelps T, Zhang Y. Comparison of direct smear and chemical extraction methods for MALDI-TOF mass spectrometry identification of clinical relevant anaerobic bacteria. *Front Lab Med* 2017;1(1):27-30. <https://doi.org/10.1016/j.flm.2017.02.011>.
- Švec P, Šedo O, Teshim A, Dráb V, Zdráhal Z, Sedláček I. Identification of *Bifidobacterium* spp. isolated from children intestinal mucous tissue samples by MALDI-TOF MS and automated ribotyping. 4th Congress of European Microbiologists FEMS 2011.
- Turróni F, Duranti S, Bottacini F, Guglielmetti S, Van Sinderen D, Ventura M. *Bifidobacterium bifidum* as an example of a specialized human gut commensal. *Front Microbiol* 2014;5:437. doi: 10.3389/fmicb.2014.00437

Bordetella

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

B. bronchiseptica, *B. pertussis* y *B. parapertussis* no son correctamente diferenciadas.

Se sugieren pruebas fenotípicas adicionales (Ver Tabla 22 a continuación).

Ya que la secuenciación del gen 16S ARNr no discrimina entre *B. holmessii*, *B. bronchiseptica* y *B. pertussis*, ni entre *B. holmessii* y *B. parapertussis*, se recomienda realizar una PCR específica del gen *recA*.

También se utiliza la secuenciación del gen *ompA* para diferenciar las especies de *Bordetella* sp.

Tabla 21. Traducción para especies de *Bordetella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>B. avium</i>	SI	2
<i>B. bronchialis</i>	NO	
<i>B. bronchiseptica</i>	SI	9
<i>B. flavilis</i>	NO	
<i>B. hinzii</i>	SI	5
<i>B. homesii</i>	SI	3
<i>B. parapertussis</i>	SI	11
<i>B. pertussis</i>	SI	10
<i>B. petrii</i>	SI	7
<i>B. sputigena</i>	NO	
<i>B. trematum</i>	SI	4

Tabla 22. Pruebas fenotípicas de las especies de *Bordetella* spp.

Ensayo	<i>B. pertussis</i>	<i>B. parapertussis</i>	<i>B. bronchiseptica</i>	<i>B. avium</i>	<i>B. hinzii</i>	<i>B. holmesii</i>	<i>B. petrii</i>	<i>B. trematum</i>	<i>B. bronchialis</i>	<i>B. flabialis</i>	<i>B. sputigena</i>
Oxidasa	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+
Catalasa	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
Movilidad	-	-	+	-	+	-	-	+	+	+	+
Pigmento	-	marrón	-	-	-	marrón	amarillo	-	-	-	-
Desarrollo en Mac Conkey	nd	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Urea	-	+	+	-	-	-	-	-	nd	nd	nd

Símbolos: w, débil; nd, no determinado.

Referencias:

- Gentry-Weeks, Hultsch AL, Kelly SM, Keith JM, Curtiss R. Cloning and sequencing of a gene encoding a 21-kilodalton outer membrane protein from *Bordetella avium* and expression of the gene in *Salmonella typhimurium*. *J Bacteriol*, 1992;174 (23): 7729-42.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Njamkepo E, Bonacorsi S, Debruyne M, Gibaud SA, Guillot S, Guiso N. Significant Finding of *Bordetella holmesii* DNA in Nasopharyngeal Samples from French Patients with Suspected Pertussis. *J Clin Microbiol* 2011; 49(12):4347–4348. doi: 10.1128/JCM.01272-11.
- SITIO WEB: www.uniprot.org

Brevibacillus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Tabla 23. Traducción para especies de *Brevibacillus* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>B. agri</i>	SI	1
<i>B. borstelensis</i>	SI	2
<i>B. brevis</i>	SI	2
<i>B. centrosporus</i>	SI	1
<i>B. invocatus</i>	SI	1
<i>B. laterosporus</i>	SI	2
<i>B. massiliensis</i>	NO	
<i>B. parabrevis</i>	SI	2

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: www.bacterio.net

Brevibacterium

En general MALDI-TOF funciona correctamente con este tipo de microorganismos; pero puede no identificar según el estado del cultivo.

Debido a limitada experiencia, se recomienda informar sólo a nivel de género: *Brevibacterium* sp. con valor de **score** $\geq 1,5$, excepto en *Brevibacterium casei* que puede identificarse a nivel de especie con **score** $\geq 1,7$ (Barberis *et al.*, 2014).

Es necesaria la secuenciación parcial del 16S ARNr para una completa identificación.

Tabla 24. Traducción para especies de *Brevibacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>B. casei</i>	SI	7
<i>B. epidermidis</i>	NO	
<i>B. luteolum</i>	NO	
<i>B. masiliense</i>	NO	
<i>B. mcbrellneri</i>	NO	
<i>B. otitidis</i>	NO	
<i>B. paucivorans</i>	SI	2
<i>B. ravenspurgense</i>	SI	3
<i>B. sanguinis</i>	SI	2

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Brevundimonas

Se recomienda informar con los siguientes criterios:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,9 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Tabla 25. Traducción para especies de *Brevundimonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Comentarios
<i>B. bullata</i>	NO		Acido de Maltosa: -
<i>B. diminuta</i> (pigmento marrón)	SI	8	Esculina: - Acido de Maltosa: -
<i>B. nasdae</i>	SI	1	
<i>B. vancouveritii</i>	NO		Esculina: - Acido de Maltosa: +
<i>B. vesicularis</i> (pigmento amarillo naranja)	SI	1	Esculina: + Acido de Maltosa: +

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Estrela AB, Abraham WR. *Brevundimonas vancouveritii* sp. nov., isolated from blood of a patient with endocarditis. Int J Syst Evol Microbiol 2010;60(9):2129-2134. doi: 10.1099/ijs.0.015651-0.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Brucella

No existen patrones de referencia en la base de datos comercial por corresponder a un agente de bioterrorismo.

El servicio de Brucelosis del INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán” transferirá base de datos propia y protocolos de extracción e INACTIVACIÓN.

Burkholderia

IMPORTANTE: Cuando se logra un valor de score $\geq 2,0$ considerar además la divergencia que debe ser mayor al 10% entre la primera especie y la distinta siguiente del Top Ten.

MALDI-TOF diferencia correctamente *Burkholderia vietnamensis*, *Burkholderia seminalis* y *Burkholderia gladiolii*.

En caso de no lograrse el 10% de divergencia entre las especies del complejo, se deberá informar *Burkholderia* complejo *cepacia*, ya que las mismas son correctamente diferenciadas de microorganismos con fenotipos similares (*Ralstonia*, *Cupriavidus*, *Pandoraea* spp.)

Se sugieren pruebas fenotípicas adicionales para la identificación de las especies del género (Ver tablas 26 y 27).

Asimismo para la completa identificación a nivel de especie es necesaria la secuenciación del gen *recA*.

Tabla 26. Características de *Burkholderia* complejo *cepacia*.

Especie	Pigmento amarillo (Pig)	Pigmento marrón	β hemólisis en AS carnero	ODC	Reducción de NO ₃
<i>B. cenocepacia</i>	-	V	-	V	V
<i>B. cepacia</i>	V	-	-	V	-
<i>B. contaminans</i>	V	-	V	-	V
BCC que presentan beta hemólisis			<i>B. ambifaria</i> (Pig V) <i>B. arboris</i> (Pig V) <i>B. contaminans</i> (Pig V) <i>B. pyrrocinia</i> (Pig V) <i>B. vietnamensis</i> (Pig -)		

Tabla 27. Pruebas fenotípicas de especies de *Burkholderia* spp.

Especie	Crecimiento a 42°C	Pigmento amarillo	Beta Hemólisis	Sacarosa	Reducción de NO ₃	Esculina	Gelatina
<i>B. ambifaria</i>	V	V	V	+	V	V	+
<i>B. anthina</i>	V	-	-	V	V	-	-
<i>B. arboris</i>	V	V	V	V	V	-	+
<i>B. cenocepacia</i>	V	-	-	+	V	V	V
<i>B. cepacia</i>	V	V	-	V	-	V	V
<i>B. contaminans</i>	V	V	V	+	V	V	+
<i>B. diffusa</i>	V	-	-	V	+	-	V
<i>B. dolosa</i>	+	-	-	-	+	-	-
<i>B. gladiolii</i>	-	V		-	V	V	V
<i>B. lata</i>	-	V	-	V	V	V	V
<i>B. latens</i>	+	-	-	+	-	-	V
<i>B. metallica</i>	+	V	-	V	-	+	+
<i>B. multivorans</i>	+	-	-	-	+	-	-
<i>B. pseudomultivorans</i>	+	-	-	-	V	-	-
<i>B. pyrrocinia</i>	V	V	V	V	V	-	V
<i>B. seminalis</i>	+	V	-	V	-	V	+
<i>B. stabilis</i>	-	-	-	-	-	-	+
<i>B. ubonensis</i>	V	-	-	+	V	-	+
<i>B. vietnamiensis</i>	+	-	V	+	V	-	-

Símbolos: V, variable.

Tabla 28. Traducción para especies del género *Burkholderia* spp.

Especie	Presencia en	
	Biotyper	Biotyper + RENAEM
<i>B. ambifaria</i>	SI	SI
<i>B. anthina</i>	SI	SI
<i>B. arboris</i>	NO	SI
<i>B. cenocepacia</i>	SI	SI
<i>B. cepacia</i>	SI	SI
<i>B. contaminans</i>	NO	SI
<i>B. diffusa</i>	SI	SI
<i>B. dolosa</i>	SI	SI
<i>B. gladiolii</i>	SI	SI
<i>B. lata</i>	SI	SI
<i>B. latens</i>	SI	SI
<i>B. metallica</i>	SI	SI
<i>B. multivorans</i>	SI	SI
<i>B. pseudomultivorans</i>	NO	NO
<i>B. pyrrocinia</i>	SI	SI
<i>B. seminalis</i>	SI	SI
<i>B. stabilis</i>	SI	SI
<i>B. ubonensis</i>	NO	NO
<i>B. vietnamiensis</i>	SI	SI

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of Nonfermenting Gram-Negative Bacilli. *J Microbiol Methods*. 2015;112:24-27. doi:10.1016/j.mimet.2015.03.004.

- Coenye T, Lipuma JJ. Molecular epidemiology of *Burkholderia* species. *Front Biosci* 2003;8:e55–67.
- Coenye T, Vandamme P. Diversity and significance of *Burkholderia* species occupying diverse ecological niches. *Environ Microbiol.* 2003;5:719–29.
- Coutinho CP, Barreto C, Pereira L, Lito L, Melo Cristino J, Sá-Correia I. Incidence of *Burkholderia* contaminants at a cystic fibrosis center with an unusually high representation of *Burkholderia cepacia* during 15 years of epidemiological surveillance. *J Med Microbiol.* 2015;64:927–35.
- Fehlberg LCC, Andrade LHS, Assis DM, Pereira RH, Gales AC, Marques EA. Performance of MALDI-ToF MS for species identification of *Burkholderia cepacia* complex clinical isolates. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2013;77(2):126-128. doi:10.1016/j.diagmicrobio.2013.06.011.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Khot PD, Couturier MR, Wilson A, Croft A, Fesher MA. Optimization of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry analysis for bacterial identification. *J Clin Microbiol.* 2012;50(12):3845-3852.
- Martina P, Bettiol M, Vescina C, Montanaro P, Mannino MC, Prieto CI, et al. Genetic diversity of *Burkholderia* contaminants isolates from cystic fibrosis patients in Argentina. *J Clin Microbiol.* 2013;51:339–44.

C

Campylobacter

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Tabla 29. Traducción para especies de *Campylobacter* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>C. coli</i>	SI	4
<i>C. avium</i>	SI	1
<i>C. canadensis</i>	SI	1
<i>C. concisus</i>	SI	14
<i>C. cuniculorum</i>	NO	
<i>C. curvus</i>	SI	5
<i>C. fetus</i>	SI	8
<i>C. gracilis</i>	SI	2
<i>C. helveticus</i>	SI	4
<i>C. hominis</i>	SI	1
<i>C. hyointestinalis</i>	SI	3
<i>C. insulaenigrae</i>	NO	
<i>C. jejuni</i>	SI	11
<i>C. lanienae</i>	SI	1
<i>C. lari</i>	SI	5
<i>C. mucosalis</i>	NO	

<i>C. peloridis</i>	SI	1
<i>C. rectus</i>	SI	2
<i>C. showae</i>	SI	4
<i>C. sputorum</i>	SI	5
<i>C. subantarcticus</i>	NO	
<i>C. thioglycolate</i>	NO	
<i>C. upsaliensis</i>	SI	5
<i>C. ureolyticus</i>	SI	7
<i>C. volucris</i>	NO	

Capnocytophaga

En base a datos obtenidos basados en nuestra experiencia, se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 30. Traducción de especies de *Capnocytophaga* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>C. canimorsus</i>	SI	3
<i>C. cynodegmi</i>	SI	1
<i>C. gingivalis</i>	SI	6
<i>C. granulosa</i>	SI	2
<i>C. haemolytica</i>	SI	1
<i>C. leadbetteri</i>	NO	
<i>C. ochracea</i>	SI	5
<i>C. sputigena</i>	SI	9
<i>Capnocytophaga</i> genospecie AHN8471	NO	

Para la completa identificación a nivel de especie se utiliza la secuenciación parcial del gen 16S ARNr o *rpoB*.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Frandsen EV, Poulsen K, Könönen E, Kilian M. Diversity of *Capnocytophaga* species in children and description of *Capnocytophaga leadbetteri* sp. nov. and *Capnocytophaga* genospecies AHN8471. Int J Syst Evol Microbiol 2008;58(2):324-336. doi: 10.1099/ij.s.0.65373-0.
- Jolivet-Gougeon A, Helsen N, Renard E, Tamanai-Shacoori Z, Bonnaure-Mallet M. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for identification of human oral *Capnocytophaga* species. Anaerobe 2017;48:89-93. doi: 10.1016/j.anaerobe.2017.07.003.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Cardiobacterium

En base a datos obtenidos basados en nuestra experiencia, se recomienda informar la identificación sólo a nivel de género con valor de **score >1,5**.

Puede ocurrir la no identificación debido a la escasa representación en la BD comercial.

Tabla 31. Traducción de especies de *Cardiobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>C. hominis</i>	SI	1
<i>C. valvarum</i>	SI	1

A diferencia de *C. hominis*, *C. valvarum* crece más lentamente, es no hemolítico en agar sangre de carnero y no utiliza sacarosa, maltosa ni manitol.

Referencias:

- Bothelo E, Gouriet F, Fournier PE, Roux V, Habib G, Thuny F, Metras D, Raoult D, Casalta JP. Endocarditis caused by *Cardiobacterium valvarum*. J Clin Microbiol 2006;44(2):657-658. doi: 10.1128/JCM.44.2.657-658.2006

Cellulomonas

Se recomienda informar la identificación sólo a nivel de género con valor de **score >1,5**.

Las especies que causan enfermedad en humanos no están incluidas en la base de datos comercial, por lo que pueden arrojar bajos valores de score en MALDI-TOF.

La identificación definitiva de estas especies suele llevarse a cabo mediante biología molecular.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 32. Traducción de especies de *Cellulomonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>C. denverensis</i>	NO	
<i>C. fermentans</i>	NO	
<i>C. fimi</i>	SI	1
<i>C. flamigena</i>	SI	1
<i>C. gélida</i>	SI	1
<i>C. hominis</i>	NO	
<i>C. humilata</i>	NO	
<i>C. massiliensis</i>	NO	
<i>C. uda</i>	SI	1

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Lagier JC, Ramasamy D, Rivet R, Raoult D, Fournier PE. Non contiguous-finished genome sequence and description of *Cellulomonas massiliensis* sp. nov. Stand Genomic Sci 2012;7(2)258-270. doi: 10.4056/sigs.3316719.
- SITIO WEB: www.bacterio.net/cellulomonas.html

Cellulosimicrobium

Por ser bacilos gram positivos del grupo pigmentado, MALDI-TOF puede identificarlos a nivel de género con valor de **score > 1,5**.

Importante: Sólo existen dos espectros de referencia para todo el género y corresponden a *Cellulosimicrobium cellulans*; por lo que MALDI-TOF puede identificar otras especies erróneamente como *C. cellulans*.

La secuenciación del gen del 16S ARNr y *rpoB* no logran discriminar a nivel de especie.

Si es relevante, se recomienda agregar pruebas fenotípicas (Ver Tabla 33 a continuación).

Tabla 33. Características fenotípicas de especies de *Cellulosimicrobium* spp.

Especie	<i>C. cellulans</i>	<i>C. funkei</i>	<i>C. terreum</i>
Crecimiento a 35°C	+	+	-
Crecimiento a 42°C	+	+	-
Movilidad (fresco)	-	+	-
Acido de rafinosa	(+)	-	-
Asimilación glyc	-	+	-
Asimilación D-xyl	+	-	-
Asimilación MDG	-	+	+
Asimilación en API 50CH con medio AUX			

Símbolos: (+), positivo débil.

Referencias:

- Brown JM, Steigerwalt AG, Morey RE, Daneshvar MI, Romero LJ, McNeil MM. Characterization of clinical isolates previously identified as *Oerskovia turbata*: proposal of *Cellulosimicrobium funkei* sp. nov. and emended description of the genus *Cellulosimicrobium*. Int J Syst Evol Microbiol 2006;56(4):801-804. doi: 10.1099/ijs.0.63882-0.
- Petkar H, Li A, Bunce N, Duffy K, Malnick H, Shah JJ. *Cellulosimicrobium funkei*: First Report of Infection in a Nonimmunocompromised Patient and Useful Phenotypic Tests for Differentiation from *Cellulosimicrobium cellulans* and *Cellulosimicrobium terreum*. J Clin Microbiol 2011;49(3):1175–1178. doi: 10.1128/JCM.01103-10.
- Schumann P, Weiss N, Stackebrandt E. Reclassification of *Cellulomonas cellulans* (Stackebrandt and Keddie 1986) as *Cellulosimicrobium cellulans* gen. nov., comb. nov. Int J Syst Evol Microbiol 2001;51(3):1007-1010. doi: 10.1099/00207713-51-3-1007.

Chryseobacterium

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,9 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,6-1,89 = identificación a nivel de género

SCORE <1,6 = no identifica.

Para las especies *Chryseobacterium gleum* y *Chryseobacterium indologenes* se deberá informar como *C. gleum* / *C. indologenes*.

Si se considera clínicamente relevante, se deberá secuenciar el gen 16S ARNr y completar con el perfil bioquímico (Ver Tabla 35).

Tabla 34. Traducción para especies del género *Chryseobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Comentarios
<i>C. anthropi</i>	NO		16S ARNr puede no discriminar de <i>C. haifense</i> , pero este último no es patógeno de humanos.
<i>C. bernardetii</i>	NO		
<i>C. carnis</i>	NO		
<i>C. gleum</i>	SI	6	16S ARNr no discrimina de <i>C. indologenes</i>
<i>C. hominis</i>	SI	1	16S ARNr confirmatorio
<i>C. indologenes</i>	SI	6	16S ARNr no discrimina de <i>C. gleum</i>
<i>C. lactis</i>	NO		
<i>C. nakagawai</i>	NO		
<i>C. treverense</i>	NO		16S ARNr puede no discriminar de <i>C. solincola</i> , pero este último no es patógeno de humanos.

Tabla 35. Perfil bioquímico de las especies de *Chryseobacterium* spp.

Especie	Flexirrubina	β hemólisis	MacConkey	Desarrollo a 41°C	Acetato	Ureasa	Gelatinasa
<i>C. anthropi</i>	-	-	-	-	+	-	+
<i>C. bernardetii</i>	-	ND	+	+	ND	V	+
<i>C. carnis</i>	ND	ND	+	-	-	-	+
<i>C. gleum</i>	+	-	+	+	ND	+	+
<i>C. hominis</i>	-	-	-	-	+	-	+
<i>C. indologenes</i>	+	+	V	-	ND	-	+
<i>C. lactis</i>	+	ND	+	-	ND	-	+
<i>C. nakagawai</i>	+	ND	-	ND	-	-	+
<i>C. treverense</i>	-	-	-	-	-	-	-

Símbolos: V, variable; ND, no determinado.

Referencias:

- Holmes B, Steigerwalt AG, Nicholson AC. DNA-DNA hybridization study of strains of *Chryseobacterium*, *Elizabethkingia* and *Empedobacter* and of other usually indole-producing non-fermenters of CDC groups IIc, IIe, IIh and Ili, mostly from human clinical sources, and proposals of *Chryseobacterium bernardetii* sp. nov., *Chryseobacterium carnis* sp. nov., *Chryseobacterium lactis* sp. nov., *Chryseobacterium nakagawai* sp. nov. and *Chryseobacterium taklimakanense* comb. nov. Int J Syst Evol Microbiol 2013;63(12):4639-4662. doi: 10.1099/ijs.0.054353-0.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: www.bacterio.net

Citrobacter

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

MALDI-TOF identifica correctamente a nivel de especie *Citrobacter koseri*, pero no logra la diferenciación de *Citrobacter amalonaticus* y *Citrobacter farmeri*, pudiéndose llegar a la completa identificación mediante las siguientes pruebas fenotípicas:

Citrobacter amalonaticus: sacarosa y melibiosa negativas.

Citrobacter farmeri: sacarosa y melibiosa positivas.

Informar **Complejo *Citrobacter freundii*** que incluye las especies: *C. freundii*, *C. braakii*, *C. youngae*, *C. guillernii*, *C. rodentium*, *C. sedlackii*, *C. werkmanii* y *C. murlinae*.

Tabla 36. Traducción para especies del género *Citrobacter* spp.

Espece	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar
<i>C. amalonaticus</i>	SI	6	Diferenciar de <i>C. farmeri</i> (sacarosa y melibiosa: +)
<i>C. braakii</i>	SI	2	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. farmeri</i>	SI	5	Diferenciar de <i>C. amalonaticus</i> (sacarosa y melibiosa: -)
<i>C. freundii</i>	SI	7	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. guillernii</i>	SI	3	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. koseri</i>	SI	10	<i>C. koseri</i>
<i>C. murlinae</i>	SI	1	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. rodentium</i>	SI	4	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. sedlackii</i>	SI	8	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. werkmanii</i>	NO		Complejo <i>Citrobacter freundii</i>
<i>C. youngae</i>	SI	1	Complejo <i>Citrobacter freundii</i>

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: *www.bacterio.net*

Clostridium

El género comprende más de 200 especies anaeróbicas, ocasionalmente aerotolerantes; sin embargo el número de clostridios clínicamente relevantes en infecciones humanas es reducido.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Se debe trabajar con cultivos frescos, ya que la esporulación afecta directamente la calidad del espectro.

En valores de score más bajos, MALDI-TOF puede identificar erróneamente algunas especies. En estos casos, para mejorar la calidad del espectro obtenido, realizar la técnica de extracción en tubo con etanol/ ácido fórmico recomendada por el fabricante.

Clostridium argentinense no está representado en la base de datos comercial, por lo que MALDI-TOF puede identificarlo como *Clostridium subterminale*.

Se deberá completar la diferenciación mediante secuenciación del gen 16S ARNr.

Es importante confirmar especie para *C. septicum* (asociado a neoplasias gastrointestinales), *C. perfringens*, *C. ramosum*, *C. innocuum*, y *C. clostridioforme*, generalmente resistentes a antibióticos (Ver Tabla 37 a continuación).

Tabla 37. Características fenotípicas adicionales.

Especie	Gelatinasa	Esculina	Lecitinasa	Digestion de Leche	DNAsa	Sacarosa	Manitol	Comentarios
<i>C. clostridioforme</i>	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	Lactosa positiva y b-NAG negativa.
<i>C. innocuum</i>	-	+	-	-	ND	ND	+	<i>C. innocuum</i> es sacarolítico, no proteolítico, prolina aminopeptidasa negativa. Espora terminal difícil de encontrar, estructura interna de mosaico, inmóvil.
<i>C. perfringens</i>	+	V	+	-	ND	ND	ND	Sacarolítico, proteolítico, doble zona de beta hemólisis alrededor de las colonias, raramente esporas.
<i>C. ramosum</i>	-	+	-	-	ND	ND	+	Colonias con bordes irregulares, gram variable, espora terminal oval, inmóvil. Es sacarolítico, no proteolítico.
<i>C. septicum</i>	+	+	-	+	+	-	ND	Presenta swarming, es un bacilo filamentosos, con espora subterminal, sacarolítico, proteolítico.

Símbolos: V, variable; ND, no determinado.

Tabla 38. Traducción para especies del género *Clostridium* spp. con significancia clínica.

Especie	Presencia en Biotyper	Presencia en Biotyper + RENAEM	Nro de MSPs en BD	Informar / Comentario
<i>C. argentinense</i>	NO	SI	1	<i>C. argentinense</i>
<i>C. baratii</i>	SI	SI	2	
<i>C. bifementans</i>	SI	SI	6	

<i>C. bolteae</i>	SI	SI	1	Grupo <i>Clostridium clostridioforme</i>
<i>C. botulinum</i>	NO	SI		<i>C. botulinum</i>
<i>C. butyricum</i>	SI	SI	5	<i>C. butyricum</i>
<i>C. cadaveris</i>	SI	SI	4	
<i>C. carnis</i>	SI	SI	1	Crecimiento aeróbico
<i>C. clostridioforme</i>	SI	SI	5	Grupo <i>Clostridium clostridioforme</i>
<i>C. difficile</i>	SI	SI	10	<i>C. difficile</i>
<i>C. glycolicum</i>	SI	SI	4	
<i>C. hastiforme</i>	NO	NO		
<i>C. hathewayi</i>	SI	SI	4	Grupo <i>Clostridium clostridioforme</i>
<i>C. histolyticum</i>	SI	SI	5	Crecimiento aeróbico
<i>C. indolis</i>	SI	SI	1	
<i>C. innocuum</i>	SI	SI	5	
<i>C. limosum</i>	SI	SI	5	
<i>C. novyi</i>	SI	SI	2	
<i>C. paraputrificum</i>	SI	SI	5	<i>C. paraputrificum</i>
<i>C. perfringens</i>	SI	SI	9	<i>C. perfringens</i>
<i>C. putrificans</i>	NO	NO		
<i>C. ramosum</i>	SI	SI	8	
<i>C. septicum</i>	SI	SI	4	
<i>C. sordellii</i>	SI	SI	2	<i>C. sordellii</i>

<i>C. sphenoides</i>	SI	SI	4	
<i>C. sporogenes</i>	SI	SI	7	
<i>C. subterminale</i>	SI	SI	3	<i>Clostridium</i> sp. Confirmar con 16S ARNr.
<i>C. symbiosum</i>	SI	SI	2	
<i>C. tertium</i>	SI	SI	6	Crecimiento aeróbico
<i>C. tetani</i>	SI	SI	4	

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Zárate MS, Romano V, Nievas J, Smayevsky J. Utilidad de la espectrometría de masas MALDI-TOF en la identificación de bacterias anaerobias. Rev Argent Microbiol 2014;46(2):98-102. doi: 10.1016/S0325-7541(14)70055-0.

Comamonas

Las especies del género raramente causan enfermedad en el humano; entre ellas la más frecuente es *C. testosteroni* descrita en endocarditis, meningitis y bacteremia asociada a catéter.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,7 = no identifica

En el caso de *C. kerstersii* se acepta informar a nivel de especie con valor de **score >1,7**.

De no alcanzarse la divergencia del 10% entre las especies, se podrán utilizar la secuenciación del gen 16S ARNr y las pruebas fenotípicas diferenciales (Ver Anexo).

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of Nonfermenting Gram-Negative Bacilli. *J Microbiol Methods* 2015;112:24–27. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Almuzara M, Barberis C, Veiga F, Bakai R, Cittadini R, Vera Ocampo C, Alonso Serena M, Cohen E, Ramirez MS, Famiglietti A, Stecher D, del Castillo M, Vay C. Unusual presentations of *Comamonas kerstersii* infection. *New Microbes New Infect* 2017;19:91-95. doi: 10.1016/j.nmni.2017.07.003.
- Wauters G, De Baere T, Willems A, Falsen E, Vaneechoutte M. Description of *Comamonas aquatica* comb. nov. and *Comamonas kerstersii* sp. nov. for two subgroups of *Comamonas terrigena* and emended description of *Comamonas terrigena*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2003;53,859–862. doi 10.1099/ijs.0.02450-0.

Corynebacterium

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Las especies lipofílicas pueden arrojar scores más bajos. El agregado de 1µl de ácido fórmico puede mejorar la identificación (valores de score).

Suele no identificar *C. pyruviciproducens* a pesar de existir un MSP de referencia en la BD comercial para esta especie.

MALDI-TOF identifica correctamente *C. durum* (presenta adherencia al agar), *C. mucifaciens*, *C. kroppenstedtii* y *C. tuberculostearicum*.

La metodología recomendada para la completa identificación de la mayoría de las especies corineiformes es la secuenciación del gen *rpoB*.

Importante: *C. diphtheriae*, *C. ulcerans* y *C. pseudotuberculosis* deben ser derivados al Servicio de Bacteriología Clínica del INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán” para la búsqueda de toxinas mediante PCR.

Tabla 39. Limitaciones en la identificación para especies de *Corynebacterium* spp.

ID por MALDI-TOF	Posibles errores en la ID	Confirmación	Informar
<i>C. aurimucosum</i>	No discrimina <i>C. aurimucosum</i> / <i>C. minutissimum</i>	Fenotipia: DNAsa, Hipurato, Tirosina Secuenciación <i>rpoB</i>	Si colonia cremosa, DNAsa -, Hipu +, Tirosina -: <i>C. aurimucosum</i> (confirmar con secuenciación)
<i>C. minutissimum</i>	No discrimina <i>C. aurimucosum</i> / <i>C. minutissimum</i> / <i>C. singulare</i> / <i>C. amycolatum</i>	Fenotipia: DNAsa, Hipurato, Tirosina Secuenciación <i>rpoB</i>	Si colonia pequeña seca, DNAsa +tardía, Hip-, Tirosina +: <i>C. minutissimum</i> (confirmar con secuenciación)
<i>C. propinquum</i>	No discrimina <i>C. pseudodiphtheriticum</i> / <i>C. propinquum</i>	Urea -/+ Secuenciación <i>rpoB</i>	Si urea -, informar como <i>C. propinquum</i>
<i>C. amycolatum</i>	Puede confundir con <i>C. aurimucosum</i> o <i>C. minutissimum</i>	Fenotipia: aspecto colonia, NO ₃ , urea, tributirina Secuenciación <i>rpoB</i>	Si colonica seca, cerosa NO ₃ +, urea +, tributirina +: informar como <i>C. amycolatum</i> . Si dichas pruebas son – completar fenotipia y secuenciación.
<i>C. coyleae</i>	Puede confundir con <i>C. afermentans</i>	LAP Secuenciación <i>rpoB</i>	LAP+: informar como <i>C. coyleae</i>
<i>C. pseudodiphtheriticum</i>	No discrimina <i>C. pseudodiphtheriticum</i> / <i>C. propinquum</i>	Urea + Secuenciación <i>rpoB</i>	Si urea +, no se puede diferenciar con <i>C. propinquum</i> : informar según <i>rpoB</i>
<i>C. simulans</i>	Puede confundir con <i>C. striatum</i>	CAMP, Etilenglicol Secuenciación <i>rpoB</i>	Si CAMP-, Etilenglicol –: informar <i>C. simulans</i>
<i>C. striatum</i>	Puede confundir con <i>C. simulans</i>	CAMP, Etilenglicol Secuenciación <i>rpoB</i>	Si CAMP+, informar <i>C. striatum</i> . Si CAMP-, etilenglicol +: informar <i>C. striatum</i>

Las siguientes especies no se encuentran representadas en la base de datos comercial:

- *C. aquatimens*
- *C. atypicum*
- *C. lowii*
- *C. masiliense*
- *C. oculi*
- *C. pilbarens*
- *C. sputi*
- *C. timonense*

Especies generalmente multiresistentes:

- *C. afermentans* ss *afermentans*
- *C. amycolatum*
- *C. aurimucosum*
- *C. confusum*
- *C. coyleae*
- *C. glucuronolyticum*
- *C. jeikeium*
- *C. macginleyi*
- *C. minutissimum*
- *C. propinquum*
- *C. pseudodiphtheriticum*
- *C. resistens*
- *C. striatum*
- *C. tuberculostearicum*
- *C. urealyticum*
- *C. ureicelerivorans*

Tabla 40. Marcadores fenotípicos para diferenciación de especies con alta similitud en el gen 16S ARNr.

Especies con alta similitud 16S ARNr	Marcadores fenotípicos	Confirmación
<i>C. afermentans</i> <i>C. coyleae</i> <i>C. mucifaciens</i>	<i>C. afermentans</i> sb <i>afermentans</i> : metabolismo fermentativo, CAMP V <i>C. coyleae</i> : metabolismo oxidativo, CAMP + <i>C. mucifaciens</i> : colonias mucoides amarillas	<i>rpoB</i>
<i>C. aurimucosum</i> <i>C. minutissimum</i> <i>C. singulare</i>	<i>C. aurimucosum</i> : colonias amarillas, algunas socaban agar, algunas pigmento gris-negro <i>C. minutissimum</i> : tirosina +, Urea - <i>C. singulare</i> : tirosina +, Urea +	<i>rpoB</i>
<i>C. propinquum</i> <i>C. pseudodiphtheriticum</i>	<i>C. pseudodiphtheriticum</i> : Urea – <i>C. propinquum</i> : Urea +	<i>rpoB</i>
<i>C. sundsvallense</i> <i>C. thomssenii</i>	Fenotípicamente indistinguibles	<i>rpoB</i>
<i>C. ulcerans</i> <i>C. pseudotuberculosis</i>	Ambos CAMP reverso + <i>C. ulcerans</i> : O129 sensible <i>C. pseudotuberculosis</i> : O129 resistente Pueden tener toxina diphtherica +	<i>rpoB</i>
<i>C. xerosis</i> <i>C. hansenii</i> <i>C. freneyi</i>	<i>C. xerosis</i> : PAL +, α -glu V, desarrollo 20°C -, Ferm Glu 42C - <i>C. hansenii</i> : PAL - <i>C. freneyi</i> : PAL +, α -glu +, Desarrollo 20°C +, Ferm Glu 42C +	<i>rpoB</i> parcial no discrimina
<i>C. ureicelerivorans</i> <i>C. mucifaciens</i>	<i>C. ureicelerivorans</i> : urea Rápida, colonia lisa <i>C. mucifaciens</i> : urea -, colonia mucoide amarilla	<i>rpoB</i> parcial no discrimina

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Alatoon AA, Cazanave CJ, Cunningham SA, Ihde SM, Patel R. Identification of Non-*diphtheriae* *Corynebacterium* by Use of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. *J Clin Microbiol* 2012;50(1):160 – 163. doi: 10.1128/JCM.05889-11.
- Aravena-Roman M, Spröer C, Sträubler B, Inglis T, Yassin AF. *Corynebacterium pilbarensense* sp. nov., a non-lipophilic corynebacterium isolated from a human ankle aspirate. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010;60(7):1484-1487. doi: 10.1099/ijs.0.015966-0.
- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. *PLoS One* 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Bernard KA, Pacheco AL, Loomer C, Burdz T, Wiebe D, Huynh C, Kaplen B, Olson AB, Cnockaert M, Eguchi H, Kuwahara T, Nakayama-Imahiji H, Shiota H, Boudewijns M, Van Hoecke F, Vandamme P. *Corynebacterium lowii* sp. nov. and *Corynebacterium oculi* sp. nov., derived from human clinical disease and an emended description of *Corynebacterium mastitidis* *Int J Syst Evol Microbiol* 2016;66(8):2803-2812. doi: 10.1099/ijsem.0.001059.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Merhej V, Falsen E, Raoult D, Roux V. *Corynebacterium timonense* sp. nov. and *Corynebacterium massiliense* sp. nov., isolated from human blood and human articular hip fluid. *Int J Syst Evol Microbiol* 2009;59(8):1953-1959. doi: 10.1099/ijs.0.005827-0.
- SITIO WEB: www.bacterio.net
- Vila J, Juiz P, Salas C, Almela M, García de la Fuente C, Zboromyrska Y, Navas J, Bosch J, Agüero J, Puig de la Bellacasa J, Martínez-Martínez L. Identification of Clinically Relevant *Corynebacterium* spp., *Arcanobacterium haemolyticum*, and *Rhodococcus equi* by Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. *J Clin Microbiol* 2012; 1745-1747. doi:10.1128/JCM.05821-11.
- Yassin AF, Siering C. *Corynebacterium sputi* sp. nov., isolated from the sputum of a patient with pneumonia. *Int J Syst Evol Microbiol* 2008;58(12):2876-2879. doi: 10.1099/ijs.0.2008/000414-0.

Cupriavidus

Limitada experiencia en el género.

Fenotípicamente similar a *Ralstonia* sp. (consultar Anexo). Las especies del género que causan enfermedad en el humano han sido aisladas, en su gran mayoría, de cultivos de esputo en pacientes fibroquísticos y bacteremia asociada a catéter.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Tabla 41. Traducción para especies de *Cupriavidus* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>C. gilardii</i>	SI	2
<i>C. metallidurans</i>	SI	4
<i>C. necator</i>	SI	7
<i>C. pauculus</i>	SI	7
<i>C. respiraculi</i>	SI	2
<i>C. taiwanensis</i>	NO	

Referencias:

- D’Inzeo T, Santangelo R, Fiori B, De Angelis G, Conte V, Giaquinto A, Palucci I, Scoppettuolo G, Di Florio V, Giani T, Sanguinetti M, Rossolini GM, Spanu T. Catheter-related bacteremia by *Cupriavidus metallidurans*. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2015;81(1):9-12. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2014.09.015.
- Ford BA, Burnham CA. Optimization of Routine Identification of Clinically Relevant Gram-Negative Bacteria by Use of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry and the Bruker Biotyper. *J Clin Microbiol* 2013;51(5):1412-20. doi: 10.1128/JCM.01803-12.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: www.bacterio.net
- Vandamme P, Coenye T. Taxonomy of the genus *Cupriavidus*: a tale of lost and found. *Int J Syst Evol Microbiol* 2004;54(6):2285-2289. doi: 10.1099/ijs.0.63247-0.

D

Delftia

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Se sugiere informar: *Delftia acidovorans* sensu lato (incluye las especies *D. acidovorans* y *D. tsuruhatensis*, indistinguibles mediante 16S ARNr).

Existen 9 perfiles de referencia (MSP) en la base de datos comercial que corresponden a *Delftia acidovorans*.

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of Nonfermenting Gram-Negative Bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24–27. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.

Dermabacter

Dermabacter hominis:

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $>1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,5$ = no identifica

Tabla 42. Traducción de especies de *Dermabacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>D. hominis</i>	SI	5
<i>D. jinjuensis</i>	NO	
<i>D. vaginalis</i>	NO	

Tabla 43. Caracteres fenotípicos diferenciales para especies de *Dermabacter* spp.

Especie	FAL	α Gal	Tripsina	Glicerol
<i>D. hominis</i>	+	-	-	-
<i>D. jinjuensis</i>	+	+	ND	-
<i>D. vaginalis</i>	-	W	+	+

Símbolos: W, positivo débil; ND, no determinado.

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Bertona E, De Paulis AN, Gutiérrez MA, Santa María V, Vay CA, Predari SC. Un caso inusual de quiste sebáceo infectado por *Dermabacter hominis*. Rev Argent Microbiol 2016;48(4):303-307. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2016.09.003>.
- Chang DH, Rhee MS, Kim BC. *Dermabacter vaginalis* sp. nov., isolated from human vaginal fluid. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(4):1881-1886. doi: 10.1099/ijsem.0.000960.
- Park YK, Lee KM, Lee WK, Cho MJ, Lee HS, Cho YG, Lee YC, Lee WK, Seong WK, Hwang KJ. *Dermabacter jinjuensis* sp. nov., a novel species of the genus *Dermabacter* isolated from a clinical specimen. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(7):2573-2577. doi: 10.1099/ijsem.0.001092.

Desulfovibrio

Son microorganismos reductores de sulfatos, residentes del tracto gastrointestinal pero pueden ser hallados de manera infrecuente en especímenes clínicos; bacteremia e infecciones abdominales en pacientes inmunocomprometidos.

La baja tasa de recuperación de los integrantes de este género en muestras clínicas puede deberse a su lento desarrollo y a la necesidad de contar con herramientas moleculares para su identificación.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Las limitaciones en la identificación son debidas a la ausencia o a la escasa representación (ejemplo: *D. desulfuricans*) del perfil de proteínas del microorganismo en cuestión en la base de datos comercial.

Tabla 44. Traducción de especies de *Desulfovibrio* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>D. desulfuricans</i>	SI	1
<i>D. fairfieldensis</i>	NO	
<i>D. piger</i>	SI	4
<i>D. vulgaris</i>	NO	

Tabla 45. Diferenciación fenotípica de especies clínicas de *Desulfovibrio* spp.

Especie	Reducción de NO₃	Catalasa	Indol	Ureasa
<i>D. desulfuricans</i>	+	-	-	+
<i>D. fairfieldensis</i>	+	+	-	-
<i>D. piger</i>	-	-	-	-
<i>D. vulgaris</i>	-	-	+	-

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Manual de Microbiología Clínica de la Asociación Argentina de Microbiología. Vol I: Bacterias de importancia clínica. Parte III: Microorganismos Anaerobios. Editores: Lopardo HA, Predari SC, Vay C.

Dolosicoccus

No hay perfil de referencia en base de datos comercial.

Dolosigranulum

Existe un único perfil de referencia en la base de datos comercial, correspondiente a *Dolosigranulum pigrum*.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Se sugiere confirmar la identificación de este patógeno raro o infrecuente mediante Biología Molecular, según normas del CLSI.

Referencias:

- Lécuyer H, Audibert J, Bobigny A, Eckert C, Jannièrè-Nartey C, Buu-Hoï A, Mainardi JL, Podglajen I. *Dolosigranulum pigrum* causing nosocomial pneumonia and septicemia. J Clin Microbiol 2007;45(10):3474-5. doi: 10.1128/JCM.01373-07.

Dysgonomonas

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score $>$ 1,5**.

Tabla 46. Traducción de especies de *Dysgonomonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>D. capnocytophagoides</i>	NO	
<i>D. gadei</i>	SI	1
<i>D. hofstadii</i>	NO	
<i>D. mossii</i>	NO	

Tres especies no están representadas en la base de datos comercial, y puede identificar erróneamente *Dysgonomonas gadei* ya que existe un solo MSP.

No es posible la diferenciación fenotípica entre las especies.

Para la completa identificación se recomienda secuenciar el gen 16S ARNr.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

E

Eikenella corrodens

En base a datos obtenidos basados en nuestra experiencia (datos no publicados), se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Existen 6 perfiles de referencia en la base de datos comercial.

Referencias:

- Couturier MR, Mehinovic E, Croft AC, Fisher MA. Identification of HACEK Clinical Isolates by matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry. *J Clin Microbiol* 2011;49(3):1104–1106. doi: 10.1128/JCM.01777-10.
- Powell EA, Blecker-Shelly D, Montgomery S, Mortensen JE. Application of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry for Identification of the Fastidious Pediatric Pathogens *Aggregatibacter*, *Eikenella*, *Haemophilus*, and *Kingella*. *J Clin Microbiol* 2013;51(11):3862–3864. doi: 10.1128/JCM.02233-13.

Elizabethkingia

Se recomienda informar a nivel de género con **score >1,7**.

Elizabethkingia anophelis no está en la base de datos y puede ser identificada como *Elizabethkingia meningoseptica*. Es importante diferenciarlas mediante pruebas bioquímicas (Ver tabla 47 a continuación).

Tabla 47. Características fenotípicas de especies de *Elizabethkingia* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSP	Citrato	MConkey	Ureasa	Ácido de celobiosa	Ácido de melibiosa
<i>E. meningoseptica</i>	SI	3	V	-/v	-	-/v	+
<i>E. miricola</i>	SI	2	+	-	+	-	-
<i>E. anophelis</i>	NO		-	+	-	+	-

Símbolos: V, variable.

Referencias:

- Kämpfer P, Matthews H, Glaeser SP, Martin K, Lodders N, Faye I. *Elizabethkingia anophelis* sp. nov., isolated from the midgut of the mosquito *Anopheles gambiae*. Int J Syst Evol Microbiol 2011 Nov;61(11):2670-5. doi: 10.1099/ijms.0.026393-0.

Empedobacter brevis

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Existen 2 MSPs en la base de datos que corresponden a *Empedobacter brevis*.

Enterobacter

Este género se encuentra pendiente para su evaluación de desempeño por los LNR, por lo tanto hasta el momento se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Tabla 48. Traducción de especies de *Enterobacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>E. aerogenes</i>	SI	7
<i>E. asburiae</i> *	SI	3
<i>E. bugandensis</i>	NO	
<i>E. cancerogenus</i>	SI	1
<i>E. cloacae</i> *	SI	15
<i>E. hormaechei</i> *	SI	1
<i>E. kobei</i> *	SI	1
<i>E. ludwigii</i> *	SI	1
<i>E. massiliensis</i>	NO	
<i>E. nimipressuralis</i> *	NO	

*Informar **Complejo *Enterobacter cloacae***: incluye las especies *E. cloacae*, *E. asburiae*, *E. hormaechei*, *E. kobei*, *E. ludwigii* y *E. nimipressuralis*.

La completa identificación de las especies del género se lleva a cabo mediante secuenciación de dianas genéticas específicas: Factor de elongación Tt, F-ATPasa subunidad beta, DNA girasa *gyrB*.

Hasta la actualidad, la clasificación taxonómica del género continúa evolucionando ya que:

- *E. aerogenes* y *Pantoea agglomerans* comparten $> 99.5\%$ de identidad.
- *E. aerogenes* comparte 99.0% de identidad con el grupo *Raoultella terrigena*.

- *E. aerogenes* y *Pantoea agglomerans* comparten >99.0% de identidad con *Citrobacter freundii*.

Referencias:

- Doijad S, Imirzalioglu C, Yao Y, Pati NB, Falgenhauer L, Hain T, Foesel BU, Abt B, Overmann J, Mirambo MM, Mshana SE, Chakraborty T. *Enterobacter bugandensis* sp. nov., isolated from neonatal blood. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(2):968-974. doi: 10.1099/ijsem.0.000821.
- Lagier JC, El Karkouri K, Mishra AK, Robert C, Raoult D, Fournier PE. Non contiguous-finished genome sequence and description of *Enterobacter massiliensis* sp. nov. Stand Genomic Sci 2013; 7(3):399-412. doi: 10.4056/sigs.3396830.
- Normas MM18A del CLSI.

Enterococcus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,5 = no identifica

Tabla 49. Traducción de especies de *Enterococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>E. avium</i>	SI	8
<i>E. caccae</i>	SI	1
<i>E. casseliflavus</i>	SI	6
<i>E. cecorum</i>	SI	4
<i>E. columbae</i>	SI	1
<i>E. devriesei</i>	SI	1
<i>E. dispar</i>	SI	1
<i>E. durans</i>	SI	9
<i>E. faecalis</i>	SI	11
<i>E. faecium</i>	SI	10
<i>E. gallinarum</i>	SI	3
<i>E. gilvus</i>	SI	3
<i>E. hirae</i>	SI	8
<i>E. italicus</i>	SI	2
<i>E. malodoratus</i>	SI	2
<i>E. mundtii</i>	SI	4
<i>E. pallens</i>	SI	1
<i>E. raffinosus</i>	SI	3

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: www.bacterio.net

Erysipelothrix rhusiopathiae

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Identifica correctamente a nivel de especie, con **score $>2,0$** .

Existen 10 MSP representativos de la especie en la base de datos comercial.

Escherichia

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

MALDI-TOF identifica como *E.coli* las especies de *Shigella* spp. (ausente en la base de datos comercial). La necesidad de complementar la identificación con pruebas bioquímicas dependerá del tipo de muestra y de la epidemiología local (Ver Anexo).

Tabla 50. Traducción de especies de *Escherichia* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>E. albertii</i>	SI	1
<i>E. blattae</i>	NO	
<i>E. coli</i>	SI	14
<i>E. fergusonii</i>	SI	1
<i>E. hermannii</i>	SI	3
<i>E. vulneris</i>	SI	1

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Eubacterium

El género permanece pobremente definido, pero las especies que lo integran son comúnmente aisladas en infecciones de la cavidad oral. Desarrolla en particular cuando se emplean medios enriquecidos y tiempos de incubación prolongados.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,7 = no identifica

Las limitaciones se deben en su mayoría a la ausencia del perfil de proteínas del microorganismo en cuestión en la base de datos comercial.

Tabla 51. Traducción para especies del género *Eubacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>E. barkeri</i>	NO	
<i>E. bifforme</i>	NO	
<i>E. brachy</i>	SI	1
<i>E. budayi</i>	NO	
<i>E. callanderi</i>	SI	1
<i>E. contortum</i>	NO	
<i>E. cylindroides</i>	NO	
<i>E. dolichum</i>	NO	
<i>E. eligens</i>	NO	
<i>E. hallii</i>	NO	
<i>E. infirmum</i>	NO	
<i>E. limosum</i>	SI	5
<i>E. minutum</i>	NO	
<i>E. moniliforme</i>	NO	
<i>E. nitritogenes</i>	NO	
<i>E. nodatum</i>	NO	
<i>E. plautii</i>	NO	
<i>E. ramulus</i>	NO	
<i>E. rectale</i>	NO	
<i>E. saphenum</i>	NO	
<i>E. sulci</i>	NO	

<i>E. tardum</i>	NO	
<i>E. tenue</i>	SI	1
<i>E. timidum</i>	NO	
<i>E. ventriosum</i>	NO	
<i>E. yurii</i>	SI	3

Referencias:

- Cato EP, Holdeman LV, Moore WEC. Designation of *Eubacterium limosum* (Eggerth) Prévot as the Type Species of *Eubacterium*. Int J Syst Bacteriol 1981;31,209-210. doi: 10.1099/00207713-31-2-209.
- Cheeseman SL, Hiom SJ, Weightman AJ, Wade WG. Phylogeny of oral asaccharolytic *Eubacterium* species determined by 16S ribosomal DNA sequence comparison and proposal of *Eubacterium infirmum* sp. nov. and *Eubacterium tardum* sp. nov. Int J Syst Bacteriol 1996;46(4):957-959. doi: 10.1099/00207713-46-4-957.
- Holdeman LV, Cato EP, Burmeister JA, Moore WEC. Descriptions of *Eubacterium timidum* sp. nov., *Eubacterium brachy* sp. nov., and *Eubacterium nodatum* sp. nov. Isolated from Human Periodontitis. Int J Syst Bacteriol 1980;30(1):163-169. doi: 10.1099/00207713-30-1-163.
- Margaret BS, Krywolap GN. *Eubacterium yurii* subsp. *yurii* sp. nov. and *Eubacterium yurii* subsp. *margaretiae* subsp. nov.: Test Tube Brush Bacteria from Subgingival Dental Plaque. Int J Syst Bacteriol 1986;36,145-149. doi: 10.1099/00207713-36-2-145.
- Poco SE Jr, Nakazawa F, Sato M, Hoshino E. *Eubacterium minutum* sp. nov., isolated from human periodontal pockets. Int J Syst Bacteriol 1996;46(1):31-34. doi: 10.1099/00207713-46-1-31.
- Uematsu H, Nakazawa F, Ikeda T, Hoshino E. *Eubacterium saphenus* sp. nov., Isolated from Human Periodontal Pockets. Int J Syst Bacteriol 1993;43(2):302-304. doi: 10.1099/00207713-43-2-302.

Exiguobacterium

Por ser bacilos Gram positivos de grupo pigmentado, MALDI-TOF puede identificar a nivel de género con valor de **score > 1,5**.

La especie más frecuente es *Exiguobacterium acetylicum*.

Exiguobacterium aurantiacum ha sido aislada en sólo seis ocasiones a lo largo de 10 años por los centros de referencia.

Tabla 52. Traducción para especies del género *Exiguobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>Exiguobacterium acetylicum</i>	NO	
<i>Exiguobacterium aurantiacum</i>	SI	1
<i>Exiguobacterium</i> sp.	SI	3

Tabla 53. Pruebas fenotípicas útiles en la diferenciación de las especies de *Exiguobacterium* spp.

Especie	Oxidasa	DNAsa	Xilosa	Comentario
<i>E. acetylicum</i>	+	-	-	Pigmento amarillo-oro
<i>E. aurantiacum</i>	-	+	+	Sensible a todas las drogas

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

F

Facklamia

El género está estrechamente relacionado con *Globicatella*, pero es fenotípica y filogenéticamente distinto. Las cepas de las cuatro especies de *Facklamia* aisladas de humanos han sido recuperadas a partir de sangre, heridas, tracto genitourinario y un caso de corioamnionitis.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 54. Traducción para especies del género *Facklamia* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>F. hominis</i>	SI	3
<i>F. ignava</i>	NO	
<i>F. languida</i>	SI	1
<i>F. sourekii</i>	NO	

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.
- Collins MD, Hutson RA, Falsen E, Sjöden B. *Facklamia sourekii* sp. nov., isolated from human sources. Int J Syst Bacteriol 1999;49(2):635-638. doi: 10.1099/00207713-49-2-635.

- Collins MD, Lawson PA, Monasterio R, Falsen E, Sjöden B, Facklam RR. *Facklamia ignava* sp. nov., isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 1998;36(7):2146-2148.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Lawson PA, Collins MD, Falsen E, Sjöden B, Facklam RR. *Facklamia languida* sp. nov., Isolated from Human Clinical Specimens. J Clin Microbiol 1999;37(4):1161–1164.
- SITIO WEB: www.bacterionet.com

Finegoldia magna

Entre los cocos gram positivos anaerobios, se considera la especie más patogénica y ha sido aislada de una gran variedad de sitios de infección (piel, tejido óseo, úlceras, abscesos, infecciones prostéticas). Los múltiples hallazgos sugieren que la significación clínica de *Finegoldia magna* está subestimada.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,0 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,7 = no identifica

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Flavobacterium

Flavobacterium mizutaii está ausente en la base de datos comercial; las otras especies del género fueron renombradas a *Sphingobacterium* (*S. multivorum* y *S. spiritivorum*).

Francisella

Francisella tularensis es el agente causal de la tularemia, una enfermedad aguda y fatal en animales y humanos. La infección humana ocurre por la mordedura de un

artrópodo, contacto con un animal infectado, o por ingestión de agua o alimentos contaminados.

El género está compuesto además por otras especies poco conocidas y consideradas ambientales y/o patógenos oportunistas. Mientras que *F. noatunensis* y *F. halioticida* infectan y causan muertes en peces; *F. novicida* y *F. philomiragia* están asociadas al agua salada y solo aparecen en infecciones oportunistas infrecuentes en individuos inmunocomprometidos.

En cuanto a *F. hispaniensis*, existe un solo caso de infección humana descrito en la literatura.

Las infecciones humanas causadas por *F. philomiragia* son muy poco frecuentes; afectando pacientes con enfermedades de base. Menos de 20 casos de infección por *F. philomiragia* y menos de 10 casos por *F. novicida* han sido descritos desde la aparición de las especies en 1974.

Tularemia es causada por dos subespecies: *F. tularensis* subsp. *tularensis* (tipo A) y *F. tularensis* subsp. *holarctica* (tipo B).

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,0$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,7$ = no identifica

Hay únicamente 6 espectros de referencia en la base de datos del equipo que corresponden a *Francisella philomiragia*.

Para la caracterización completa es necesaria la técnica de MLST (genes: *ISFtu2*, *iglC*, *tul4*, *fopA*).

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Fusobacterium

Se recomienda informar a nivel de género a excepción: *F. nucleatum* y *F. naviforme* deben informarse como *F. nucleatum/naviforme*. En base a nuestra experiencia la identificación es correcta para las especies *F. necrophorum* y *F. mortiferum*.

Tabla 55. Traducción para especies del género *Fusobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>F. canifelinum</i>	SI	7
<i>F. equinum</i>	SI	1
<i>F. fastidiosum</i>	NO	
<i>F. gonidiaformans</i>	SI	6
<i>F. mortiferum</i>	SI	2
<i>F. naviforme</i>	SI	2
<i>F. necrophorum</i>	SI	13
<i>F. nucleatum</i>	SI	14
<i>F. perfoetens</i>	NO	
<i>F. periodonticum</i>	SI	1
<i>F. russii</i>	NO	
<i>F. simiae</i>	NO	
<i>F. ulcerans</i>	SI	2
<i>F. varium</i>	SI	2

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Veloo ACM, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, Kostrzewa M, Friedrich AW. Validation of MALDI-TOF MS Biolyper database optimized for anaerobic bacteria: The ENRIA project. Anaerobe 2018;54:224-230. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2018.03.007>.

G

Gardnerella vaginalis

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,5$ = no identifica

Todos los aislados de *G. vaginalis* son uniformemente sensibles a SPS (polianetolsulfonato de sodio) (halo $>10\text{mm}$). Se sugiere realizar esta prueba confirmatoria.

Referencias:

- Benagli C, Rossi V, Dolina M, Tonolla M, Petrini O. Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry for the Identification of Clinically Relevant Bacteria. PLoS One 2011;6(1):e16424. doi: 10.1371/journal.pone.0016424.
- Barberis C. Tesis doctoral: Identificación e impacto clínico de Bacilos Gram positivos aerobios no esporulados oportunistas. 2013 Cátedra de Microbiología Clínica. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires.
- Greenwood JR, Pickett MJ. Transfer of *Haemophilus vaginalis* Gardner and Dukes to a new genus, *Gardnerella*: *G. vaginalis* (Gardner and Dukes) comb. nov. Int J Syst Evol Microbiol 1980;30,170-178. doi: 10.1099/00207713-30-1-170.

Gemella

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $>1,70$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,50$ = no identifica

Tabla 56. Traducción para especies del género *Gemella* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>G. asaccharolytica</i>	NO	
<i>G. bergeri</i>	SI	1
<i>G. haemolysans</i>	SI	7
<i>G. morbillorum</i>	SI	5
<i>G. parahaemolysans</i>	NO	
<i>G. sanguinis</i>	SI	8
<i>G. taiwanensis</i>	NO	

Tabla 57. Pruebas bioquímicas para la diferenciación de especies de *Gemella* spp.

Especie	PYR	Hipurato	FAL	Acido de Maltosa	Acido de Manitol	Acido de Sorbitol
<i>G. asaccharolytica</i>	-	+	-	-	-	-
<i>G. bergeri</i>	+	-	-	-	+	-
<i>G. haemolysans</i>	+	-	+	+	-	-
<i>G. morbillorum</i>	+	-	-	+	+	+
<i>G. parahaemolysans</i>	+	-	+	+	-	-
<i>G. sanguinis</i>	+	-	+	+	+	+
<i>G. taiwanensis</i>	+	-	+	+	+	+

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry

(MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

- Berger U. *Neisseria haemolysans* (Thjøtta and Bøe 1938). Untersuchungen zur Stellung im System. Zeitschrift für Hygiene und Infektionskrankheiten Medizinische Mikrobiologie, Immunologie und Virologie 1960;146, 253-259.
- Collins MD, Hutson RA, Falsen E, Sjöden B, Facklam RR. Description of *Gemella sanguinis* sp. nov., isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 1998;36(10):3090-3093.
- Collins MD, Hutson RA, Falsen E, Sjöden B, Facklam RR. *Gemella bergeriae* sp. nov., isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 1998;36(5):1290-1293.
- Hung WC, Chen HJ, Tsai JC, Tseng SP, Lee TF, Hsueh PR, Shieh WY, Teng LJ. *Gemella parahaemolysans* sp. nov. and *Gemella taiwanensis* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2014;64(6):2060-2065. doi: 10.1099/ijms.0.052795-0.
- Kilpper-Bälz R, Schleifer KH. Transfer of *Streptococcus morbillorum* to the Genus *Gemella* as *Gemella morbillorum* comb. nov. Int J Syst Bacteriol 1988;38(4):442-443. doi: 10.1099/00207713-38-4-442.
- Thjøtta T, Bøe J. *Neisseria hemolysans*. A hemolytic species of *Neisseria trevisan*. Acta pathologica et Microbiologica Scandinavica 1938;37,527-531.
- Ulger-Toprak N, Summanen PH, Liu C, Rowlinson MC, Finegold SM. *Gemella asaccharolytica* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2010;60(5):1023-1026. doi: 10.1099/ijms.0.001966-0.

Globicatella

Globicatella sanguinis ha sido aislado de especímenes clínicos, implicado en casos de bacteremia, infecciones urinarias y meningitis. La segunda especie del género, *Globicatella sulfidifaciens*, se ha recuperado en infecciones purulentas en animales domésticos.

Existen tres perfiles de referencia (MSP) para *Globicatella sanguinis* en la base de datos y 1 MSP para *Globicatella sulfidifaciens*.

Ambas especies se pueden diferenciar mediante pruebas bioquímicas (Ver Tabla 58 a continuación).

Tabla 58. Características fenotípicas de especies del género *Globicatella* spp.

Especie	PYR	β Gal	β Gur	Manitol	Ribosa
<i>G. sulfidifaciens</i>	-	-	+	-	-
<i>G. sanguinis</i>	+	+	-	+	+

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.
- Vandamme P, Homme J, Snauwaert C, Hoste B, Cleenwerck I, Lefebvre K, Vancanneyt M, Swings J, Devriese LA, Haesebrouc F. *Globicatella sulfidifaciens* sp. nov., isolated from purulent infections in domestic animals. Int J Syst Evol Microbiol 2001 Sep;51(5):1745-9. doi: 10.1099/00207713-51-5-1745.

Gordonia

MALDI-TOF identifica correctamente a nivel de género. Se recomienda informar *Gordonia* sp. con valor de **score >1,5**.

MALDI-TOF puede arrojar como *Gordonia rubripertincta* otras especies, ejemplo: *Gordonia otitidis* /*sputi* /*aichinensis* /*jacobea*, que tampoco se pueden discriminar con secuenciación del gen 16S ARNr.

Las fallas en la identificación suelen deberse a la ausencia o escasa representación del perfil de proteínas en la base de datos, lo que hace necesaria la ampliación de la BD comercial.

Se recomienda confirmar la identificación a nivel de especie mediante Biología Molecular (genes *hsp65*, *gyrB*, *secA*).

Tabla 59. Traducción de especies de *Gordonia* spp. aisladas de materiales clínicos.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>G. aichiensis</i>	SI	1
<i>G. araii</i>	NO	
<i>G. bronchialis</i>	SI	2
<i>G. effusa</i>	NO	
<i>G. hongkongensis</i>	NO	
<i>G. iterans</i>	NO	
<i>G. otitidis</i>	NO	
<i>G. polyisoprenivorans</i>	NO	
<i>G. rubripertincta</i>	SI	11
<i>G. sputi</i>	SI	5
<i>G. terrae</i>	SI	2

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Kang YQ, Ming H, Gonoï T, Chen Y, Cao Y, Wang YY, Cheng J, Koga T, Mikami Y, Li WJ. *Gordonia iterans* sp. nov., isolated from a patient with pneumonia. Int J Syst Evol Microbiol 2014;64(10):3520-3525. doi: 10.1099/ijms.0.063438-0.
- SITIO WEB: www.bacterio.net
- Tsang CC, Xiong L, Poon RW, Chen JH, Leung KW, Lam JY, Wu AK, Chan JF, Lau SK, Woo PC. *Gordonia hongkongensis* sp. nov., isolated from blood culture and peritoneal dialysis effluent of patients in Hong Kong. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(10):3942-3950. doi: 10.1099/ijsem.0.001292.
- Verroken A, Janssens M, Berhin C, Bogaerts P, Huang TD, Wauters G, Glupczynski Y. Evaluation of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry for Identification of *Nocardia* Species. J Clin Microbiol 2010;48(11):4015-21. doi: 10.1128/JCM.01234-10.

Granulicatella

Los organismos del género *Abiotrophia* y *Granulicatella* son conocidos como variantes nutricionales de *Streptococcus* (VNS).

La prueba del satelitismo es fundamental para la identificación de ambos géneros.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 60. Traducción para especies del género *Granulicatella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>G. adiacens</i>	SI	6
<i>G. balaenopterae</i>	SI	1
<i>G. elegans</i>	SI	1

Tabla 61. Características fenotípicas de especies del género *Granulicatella* spp.

Especie	βGur	ADH	Hipurato	Acido de Sacarosa	Acido de Trehalosa
<i>G. adiacens</i>	+	-	-	+	-
<i>G. balaenopterae</i>	-	+	-	-	+
<i>G. elegans</i>	-	+	V	+	-

Símbolos: V, variable.

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

- Collins MD, Lawson PA. The genus *Abiotrophia* (Kawamura et al.) is not monophyletic: proposal of *Granulicatella* gen. nov., *Granulicatella adiacens* comb. nov., *Granulicatella elegans* comb. nov. And *Granulicatella balaenopterae* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2000;50(1):365-9. doi: 10.1099/00207713-50-1-365.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

H

Haemophilus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 62. Traducción para especies de *Haemophilus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>H. aegyptius</i>	NO	
<i>H. ducreyi</i>	SI	1
<i>H. haemolyticus</i>	SI	21
<i>H. influenzae</i>	SI	27
<i>H. parahaemolyticus</i>	SI	7
<i>H. parainfluenzae</i>	SI	11
<i>H. paraphrohaemolyticus</i>	SI	1
<i>H. pittmaniae</i>	SI	2
<i>H. sputorum</i>	SI	2

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Referencias:

- CLSI. *Methods for the Identification of Cultured Microorganisms Using Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry*. 1st ed. CLSI guideline M58. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2017.

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Hafnia

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Existen 7 MSP para *Hafnia alvei* y ninguno para *Hafnia paralvei* en la BD comercial.

Ambas especies se pueden aislar con frecuencia a partir de muestras clínicas, ya que producen una toxina citolítica Vero, aunque las cepas de *H. alvei* tienen más probabilidades de ser toxigénicas que *H. paralvei*.

Los aislamientos de *Hafnia* pueden ser inequívocamente asignados a la especie correcta (*H. alvei* o *H. paralvei*) en base a las pruebas bioquímicas que se detallan a continuación.

Tabla 63. Identificación de especies de *Hafnia* spp.

Especie	Utilización de Malonato	Citrato
<i>H. alvei</i>	+	-
<i>H. paralvei</i>	-	V

Símbolos: V, variable.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Helcococcus

Helcococcus kunzii puede ser aislado de piel y de infecciones de hueso sobre todo de las extremidades inferiores, como el pie. Su significancia clínica es difícil de interpretar ya que suele ser un agente colonizante.

La habilidad de *Helcococcus kunzii* de convertirse en un patógeno oportunista es sugerida cuando se recupera como único organismo o predominante en infecciones mamarias, quistes sebáceos, infecciones protésicas, bacteremia y empiema.

Helcococcus sueciensis y *Helcococcus pyogenes* han sido aislados únicamente de una infección de hueso y protésica, respectivamente.

Helcococcus seattlensis ha sido recuperado de un paciente con urosepsis.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Pueden aumentar los valores de score cuando se realiza el método del ácido fórmico y la técnica de extracción proteica.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 64. Traducción para especies de *Helcococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>H. kunzii</i>	SI	5
<i>H. pyogenes</i>	NO	
<i>H. seattlensis</i>	NO	
<i>H. sueciensis</i>	SI	1

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Rojas Velázquez V, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to *the Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016; 10:202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.
- Chow SK, Clarridge JE 3rd. Identification and Clinical Significance of *Helcococcus* species, with Description of *Helcococcus seattlensis* sp. nov. from a Patient with Urosepsis. J Clin Microbiol 2014;52(3):854-8. doi: 10.1128/JCM.03076-13.

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Panackal AA, Houze YB, Prentice J, Leopold SS, Cookson BT, Liles WC, Limaye AP. Prosthetic Joint Infection Due to "*Helicobacter pylori*". J Clin Microbiol 2004;42(6):2872–2874. doi: 10.1128/JCM.42.6.2872-2874.2004.

Helicobacter

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score ≥1,7**.

Es necesaria la ampliación de la Base de datos comercial para la completa identificación a nivel de especie; también se puede llevar a cabo la secuenciación del gen específico *hsp60*.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Existen numerosos estudios con MALDI-TOF donde se logra la diferenciación de *Helicobacter* y *Campylobacter*, y la subtipificación de especies animales y humanas de *Helicobacter* en base al análisis de picos biomarcadores (Ver Referencias).

Tabla 65. Traducción para especies de *Helicobacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>H. acinonychis</i>	NO	
<i>H. anseris</i>	NO	
<i>H. aurati</i>	NO	
<i>H. baculiformis</i>	NO	
<i>H. bilis</i>	NO	
<i>H. bizzozeronii</i>	NO	
<i>H. bovis</i>	NO	
<i>H. brantae</i>	NO	
<i>H. canadensis</i>	SI	1

<i>H. canis</i>	SI	2
<i>H. cetorum</i>	NO	
<i>H. cholecystus</i>	SI	1
<i>H. cinaedi</i>	SI	2
<i>H. cynogastricus</i>	NO	
<i>H. equorum</i>	NO	
<i>H. felis</i>	NO	
<i>H. fennelliae</i>	SI	1
<i>H. ganmani</i>	NO	
<i>H. heilmannii</i>	NO	
<i>H. hepaticus</i>	NO	
<i>H. marmotae</i>	NO	
<i>H. mastomyrinus</i>	NO	
<i>H. mesocricetorum</i>	NO	
<i>H. muridarum</i>	NO	
<i>H. mustelae</i>	SI	1
<i>H. pametensis</i>	NO	
<i>H. pullorum</i>	SI	9
<i>H. pylori</i>	SI	7
<i>H. rodentium</i>	NO	
<i>H. salomonis</i>	NO	
<i>H. suis</i>	NO	

<i>H. trogontum</i>	NO	
<i>H. typhlonius</i>	NO	
<i>H. winghamensis</i>	NO	

Referencias:

- Bessède E, Bénéjat L, Sifré E, Chapelle M, Mogabure P, Mégraud F. MALDI-TOF mass spectrometry applied to *H. pylori* diagnosis and typing. CNR Campylobacters et Hélicobacters, Hôpital Pellegrin et Université de Bordeaux, France.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Taniguchi T, Sekiya A, Higa M, Saeki Y, Umeki K, Okayama A, Hayashi T, Misawa N. Rapid Identification and Subtyping of Helicobacter cinaedi Strains by Intact-Cell Mass Spectrometry Profiling with the Use of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. J Clin Microbiol 2014;52(1):95-102. doi: 10.1128/JCM.01798-13.
- Winkler MA, Uher J, Cepa S. Direct Analysis and Identification of Helicobacter and Campylobacter Species by MALDI-TOF Mass Spectrometry. Anal Chem 1999;71(16):3416–3419.

Histophilus somni

Existen 2 perfiles de referencia o MSP en la base de datos comercial.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,70 = no identifica

I

Ignavigranum ruoffiae

No existe perfil de referencia para dicho microorganismo en la BD comercial.

Inquilinus limosus

Existen 3 MSP en la base de datos que corresponden a *Inquilinus limosus*.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Por presentar un fenotipo mucoso puede arrojar valores bajos de score y requerir el agregado de una gota de ácido fórmico sobre la muestra. De no lograr el resultado esperado, se puede intentar el paso de extracción recomendado por el fabricante.

J

Jeotgalicoccus halotolerans

Existe un único MSP o perfil de referencia en la BD comercial.

Se recomienda informar *Jeotgalicoccus halotolerans* con valor de **score >1,7**.

K

Kerstersia

Existen 2 perfiles de referencia para *Kerstersia gyiorum*, y ninguno para *Kerstersia similis*. Ambas especies son fenotípicamente indistinguibles, por lo que se recomienda realizar la secuenciación del gen *gyrB* para su diferenciación.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,70-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. *J Microbiol Methods* 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Coenye T, Vancanneyt M, Cnockaert MC, Falsen E, Swings J, Vandamme P. *Kerstersia gyiorum* gen. nov., sp. nov., a novel *Alcaligenes faecalis*-like organism isolated from human clinical samples, and reclassification of *Alcaligenes denitrificans* Ruger and Tan 1983 as *Achromobacter denitrificans* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2003;53(6):1825–1831. doi: 10.1099/ijs.0.02609-0.
- Vandamme P, De Brandt E, Houf K, De Baere T. *Kerstersia similis* sp. nov., isolated from human clinical samples. *Int J Syst Evol Microbiol* 2012;62(9):2156-9. doi: 10.1099/ijs.0.037887-0.

Kingella

En base a datos obtenidos basados en nuestra experiencia (datos no publicados), se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $>1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69= identificación a nivel de género

SCORE $<1,5$ = no identifica

Tabla 66. Traducción para especies de *Kingella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>K. denitrificans</i>	SI	8
<i>K. kingae</i>	SI	10
<i>K. oralis</i>	SI	2
<i>K. potus</i>	SI	1

Klebsiella

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Se recomienda informar Complejo *K. pneumoniae* / *K. oxytoca*.

MALDI-TOF no logra discriminar *Klebsiella oxytoca* de *Raoultella ornithinolytica*, debido a la gran similitud que presentan ambos espectros. Se recomienda completar con el perfil bioquímico (ver Anexo) y/o confirmar la identificación mediante secuenciación del gen *rpoB*.

También se utilizan los genes *phoE* y *scrA* (regulón de sacarosa) para separar *Klebsiella granulomatis* (*phoE* positivo y *scrA* negativo) de las otras especies de *Klebsiella* (*phoE* y *scrA* positivos).

Tabla 67. Traducción para especies de *Klebsiella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>K. granulomatis</i>	NO	
<i>K. michiganensis</i>	NO	
<i>K. oxytoca</i>	SI	8
<i>K. ozaenae</i>	NO	
<i>K. pneumoniae</i>	SI	11
<i>K. quasipneumoniae</i>	NO	
<i>K. rhinoscleromatis</i>	NO	
<i>K. singaporensis</i>	NO	
<i>K. varicola</i>	SI	12

Referencias:

- Brisse S, Passet V, Grimont PA. Description of *Klebsiella quasipneumoniae* sp. nov., isolated from human infections, with two subspecies, *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *quasipneumoniae* subsp. nov. and *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* subsp. nov., and demonstration that *Klebsiella singaporensis* is a junior heterotypic synonym of *Klebsiella variicola*. Int J Syst Evol Microbiol 2014;64(9):3146-3152. doi: 10.1099/ijs.0.062737-0.
- Carter JS, Bowden FJ, Bastian I, Myers GM, Sriprakash KS, Kemp DJ. Phylogenetic evidence for reclassification of *Calymmatobacterium granulomatis* as *Klebsiella granulomatis* comb. nov. Int J Syst Bacteriol 1999;49(4):1695-1700. doi: 10.1099/00207713-49-4-1695.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Saha R, Farrance CE, Verghese B, Hong S, Donofrio RS. *Klebsiella michiganensis* sp. nov., a new bacterium isolated from a tooth brush holder. Curr Microbiol 2013;66(1):72-78. doi: 10.1007/s00284-012-0245-x.

Kocuria

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Puede no discriminar *K. rosea* de *K. polaris*, aunque ésta última no ha sido aislada de humanos. De todas formas, se puede completar la identificación a nivel de especie mediante la secuenciación del gen *rpoB*.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas adicionales.

Tabla 68. Traducción para especies de *Kocuria* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>K. carniphila</i>	SI	1
<i>K. kristinae</i>	SI	9
<i>K. rhizophila</i>	SI	6
<i>K. rosea</i>	SI	5
<i>K. varians</i>	SI	1

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Reddy GS, Prakash JS, Prabakar V, Matsumoto GI, Stackebrandt E, Shivaji S. *Kocuria polaris* sp. nov., an orange-pigmented psychrophilic bacterium isolated from an Antarctic cyanobacterial mat sample. Int J Syst Evol Microbiol 2003;53(1):183-187. doi: 10.1099/ijms.0.02336-0.

Kytococcus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 69. Traducción para especies de *Kytococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>K. aerolatus</i>	NO	
<i>K. schroeteri</i>	SI	1
<i>K. sedentarius</i>	SI	5

Referencias:

- Becker K, Schumann P, Wüllenweber J, Schulte M, Weil HP, Stackebrandt E, Peters G, von Eiff C. *Kytococcus schroeteri* sp. nov., a novel Gram-positive actinobacterium isolated from a human clinical source. *Int J Syst Evol Microbiol* 2002;52(5):1609-1614. doi: 10.1099/00207713-52-5-1609.
- Stackebrandt E, Koch C, Gvozdiak O, Schumann P. Taxonomic dissection of the genus *Micrococcus*: *Kocuria* gen. nov., *Nesterenkonia* gen. nov., *Kytococcus* gen. nov., *Dermacoccus* gen. nov., and *Micrococcus* Cohn 1872 gen. emend. *Int J Syst Bacteriol* 1995;45(4):682-692. doi: 10.1099/00207713-45-4-682.

L

Lactobacillus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Aclaración: La sugerencia está basada en un número reducido de aislados.

Lactobacillus rhamnosus/Lactobacillus casei/Lactobacillus paracasei, y otros: para la completa diferenciación, se recomienda secuenciación de genes *pheS* y *rpoA*.

Tabla 70. Traducción para especies de *Lactobacillus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>L. acidifarinae</i>	SI	1
<i>L. acidipiscis</i>	SI	2
<i>L. acidophilus</i>	SI	3
<i>L. agilis</i>	SI	3
<i>L. algidus</i>	SI	1
<i>L. alimentarius</i>	SI	2
<i>L. amylophilus</i>	SI	1
<i>L. amylophilus</i>	SI	1
<i>L. amylophilus</i>	SI	1
<i>L. amylophilus</i>	SI	1
<i>L. amylovorus</i>	SI	4
<i>L. antri</i>	SI	2
<i>L. aodemi</i>	SI	1
<i>L. aviarius</i>	SI	2

<i>L. backii</i>	SI	2
<i>L. bifermentans</i>	SI	1
<i>L. brevis</i>	SI	6
<i>L. buchneri</i>	SI	1
<i>L. casei</i>	SI	1
<i>L. coleohominis</i>	SI	1
<i>L. collinoides</i>	SI	2
<i>L. concavus</i>	SI	1
<i>L. confusus</i>	NO	
<i>L. coryniformis</i>	SI	4
<i>L. crispatus</i>	SI	3
<i>L. curvatus</i>	SI	5
<i>L. delbrueckii</i>	SI	8
<i>L. diolivorans</i>	SI	1
<i>L. equi</i>	SI	1
<i>L. farciminis</i>	SI	1
<i>L. fermentum</i>	SI	9
<i>L. fornicalis</i>	NO	
<i>L. fructivorans</i>	SI	3
<i>L. frumenti</i>	SI	1
<i>L. fuchuensis</i>	SI	3
<i>L. gallinarum</i>	SI	1
<i>L. gasseri</i>	SI	9
<i>L. gastricus</i>	SI	2
<i>L. graminis</i>	SI	1

<i>L. hammesii</i>	SI	2
<i>L. hamsteri</i>	SI	1
<i>L. harbinensis</i>	SI	2
<i>L. helveticus</i>	SI	1
<i>L. hilgardii</i>	SI	2
<i>L. hominis</i>	NO	
<i>L. homochiochii</i>	SI	2
<i>L. iners</i>	SI	1
<i>L. ingluviei</i>	SI	2
<i>L. intestinalis</i>	SI	1
<i>L. jensenii</i>	SI	3
<i>L. johnsonii</i>	SI	2
<i>L. kalixensis</i>	SI	2
<i>L. kefiri</i>	SI	3
<i>L. lactis</i>	SI	14
<i>L. paracasei</i>	SI	15
<i>L. paraplantarum</i>	SI	2
<i>L. pentosus</i>	SI	3
<i>L. perolens</i>	SI	2
<i>L. piscium</i>	SI	1
<i>L. plantarum</i>	SI	9
<i>L. raffinolactis</i>	SI	2
<i>L. rhamnosus</i>	SI	13
<i>L. salivarius</i>	SI	3
<i>L. uli</i>	NO	

<i>L. ultunensis</i>	SI	2
<i>L. vitulinus</i>	NO	

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Dicks LM, Silvester M, Lawson PA, Collins MD. *Lactobacillus fornicalis* sp. nov., isolated from the posterior fornix of the human vagina. Int J Syst Evol Microbiol 2000;50(3):1253-1258. doi: 10.1099/00207713-50-3-1253.
- Naser SM, Dawyndt P, Hoste B, Gevers D, Vandemeulebroecke K, Cleenwerck I, Vancanneyt M, Swings J. Identification of lactobacilli by pheS and rpoA gene sequence analyses. Int J Syst Evol Microbiol 2007;57(12):2777-89. doi: 10.1099/ijs.0.64711-0.
- Nikolaitchouk N, Wachter C, Falsen E, Andersch B, Collins MD, Lawson A. *Lactobacillus coleohominis* sp. nov., isolated from human sources. Int J Syst Evol Microbiol 2001;51(6):2081-2085. doi: 10.1099/00207713-51-6-2081.
- Roos S, Engstrand L, Jonsson H. *Lactobacillus gastricus* sp. nov., *Lactobacillus antri* sp. nov., *Lactobacillus kalixensis* sp. nov. and *Lactobacillus ultunensis* sp. nov., isolated from human stomach mucosa. Int J Syst Evol Microbiol 2005;55(1):77-82. doi: 10.1099/ijs.0.63083-0.

Lactococcus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 71. Traducción para especies de *Lactococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>L. garviae</i>	SI	3
<i>L. lactis</i>	SI	14

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Rojas Velázquez V, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to *the Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016; 10:202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

Legionella

En base a limitada experiencia de los LNR en el género, únicamente estamos en condiciones de afirmar que MALDI-TOF identifica correctamente las especies *Legionella pneumophila* y *Legionella micdadei*, con valores de **score >2**.

MALDI-TOF cuenta con una extensa base de espectros de las especies del género lo que lo convierte en una potencial herramienta para la identificación a nivel del cultivo.

Leuconostoc

Género vancomicina resistente al igual que *Pediococcus*, pero *Leuconostoc* sp. produce gas y es siempre ADH negativa (ver Anexo).

Puede ser aislado de sangre, LCR, líquido peritoneal y heridas, como agente causal de osteomielitis, absceso cerebral, endoftalmitis y bacteriemia.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 72. Traducción para especies de *Leuconostoc* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>L. carnosum</i>	SI	1
<i>L. citreum</i>	SI	5
<i>L. gelidum</i>	SI	5
<i>L. holzapfelii</i>	SI	1
<i>L. inhae</i>	SI	1
<i>L. mesenteroides</i>	SI	6
<i>L. palmae</i>	SI	1
<i>L. pseudomesenteroides</i>	SI	2

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Rojas Velázquez V, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to *the Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016; 10:202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

Listeria

MALDI-TOF identifica correctamente a nivel de género, pero no discrimina a nivel de especie (generalmente entre *L. monocytogenes* y *L. innocua*) aún con valores de score >2,0. El fabricante recomienda la extracción etanólica para la identificación correcta a nivel de especie; sin embargo, es conveniente la confirmación de la especie con pruebas fenotípicas (ver Tabla 74 a continuación).

Tabla 73. Traducción para especies de *Listeria* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>L. fleischmannii</i>	NO	
<i>L. grayi</i>	SI	2
<i>L. innocua</i>	SI	1
<i>L. ivanovii</i>	SI	2
<i>L. monocytogenes</i>	SI	5
<i>L. seeligeri</i>	SI	1
<i>L. whelsimeri</i>	SI	1

Tabla 74. Pruebas fenotípicas para diferenciar especies de *Listeria* spp.

Ensayo	<i>L. grayi</i>	<i>L. innocua</i>	<i>L. ivanovii</i> ss <i>ivanovii</i>	<i>L. ivanovii</i> ss <i>lodonensis</i>	<i>L. marthii</i>	<i>L. monocytogenes</i>	<i>L. seeligeri</i>	<i>L. welshimeri</i>
β Hemólisis	-	-	++	++	-	+	+	-
CAMP <i>S. aureus</i>	-	-	-	-	ND	+	+	-
CAMP <i>R. equi</i>	-	-	+	+	ND	V	-	-
Hipurato	-	+	+	+	ND	+	ND	ND
Reducción de NO ₃	V	-	-	-	-	-	ND	ND
Acido de manitol	+	-	-	-	-	-	-	-
Acido de rhamnosa	V	V	-	-	-	+	-	V
Acido de xilosa	-	-	+	+	-	-	+	+
Acido de ribosa	V	-	+	-	ND	-	-	-

Símbolos: V, variable; ND, no determinado.

M

Microbacterium

En la actualidad, se han descrito más de 80 especies dentro del género, pero sólo una minoría presenta importancia clínica.

En la coloración de Gram se observan como cocobacilos cortos o finos no ramificados. La actividad de catalasa y la motilidad son variables, y pueden ser fermentadores o presentar metabolismo oxidativo.

Las patologías asociadas más frecuentes son bacteremia e infecciones de hueso.

La identificación al nivel de especie resulta imposible mediante el análisis fenotípico, por lo que se requieren métodos moleculares (16S ARNr).

Los aislamientos clínicos corresponden generalmente a *M. oxydans*, *M. paraoxydans* y *M. foliorum*.

Por ser bacilos Gram positivos grupo pigmentado puede identificar a nivel de género con valor de **score >1,5**.

En los BGP (especialmente el grupo de bacilos pigmentados) la No Identificación a nivel de especie no tiene mayor impacto. La importancia de la identificación radica en la ID de género.

El agregado de 1ul de ácido fórmico mejora la identificación (valores de score).

En base a la experiencia basada en escasos aislados, se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 75. Traducción para especies de *Microbacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>M. foliorum</i>	SI	1
<i>M. resistens</i>	SI	1
<i>M. oxydans</i>	SI	1
<i>M. paraoxydans</i>	SI	1

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Micrococcus

El género fue redefinido manteniendo únicamente las especies *M. luteus* y *M. lylae*.

El hábitat principal de los *Micrococcus* y *Dermaococcus* es la piel de humanos y animales, y pueden actuar como patógenos oportunistas causando endocarditis, neumonía y sepsis en pacientes inmunocomprometidos.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 76. Traducción de especies de *Micrococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>M. flavus</i>	SI	1
<i>M. luteus</i>	SI	12
<i>M. lylae</i>	NO	
<i>M. terreus</i>	SI	1

Para diferenciación de especies de *Micrococcus* y *Dermaococcus* aisladas de muestras clínicas, ver Anexo.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Moraxella

El género comprende alrededor de 20 especies, algunas de las cuales forman parte del microbioma del tracto respiratorio superior y otras son especies animales.

Se observan como cocos o cocobacilos que se disponen en pares o cadenas cortas y tienden a resistir la decoloración. Todas las especies son asacarolíticas y oxidasa positiva fuerte. *M. catarrhalis* y *M. canis* también dan la reacción de catalasa y DNAsa, y la mayoría de los aislamientos reducen nitratos a nitritos.

Existen pruebas fenotípicas que permiten diferenciar las especies clínicamente importantes del género (Ver Anexo).

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 77. Traducción para especies de *Moraxella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>M. atlantae</i>	SI	1
<i>M. boevrei</i>	SI	2
<i>M. bovis</i>	SI	3
<i>M. bovoculi</i>	SI	1
<i>M. canis</i>	SI	2
<i>M. caprae</i>	SI	1
<i>M. catarrhalis</i>	SI	10
<i>M. caviae</i>	NO	
<i>M. cuniculi</i>	NO	
<i>M. equi</i>	SI	1
<i>M. lacunata</i>	SI	1
<i>M. lincolnii</i>	SI	2
<i>M. nonliquefaciens</i>	SI	6
<i>M. oblonga</i>	SI	1
<i>M. osloensis</i>	SI	9
<i>M. ovis</i>	SI	1
<i>M. phenylpyruvica</i>	NO	
<i>M. pluranimalium</i>	SI	1

Los métodos moleculares incluyen la secuenciación de genes específicos tales como, 16S ARNr, 16S – 23S, *rpoB*, *gyrB*, *recA*.

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

- Robbins K, Dickey AM, Clawson ML, Loy JD. Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry identification of *Moraxella bovoculi* and *Moraxella bovis* isolates from cattle. *J Vet Diagn Invest* 2018;30(5):739-742. doi: 10.1177/1040638718789725.
- Schaller A, Troller R, Molina D, Gallati S, Aebi C, Stutzmann Meier P. Rapid typing of *Moraxella catarrhalis* subpopulations based on outer membrane proteins using mass spectrometry. *Proteomics* 2006;6(1):172–180. doi: 10.1002/pmic.200500086.

Morganella

Debido a limitada experiencia en el género, se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,70 = no identifica

Tabla 78. Traducción para especies de *Morganella* sp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>Morganella morganii</i>	SI	16

Mycoplasma hominis

No existen perfiles de referencia para esta especie en la base de datos comercial.

Una base de datos suplementaria se encuentra en etapa de validación por el servicio de ITS del LNR y próxima a ser transferida a los usuarios de la plataforma en Argentina.

Myroides

El género incluye dos especies, *M. odoratimimus* y *M. odoratus*, que pueden ser aislados a partir de muestras clínicas. Son bacilos inmóviles, con olor frutal similar a las especies de *Alcaligenes faecalis*. Presentan pigmento amarillo y crecen en la mayoría de los medios empleados comúnmente, con temperaturas óptimas de crecimiento entre 18 a 37°C. Son asacarolíticos, ureasa positiva, nitrato negativo y

nitrito positivo. *M. odoratus* es susceptible a la desferrioxamina, mientras que *M. odoratimimus* es resistente.

La mayoría de los aislamientos provienen de orina, sangre e infecciones de oído. Aunque las infecciones por *Myroides* son muy raras, se sabe que *M. odoratimimus* es 5 veces más frecuente que *M. odoratus*.

La mayoría de las cepas son resistentes a penicilina, cefalosporinas, aminoglucósidos, aztreonam y carbapenemasas.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 79. Traducción para especies de *Myroides* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>M. odoratimimus</i>	SI	7
<i>M. odoratus</i>	SI	7
<i>M. phaeus</i>	SI	2

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. *J Microbiol Methods* 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

N

Neisseria

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 80. Traducción de especies de *Neisseria* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>N. animaloris</i>	SI	7
<i>N. bacilliformis</i>	SI	8
<i>N. cinerea</i>	SI	6
<i>N. elongata</i>	SI	9
<i>N. flavescens</i>	SI	3
<i>N. gonorrhoeae</i>	SI	40
<i>N. lactamica</i>	SI	9
<i>N. meningitidis</i>	SI	27
<i>N. mucosa</i>	SI	2
<i>N. polysaccharea</i>	SI	1
<i>N. sicca</i>	SI	3
<i>N. subflava</i> bv. <i>flava</i>	NO	
<i>N. subflava</i> bv. <i>perflava</i>	SI	2
<i>N. subflava</i> bv. <i>subflava</i>	SI	7

<i>N. weaveri</i>	SI	10
<i>N. zoodegmatidis</i>	SI	4

MALDI-TOF no logra la discriminación entre especies de *Neisseria cinerea* y *Neisseria flavescens/subflava*. Además puede identificar *Neisseria polysaccharea* como *Neisseria meningitidis*.

Existen pruebas fenotípicas diferenciales para algunas especies del género (Ver Anexo).

Luego de la incorporación de la base de datos suplementaria con perfiles de referencia de *Neisseria gonorrhoeae* creada por el servicio de ITS del LNR, se logra la correcta discriminación entre especies de *Neisseria gonorrhoeae* y *Neisseria meningitidis*.

MALDI-TOF identifica correctamente la especie *Neisseria bacilliformis*.

Debido a la estrecha similitud genética que existe entre las especies del género, se recomienda confirmar la identificación mediante Biología Molecular (16S ARNr, 23S ARNr). Dianas genéticas específicas de *Neisseria meningitidis*: *sodC*, *porA*, *porB*, *fetA*.

Referencias:

- Cunningham SA, Mainella JM, Patel R. Misidentification of *Neisseria polysaccharea* as *Neisseria meningitidis* with the Use of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. *J Clin Microbiol* 2014;52(6):2270–2271. doi: 10.1128/JCM.00664-14.
- Hong E, Bakhalek Y, Taha MK. The identification of *Neisseria meningitidis* by MALDI-TOF may not be reliable. *Clin Microbiol Infect* 2018;pii: S1198-743X(18)30637-2. doi: 10.1016/j.cmi.2018.09.015.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Nocardia

Las especies de *Nocardia* suelen considerarse ambientales, pero algunas pueden causar enfermedad en el humano, sobre todo en pacientes inmunocomprometidos.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,70 = no identifica

Debido a la compleja taxonomía del género, actualmente la identificación de referencia se realiza mediante secuenciación de varias dianas genéticas, tales como 16S ARNr y genes *secA*, *hsp65*, *gyrB* y *rpoB* (que suelen utilizarse incluso concatenadas).

La mayoría de las no identificaciones en MALDI-TOF ocurren por la dificultad para generar espectros de calidad que puedan ser comparados con los perfiles de referencia, y esto se debe fundamentalmente a la compleja composición química de su pared celular.

Se evaluaron los métodos de extracción recomendados por los fabricantes, y se evidenció que no son necesarios procedimientos complejos si se optimizan las condiciones al momento de la siembra, realizando simples pasos previos de extracción sobre colonias frescas.

Se obtienen resultados reproducibles al realizar la siembra por el método directo y con la disrupción en el pocillo con una gota de ácido fórmico. De no obtenerse el resultado esperado, se puede realizar la técnica de extracción EFAE Bruker.

En general, los resultados demostraron que MALDI-TOF es eficaz para la identificación de especies de Actinomicetales, pero la suplementación con espectros personalizados, puede producir mejoras sustanciales en el rendimiento de las BD comerciales actuales.

Se encuentra en etapa de desarrollo una base de datos suplementaria con perfiles de referencia de cepas locales completamente caracterizadas por los LNR.

MALDI-TOF identifica correctamente a nivel de especie ***Nocardia brasiliensis***, ***Nocardia farcinica***, ***Nocardia cyriacigeorgica***; las mismas corresponden a especies generalmente multirresistentes.

Para estas, y el resto de las especies, seguir las siguientes recomendaciones de identificación y perfil de sensibilidad esperado para los distintos complejos:

- ***N. brasiliensis***

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a imipenem, ciprofloxacina y claritromicina. Puede presentar resistencia a ceftriaxona. Un número significativo de aislamientos resistentes a Trimetoprima-sulfametoxazol ha sido documentado.

- ***N. farcinica***

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a ceftriaxona, tobramicina y claritromicina. Puede presentar resistencia a imipenem y minociclina.

- ***N. cyriacigeorgica***

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a Amoxicilina-ácido clavulánico, ciprofloxacina y claritromicina. Puede presentar resistencia a minociclina.

- **Complejo *N. abscessus* (*N. abscessus*, *N. arthritidis*, *N. asiática*, *N. beijingensis*, *N. pneumoniae*)**

No es posible predecir un perfil de susceptibilidad a los antibióticos para este complejo. MALDI-TOF se encuentra limitado para identificar a nivel de especie, reportar complejo. Se recomienda secuenciar el gen *secA* y el gen *gyrB* para discriminar a nivel de especie.

Debido a la estrecha homología, las especies identificadas por MALDI-TOF como *N. exalbida*, deben ser informadas como ***N. exalbida/gankensis/complejo abscessus***.

- **Complejo *N. nova* (*N. nova*, *N. cerradoensis*, *N. kruczakiae*, *N. veterana*, *N. aobensis*, *N. africana*, *N. elegans*, *N. mikamii*, *N. vermiculata*)**

Reportar todas estas especies como complejo por MALDI-TOF. La secuenciación del gen *secA* y *gyrB* son necesarias para la discriminación al nivel de especie.

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a Amoxicilina-ácido clavulánico, ciprofloxacina y tobramicina. Puede presentar resistencia a minociclina.

- **Complejo *N. transvalensis* (*N. blacklockiae*, *N. transvalensis*, *N. wallacei*)**

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a amikacina, tobramicina y claritromicina. Puede presentar resistencia a Amoxicilina-ácido clavulánico, imipenem y minociclina. Un número significativo de aislamientos resistentes a Trimetoprima-sulfametoxazol ha sido documentado. Estas especies pueden presentar resistencia a las cuatro drogas de uso en la terapia empírica.

- ***N. pseudobrasiliensis***

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a Amoxicilina-ácido clavulánico, imipenem, minociclina. Puede presentar resistencia a ceftriaxona y trimetoprima-sulfametoxazol. Estas especies pueden presentar resistencia a las cuatro drogas de uso en la terapia empírica.

- *N. brevicatena*, *N. paucivorans*

MALDI-TOF no resuelve a nivel de especie. Confirmación mediante genes *secA*, *gyrB* y 16S ARNr.

- *N. otitidiscaviarum*

El perfil de sensibilidad a los antibióticos esperable para esta especie es: resistencia a amoxicilina-ácido clavulánico, ceftriaxona, imipenem. Puede presentar resistencia a minociclina y claritromicina.

Tabla 81. Traducción de especies de *Nocardia* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Comentarios
<i>N. abscessus</i>	SI	3	Informar <i>N. exalbida/gankensis/complejo abscessus</i>
<i>N. africana</i>	SI	1	Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. amikacinitolerans</i>	SI	1	Informar género
<i>N. anaemiae</i>	SI	1	Informar género
<i>N. aobensis</i>	SI	1	Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. araoensis</i>	SI	2	Informar género
<i>N. arthritis</i>	SI	1	Informar <i>N. exalbida/gankensis/complejo abscessus</i>
<i>N. asiatica</i>	SI	1	Informar complejo <i>N. abscessus</i>
<i>N. asteroides</i>	SI	2	Informar complejo <i>N. asteroides</i>
<i>N. beijingensis</i>	NO		Informar complejo <i>N. abscessus</i>
<i>N. blacklockiae</i>	SI	2	Informar complejo <i>N. transvalensis</i>

<i>N. brasiliensis</i>	SI	1	Informar especie
<i>N. brevicatena</i>	SI	1	Informar género
<i>N. carnea</i>	SI	8	Informar género
<i>N. caviae</i>	NO		Informar género
<i>N. concave</i>	SI	1	Informar género
<i>N. corynebacterioides</i>	NO		Informar género
<i>N. cyriaciageorgica</i>	SI	19	Informar especie
<i>N. dassonvillei</i>	NO		
<i>N. elegans</i>	SI	1	Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. exalbida</i>	SI	1	Informar <i>N. exalbida/gankensis/complejo abscessus</i>
<i>N. farcinica</i>	SI	13	Informar especie
<i>N. gankensis</i>	NO		Informar <i>N. exalbida/gankensis/complejo abscessus</i>
<i>N. harenae</i>	NO		Informar género
<i>N. higoensis</i>	SI	1	Informar género
<i>N. ignorata</i>	SI	1	Informar género
<i>N. inohanensis</i>	SI	1	Informar género
<i>N. kruczakiae</i>	SI	1	Informar género
<i>N. mexicana</i>	SI	1	Informar género
<i>N. neocaledoniensis</i>	SI	1	Informar género
<i>N. mikamii</i>	NO		Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. niigatensis</i>	SI	2	Informar género

<i>N. ninae</i>	SI	1	Informar género
<i>N. nivae</i>	SI	1	Informar género
<i>N. nova</i>	SI	8	Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. otitidiscaviarum</i>	SI	8	Informar género
<i>N. paucivorans</i>	SI	3	Informar género
<i>N. pneumoniae</i>	SI	2	Informar complejo <i>N. abscessus</i>
<i>N. pseudobrasiliensis</i>	SI	2	Informar género
<i>N. puris</i>	SI	2	Informar género
<i>N. salmonicida</i>	SI	1	
<i>N. seriolae</i>	SI	1	
<i>N. sienata</i>	SI	1	Informar género
<i>N. shimofusensis</i>	NO		Informar género
<i>Nocardia</i> sp.	SI	4	
<i>N. sungurluensis</i>	SI	1	
<i>N. testacea</i>	SI	1	Informar género
<i>N. takedensis</i>	NO		Informar género
<i>N. terpenica</i>	NO		Informar género
<i>N. thailandica</i>	SI	2	Informar género
<i>N. thraciensis</i>	SI	1	
<i>N. transvaslensis</i>	SI	2	Informar complejo <i>N. transvalensis</i>
<i>N. vermiculata</i>	SI	2	Informar complejo <i>N. nova</i>
<i>N. veterana</i>	SI	5	Informar complejo <i>N. nova</i>

<i>N. vinacea</i>	NO		Informar género
<i>N. wallacei</i>	SI	1	Informar complejo <i>N. transvalensis</i>
<i>N. yamanashiensis</i>	SI	1	Informar género

Referencias:

- CLSI. Susceptibility testing of Mycobacteria, Nocardiae, and Other Actinomycetes; Approved Standard - Second Edition. CLSI document M24-A2, Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2011.
- Lebeaux D, Bergeron E, Berthet J, Djadi-Prat J, Mouni e D, Boiron P, Lortholary O, Rodriguez-Nava V. Antibiotic susceptibility testing and species identification of Nocardia isolates: a retrospective analysis of data from a French expert laboratory, 2010-2015. Clin Microbiol Infect 2019;25(4):489-495. doi: 10.1016/j.cmi.2018.06.013.
- Rocca MF, Barrios R, Zintgraff J, Mart nez C, Irazu L, Vay C, Prieto M. Utility of platforms Vitek MS and Microflex LT for the identification of complex clinical isolates that require molecular methods for their taxonomic classification. PLoS ONE 2019;14(7):e0218077. doi: 10.1371/journal.pone.0218077.

O

Ochrobactrum

El género *Ochrobactrum* incluye 18 especies, de las cuales *O. anthropi* y *O. intermedium* son las más asociadas a infecciones oportunistas en humanos.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Dado la estrecha relación filogenética entre *O. anthropi* y *O. intermedium*, muchas veces no se obtiene un 10% de divergencia entre las dos especies al revisar el Top Ten. Por ello, es conveniente incluir la sensibilidad a colistín como prueba adicional.

Pruebas adicionales recomendadas: colistín, tetraciclina, urea, 41C, NO₃ (consultar Anexo).

Tabla 82. Traducción de especies de *Ochrobactrum* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Informar
<i>O. anthropi</i>	SI	8	<i>Ochrobactrum</i> grupo <i>anthropi</i>
<i>O. ciceri</i>	NO		
<i>O. cytisi</i>	NO		
<i>O. daejeonense</i>	NO		
<i>O. endophyticum</i>	SI	1	
<i>O. gallinifaecis</i>	SI	1	
<i>O. grignonense</i>	SI	1	
<i>O. haematophilum</i>	NO		
<i>O. intermedium</i>	SI	1	<i>Ochrobactrum</i> grupo <i>intermedium</i>
<i>O. lupini</i>	NO		
<i>O. oryzae</i>	NO		
<i>O. pecoris</i>	NO		
<i>O. pituitosum</i>	NO		
<i>O. pseudointermedium</i>	NO		
<i>O. pseudogrignonense</i>	NO		
<i>O. rhizosphaerae</i>	NO		
<i>Ochrobactrum</i> sp.	SI	2	Si score >2: informar <i>Ochrobactrum</i> sp.
<i>O. thiophenivorans</i>	NO		
<i>O. tritici</i>	SI	1	<i>Ochrobactrum</i> grupo <i>anthropi</i>

El grupo *Ochrobactrum anthropi* agrupa las especies: *O. anthropi*, *O. lupini*, *O. tritici* y *O. cytisi*. Todas estas especies son sensibles al colistín pero *O. cytisi* y *O. lupini* son resistentes a la Polimixina B 300 U.

El grupo *O. intermedium* incluye las especies: *O. intermedium*, *O. pseudointermedium* y *O. pseudogrignonense*. Sin embargo, las mismas presentan diferencias con respecto a la sensibilidad a otros agentes antimicrobianos, como se muestra en la Tabla 83 a continuación.

Tabla 83. Perfil de sensibilidad de las especies del grupo *O. intermedium*.

Ensayo	<i>O. intermedium</i>	<i>O. pseudointermedium</i>	<i>O. pseudogrignonense</i>
Colistín	R	R	R
Tetraciclina	S	R	S
Netilmicina	R	S	S
Desferrioxamina	R	R	S

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of Nonfermenting Gram-Negative Bacilli. J Microbiol Methods 2015;112,24-27. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Kämpfer P, Scholz HC, Huber B, Falsen E, Busse HJ. *Ochrobactrum haematophilum* sp. nov. and *Ochrobactrum pseudogrignonense* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol 2007;57(11):2513-2518. doi: 10.1099/ijs.0.65066-0.
- Quirino A, Pulcrano G, Rametti L, Puccio R, Marascio N, Catania MR, Matera G, Liberto MC, Focà A. Typing of *Ochrobactrum anthropi* clinical isolates using automated repetitive extragenic palindromic-polymerase chain reaction DNA fingerprinting and matrix-assisted laser desorption/ionization-time-of-flight mass spectrometry. BMC Microbiol 2014;14,74. doi: 10.1186/1471-2180-14-74.
- Zurdo-Piñeiro JL, Rivas R, Trujillo ME, Vizcaíno N, Carrasco JA, Chamber M, Palomares A, Mateos PF, Martínez-Molina E, Velázquez E. *Ochrobactrum cytisi* sp. nov., isolated from nodules of *Cytisus scoparius* in Spain. Int J Syst Evol Microbiol 2007;57(4): 784-788. doi: 10.1099/ijs.0.64613-0.

Oligella

El género abarca dos especies: *O. urethralis* y *O. ureolytica*.

O. urethralis es un cocobacilo gram negativo, catalasa positiva, oxidasa positiva, inmóvil, que no oxida ni fermenta los hidratos de carbono, y no hidroliza gelatina ni esculina, además de ser ureasa negativa.

Estas pruebas la distinguen de *O. ureolytica* que es móvil y ureasa positiva rápida.

Las especies del género han sido descritas como agentes causales de infección urinaria, vulvovaginitis, bacteremia y otras enfermedades sistémicas menos frecuentes, generalmente sobre pacientes inmunosuprimidos.

Mediante pruebas fenotípicas es necesario diferenciarla de *Brevundimonas diminuta*, especie estrechamente relacionada, de la cual se distinguen por ser cocobacilos inmóviles, sensibles al colistín.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

De ser necesario, se pueden ensayar las pruebas fenotípicas descritas más arriba.

Tabla 84. Traducción de especies de *Oligella* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>O. ureolytica</i>	SI	9
<i>O. urethralis</i>	SI	8

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of Nonfermenting Gram-Negative Bacilli. J Microbiol Methods 2015;112,24-27. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

P

Paenibacillus

Existe poca evidencia científica para evaluar la fiabilidad de la identificación a nivel de especie del género *Paenibacillus*. Dada su rareza en aislamientos clínicos, y debido a la limitada experiencia con aislamientos propios, se sugiere informar sólo a nivel de género según los criterios recomendados por el fabricante.

Es decir a partir de **score >1,7** se informa *Paenibacillus* sp.

Tabla 85. Traducción de especies de *Paenibacillus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. agarexedens</i>	SI	4
<i>P. agaridevorans</i>	SI	3
<i>P. alginolyticus</i>	SI	1
<i>P. alvei</i>	SI	3
<i>P. amylolyticus</i>	SI	3
<i>P. anaericanus</i>	SI	1
<i>P. apiarius</i>	SI	2
<i>P. assamensis</i>	SI	1
<i>P. azoreducens</i>	SI	1
<i>P. barcinonensis</i>	SI	1
<i>P. barengoltzil</i>	SI	1
<i>P. borealis</i>	SI	1
<i>P. bovis</i>	NO	
<i>P. brasiliensis</i>	SI	1

<i>P. chibensis</i>	SI	3
<i>P. chinjuensis</i>	SI	1
<i>P. chitinolyticus</i>	SI	1
<i>P. chondroitinus</i>	SI	1
<i>P. cineris</i>	SI	1
<i>P. cooki</i>	SI	1
<i>P. curdanolyticus</i>	SI	2
<i>P. dakarensis</i>	NO	
<i>P. daejeonensis</i>	SI	1
<i>P. dentritiformis</i>	SI	1
<i>P. dururs</i>	SI	2
<i>P. edaphicus</i>	SI	1
<i>P. eimensis</i>	SI	1
<i>P. faecis</i>	NO	
<i>P. favisporus</i>	SI	1
<i>P. gansuensis</i>	SI	1
<i>P. glucanolyticus</i>	SI	2
<i>P. graminis</i>	SI	1
<i>P. illinoisensis</i>	SI	2
<i>P. jamilae</i>	SI	1
<i>P. kobensis</i>	SI	2
<i>P. konkukensis</i>	NO	

<i>P. konsidensis</i>	NO	
<i>P. lactis</i>	SI	2
<i>P. larvae</i>	SI	2
<i>P. lautus</i>	SI	1
<i>P. lentus</i>	SI	1
<i>P. macerans</i>	SI	5
<i>P. macquariensis</i>	SI	2
<i>P. massiliensis</i>	SI	1
<i>P. mendelii</i>	SI	1
<i>P. motobuensis</i>	SI	1
<i>P. naphthalenovorans</i>	SI	1
<i>P. nematophilus</i>	SI	1
<i>P. odorifer</i>	SI	1
<i>P. pabuli</i>	SI	1
<i>P. pasadenensis</i>	SI	1
<i>P. peoriae</i>	SI	1
<i>P. phyllosphaerae</i>	SI	1
<i>P. polymyxa</i>	SI	8
<i>P. provencensis</i>	NO	
<i>P. rhizosphaerae</i>	SI	1
<i>P. sanguinis</i>	NO	
<i>P. sabinae</i>	SI	1

<i>Paenibacillus</i> sp.	SI	8
<i>P. sputi</i>	NO	
<i>P. stelifer</i>	SI	1
<i>P. taiwanensis</i>	SI	1
<i>Pa. terrae</i>	SI	1
<i>P. thiaminolyticus</i>	SI	5
<i>P. timonensis</i>	SI	1
<i>P. urinalis</i>	SI	2
<i>P. validus</i>	SI	5
<i>P. vulneris</i>	NO	
<i>P. wynnii</i>	SI	1
<i>P. xinjiangensis</i>	SI	1
<i>P. xylanilyticus</i>	SI	1
<i>P. zanthoxyli</i>	SI	1

Referencias:

- Celandroni F, Salvetti S, Gueye SA, Mazzantini D, Lupetti A, Senesi S, Ghelardi E. Identification and Pathogenic Potential of Clinical *Bacillus* and *Paenibacillus* Isolates. PLoS One 2016;11(3):e0152831. doi: 10.1371/journal.pone.0152831.

Pandoraea

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 86. Traducción de especies de *Pandoraea* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. apista</i>	SI	1
<i>P. norimbergensis</i>	SI	1
<i>P. pnomenusa</i>	SI	1
<i>P. pulmonicola</i>	SI	1
<i>P. sputorum</i>	SI	1
<i>Pandoraea</i> sp.	SI	2

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. *J Microbiol Methods* 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Fernández-Olmos A, García-Castillo M, Morosini MI, Lamas A, Máiz L, Cantón R. MALDI-TOF MS improves routine identification of non-fermenting Gram negative isolates from cystic fibrosis patients. *J Cyst Fibros* 2012; 11(1):59–62. doi: 10.1016/j.jcf.2011.09.001.
- Fernández-Olmos A, Morosini MI, Lamas A, García-Castillo M, García-García L, Cantón R, Máiz L. Clinical and Microbiological Features of a Cystic Fibrosis Patient Chronically Colonized with *Pandoraea sputorum* Identified by Combining 16S rRNA Sequencing and Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. *J Clin Microbiol* 2012;50(3):1096–1098. doi: 10.1128/JCM.05730-11.
- Martina PF, Martínez M, Frada G, Alvarez F, Leguizamón L, Prieto C, Barrias C, Bettiol M, Lagares A, Bosch A, Ferreras J, Von Specht M. First time identification of *Pandoraea sputorum* from a patient with cystic fibrosis in Argentina: a case report. *BMC Pulm Med* 2017;17:33. doi: 10.1186/s12890-017-0373-y.

Pannonibacter

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 87. Traducción de especies de *Pannonibacter* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. carbonis</i>	NO	
<i>P. indicus</i>	NO	
<i>P. phragmitetus</i>	SI	2

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.

Pantoea

Limitada experiencia en el género.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 88. Traducción de especies de *Pantoea* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. agglomerans</i>	SI	12
<i>P. allii</i>	NO	
<i>P. anantis</i>	SI	3
<i>P. brenneri</i>	NO	
<i>P. calida</i>	SI	1
<i>P. citrea</i>	NO	
<i>P. conspicua</i>	NO	
<i>P. deleyi</i>	NO	
<i>P. dispersa</i>	SI	3
<i>P. gaviniae</i>	SI	1
<i>P. intestinalis</i>	NO	
<i>P. punctata</i>	NO	
<i>P. septica</i>	SI	1
<i>P. terrea</i>	NO	

Pasteurella

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69= identificación a nivel de género

SCORE <1,5= no identifica

Tabla 89. Traducción de especies de *Pasteurella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. aerogenes</i>	SI	1
<i>P. bettyae</i>	SI	3
<i>P. caballi</i>	NO	
<i>P. canis</i>	SI	3
<i>P. dagmatis</i>	SI	5
<i>P. mairii</i>	SI	1
<i>P. multocida</i>	SI	12
<i>P. oralis</i>	NO	
<i>P. pneumotropica</i>	SI	2
<i>P. stomatis</i>	SI	2

Referencias:

- Bardou M, Honnorat E, Dubourg G, Couderc C, Fournier PE, Seng P, Stein A. Meningitis caused by *Pasteurella multocida* in a dog owner without a dog bite: clonal lineage identification by MALDI-TOF mass spectrometry. BMC Res Notes 2015;8:626. doi: 10.1186/s13104-015-1615-9.
- Zangenah S, Gülerüz G, Boräng S, Ullberg M, Bergman P, Ozenci V. Identification of clinical *Pasteurella* isolates by MALDI-TOF -- a comparison with VITEK 2 and conventional microbiological methods. Diagn Microbiol Infect Dis 2013;77(2):96-8. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2013.06.024.

Pediococcus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable en base a aislamientos de *Pediococcus acidilactici* y *Pediococcus pentosaceus* (especies más frecuentes en muestras clínicas):

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69= identificación a nivel de género

SCORE <1,5= no identifica

Pruebas fenotípicas adicionales:

PYR: –

LAP: +

NaCl: +

Vancomicina: R

Gas de Glucosa: –

ADH: V

Tabla 90. Traducción de especies de *Pediococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. acidilactici</i>	SI	4
<i>P. pentosaceus</i>	SI	9

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Rojas Velázquez V, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. *Open Microbiol J* 2016; 10:202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

Peptococcus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 91. Traducción de especies de *Peptococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. niger</i>	SI	1

Referencias:

- Veloo AC, de Vries ED, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, van Winkelhoff AF, ENRIA workgroup. The optimization and validation of the Biotyper MALDI-TOF MS database for the identification of gram positive anaerobic cocci. Clin Microbiol Infect 2016;22(9)793-798. Doi: 10.1016/j.cmi.2016.06.016.

Peptoniphilus

Se recomienda aplicar los criterios basados en publicaciones:

SCORE \geq 1,8 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,79-1,60 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,60 = no identifica

Tabla 92. Traducción de especies de *Peptoniphilus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. assacharolyticus</i>	NO	
<i>P. cationiae</i>	NO	
<i>P. coxii</i>	SI	1
<i>P. duerdenii</i>	NO	
<i>P. gorbachii</i>	SI	1
<i>P. grossensis</i>	NO	
<i>P. harei</i>	SI	4
<i>P. indolicus</i>	SI	2
<i>P. ivorii</i>	SI	2
<i>P. koenoeneniae</i>	SI	1
<i>P. lacrimalis</i>	SI	1
<i>P. lacydonensis</i>	SI	1
<i>P. methioninivorax</i>	NO	
<i>P. olsenii</i>	SI	1
<i>P. rhinitidis</i>	NO	
<i>P. senegalensis</i>	NO	
<i>P. timonensis</i>	NO	
<i>P. tyrreliae</i>	SI	1

En base a resultados basados en escaso número de aislados, en ocasiones *P. assacharolyticus* (que no se encuentra en la base de datos BD) se puede confundir con *P. harei*.

Referencias:

- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization

Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. *Anaerobe* 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.

- Veloo AC, de Vries ED, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, van Winkelhoff AJ, ENRIA workgroup. The optimization and validation of the Biotyper MALDI-TOF MS database for the identification of gram positive anaerobic cocci. *Clin Microbiol Infect* 2016;22(9):793-798. doi: 10.1016/j.cmi.2016.06.016.

Peptostreptococcus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 93. Traducción de especies de *Peptostreptococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. anaerobius</i>	SI	4
<i>P. assacharolyticus</i>	NO	
<i>P. canis</i>	SI	1
<i>P. russellii</i>	NO	
<i>P. stomatis</i>	NO	

Referencias:

- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. *Anaerobe* 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.
- Veloo AC, de Vries ED, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, van Winkelhoff AJ, ENRIA workgroup. The optimization and validation of the Biotyper MALDI-TOF MS database for the identification of gram positive anaerobic cocci. *Clin Microbiol Infect* 2016;22(9):793-798. doi: 10.1016/j.cmi.2016.06.016.

Porphyromonas

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Posee limitaciones en la identificación. En nuestra experiencia los scores obtenidos habitualmente son bajos y no es frecuente poder alcanzar la identificación. Por lo tanto, frente a un bacilo Gram negativo anaerobio estricto realizar patrón de discos antibióticos: Vancomicina (5ug) S, Colistina (10 ug) R, Kanamicina (1000 ug) R y Bilis 20% (oxgall) S. Si la identificación arroja una especie de *Porphyromonas* por MALDI-TOF con **score $>$ 1,7**, informar a nivel de género (*Porphyromonas* sp.).

Las especies *P. assacharolytica* y *P. uenonis* no pueden diferenciarse por MALDI-TOF ni por 16S ARNr, y tiene limitada diferenciación con otros genes como *hsp60*, por lo tanto informar *P. assacharolytica/uenonis*.

Tabla 94. Traducción de especies de *Porphyromonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. assacharolytica</i>	SI	1
<i>P. bennonis</i>	NO	
<i>P. cangingivalis</i>	NO	
<i>P. canoris</i>	NO	
<i>P. catoniae</i>	NO	
<i>P. circumdentaria</i>	NO	
<i>P. crevioricans</i>	NO	
<i>P. endodontalis</i>	NO	
<i>P. gingivalis</i>	SI	2
<i>P. gulae</i>	SI	1
<i>P. levii</i>	SI	1
<i>P. macacae</i>	SI	1
<i>P. pasteri</i>	NO	
<i>P. somerae</i>	NO	
<i>P. uenonis</i>	SI	2

Referencias:

- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. *Anaerobe* 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.
- Veloo ACM, Jean-Pierre H, Justesen US, Morris T, Urban E, Wybo I, Kostrzewa M, Friedrich AW. Validation of MALDI-TOF MS Biotyper database optimized for anaerobic bacteria: The ENRIA project. *Anaerobe* 2018;54:224-230. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2018.03.007>.
- Zamora-Cintas M, Marín M, Quiroga L, Martínez A, Fernández-Chico MA, Bouza E, Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L. Identification of *Porphyromonas* isolates from clinical origin using MALDI-TOF Mass Spectrometry. *Anaerobe* 2018;54:197-200. doi: 10.1016/j.anaerobe.2018.06.017.

Prevotella

Se recomienda aplicar los criterios basados en publicaciones:

SCORE $\geq 1,8$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,79-1,60 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,60$ = no identifica

Otros autores (Barba *et al.*) plantean la identificación correcta a nivel de especie entre *P. nigrescens* y *P. intermedia* con score $\geq 1,7$. Sin embargo puede presentar limitaciones en la identificación.

Tabla 95. Traducción de especies de *Prevotella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. albensis</i>	NO	
<i>P. amnii</i>	SI	1
<i>P. aurantiaca</i>	NO	
<i>P. baroniae</i>	SI	2
<i>P. bergensis</i>	SI	1
<i>P. bivia</i>	SI	8
<i>P. buccae</i>	SI	6
<i>P. buccalis</i>	SI	2
<i>P. colorans</i>	NO	
<i>P. conceptionensis</i>	NO	
<i>P.corporis</i>	SI	1
<i>P. denticola</i>	SI	5
<i>P. disiens</i>	SI	3
<i>P. enoeca</i>	NO	
<i>P. falsenii</i>	NO	
<i>P. fusca</i>	NO	

<i>P. histicola</i>	SI	1
<i>P. intermedia</i>	SI	1
<i>P. loescheii</i>	SI	4
<i>P. maculosa</i>	SI	1
<i>P. marshii</i>	NO	
<i>P. melaninogenica</i>	SI	4
<i>P. micans</i>	NO	
<i>P. multiformis</i>	NO	
<i>P. multisaccharivorax</i>	SI	1
<i>P. nanceiensis</i>	SI	2
<i>P. nigrescens</i>	SI	2
<i>P. oralis</i>	SI	1
<i>P. oris</i>	SI	2
<i>P. oulorum</i>	SI	1
<i>P. pallens</i>	SI	4
<i>P. pleuritidis</i>	NO	
<i>P. salivae</i>	SI	1
<i>P. saccharolytica</i>	NO	
<i>P. scopos</i>	NO	
<i>P. shahii</i>	SI	1
<i>P. stercorea</i>	SI	1
<i>P. timonensis</i>	SI	6
<i>P. veroralis</i>	NO	
<i>P. zooglyphiformans</i>	NO	

Referencias:

- Gürsoy M, Harju I, Matomäki J, Bryk A, Könönen E. Performance of MALDI-TOF MS for identification of oral Prevotella species. Anaerobe 2017;47:89-93. doi: 10.1016/j.anaerobe.2017.04.008.
- La Scola B, Fournier PE, Raoult D. Burden of emerging anaerobes in the MALDI-TOF and 16S rRNA gene sequencing era. Anaerobe 2011;17(3):106-12. doi: 10.1016/j.anaerobe.2011.05.010.
- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. Anaerobe 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.

***Propionibacterium* (actualmente *Cutibacterium*)**

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable en base a resultados sobre las especies *P. avidum* y *P. acnes*:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 96. Traducción de especies de *Propionibacterium* spp. (*Cutibacterium* spp.*)

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>P. acidifaciens</i>	SI	1
<i>P. acidipropionici</i>	SI	3
<i>P. acnes</i>	SI	15
<i>P. australiense</i>	SI	1
<i>P. avidum</i>	SI	4
<i>P. cyclohexanicum</i>	SI	1
<i>P. freundenreichii</i>	SI	3
<i>P. granulosum</i>	SI	3
<i>P. jensenii</i>	SI	4
<i>P. microaerophilum</i>	SI	1
<i>P. propionicum</i>	SI	1
<i>Propionibacterium</i> sp.	SI	7
<i>P. thoenii</i>	SI	2

* *Propionibacterium* ha sido reclasificado como *Cutibacterium*.

Se sugiere completar con las pruebas fenotípicas de la siguiente tabla para diferenciar *P. acnes* (Indol positivo) de otras especies de *Propionibacterium* aisladas de muestras clínicas (Indol negativo) y/o *Propioniferax*.

Tabla 97. Diferenciación de especies de *Propionibacterium* spp. y *Propioniferax* spp.

Espece	Aerotolerancia	Catalasa	Indol	NO ₃	Esc
<i>Propionibacterium acidifaciens</i>	-	-	-	-	-
<i>Propionibacterium acnes</i>	+	+	+	+	-
<i>Propionibacterium avidum</i>	+	+	-	-	+
<i>Propionibacterium granulosum</i>	+	+	-	-	-
<i>Propionibacterium propionicum</i>	-	-	-	+	-
<i>Propioniferax innocua</i>	+	+	-	V	-

Símbolos: V, variable.

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Rodríguez-Sánchez B, Alcalá L, Marín M, Ruiz A, Alonso E, Bouza E. Evaluation of MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption-Ionization Time-of- Flight Mass Spectrometry) for routine identification of anaerobic bacteria. Anaerobe 2016;42:101-107. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.09.009.

Proteus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE ≥ 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,70 = no identifica

MALDI-TOF identifica correctamente *Proteus mirabilis*. Sin embargo, no diferencia entre las especies *Proteus vulgaris/penneri/hauseri*; por lo tanto informar a nivel de grupo/complejo ó completar con pruebas fenotípicas para estas especies (ver Tabla a continuación).

Tabla 98. Pruebas fenotípicas para diferenciar especies de *Proteus* spp.

Bacteria	TSI	Ureasa	LDC	IMVIC	ODC	Esc	Salicina	Trehalosa
<i>P. vulgaris</i>	Acido Fondo negro	+	Desamina	++-V	-	+	+	-
<i>P. penneri</i>	Acido/ácido con o sin gas Fondo negro	+	Desamina	-+--	-	-	-	V
<i>P. hauseri</i>	Acido/ácido sin gas Fondo negro	+	Desamina	++--	-	-	-	-

Tabla 99. Traducción de especies de *Proteus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Nomenclatura actual
<i>P. hauseri</i>	SI	3	
<i>P. mirabilis</i>	SI	9	
<i>P. myxofaciens</i>	SI	2	<i>Cosenzaea myxofaciens</i>
<i>P. penneri</i>	SI	3	
<i>P. vulgaris</i>	SI	9	

Pseudoalcaligenes

La única especie de aislamiento humano *Paenalcaligenes hominis* no está en base de datos comercial.

Pseudomonas

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Dada la complejidad del género por las numerosas especies que contiene, existen consideraciones particulares:

- Las especies *P. oryzihabitans*, *P. aeruginosa*, *P. stutzeri*, *P. chlororaphi*, *P. indica* pueden ser bien identificadas a nivel de especie.
- *P. salomonii* no está en BD. MALDI-TOF da *P. antarctica/extremorientalis*.
- *Pseudomonas cichorii/syringae*: secuenciar.
- *Pseudomonas azotoformans* no es identificada. Se sugiere secuenciar.
- *P. alcaliphila/oleovorans/pseudoalcaligenes*: MALDI-TOF no lograr discriminar estas especies, se recomienda *gyrB*.

En las siguientes especies informar a nivel de grupo/complejo:

- *P. plecoglossicida*, *P. monteilii*, *P. mossellii*, *P. putida*, *P. fulva*: **se informan como *Pseudomonas* grupo *putida*.**
- *P. lundensis*, *P. vietnamiensis*, *P. fluorescens*, *P. libanensis*, *P. koorensis*: **se informan como *Pseudomonas* grupo *fluorescens*.**

En estas especies no se puede alcanzar la diferenciación por pruebas fenotípicas ni por secuenciación de gen 16S ARNr. Se recomienda *gyrB* y *rpoD* para confirmar.

Tabla 100. Traducción de especies de *Pseudomonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Nomenclatura actual
<i>P. aeruginosa</i>	SI	9	
<i>P. aestusnigri</i>	NO		
<i>P. agarici</i>	SI	1	
<i>P. alcaligenes</i>	SI	2	
<i>P. alcaliphila</i>	SI	1	
<i>P. amygdali</i>	NO		
<i>P. anguilliseptica</i>	SI	1	
<i>P. antartica</i>	SI	1	

<i>P. argentinensis</i>	NO		
<i>P. asplenii</i>	SI	1	
<i>P. asturiensis</i>	NO		
<i>P. asuensis</i>	NO		
<i>P. avellanae</i>	SI	1	
<i>P. azotifigens</i>	SI	1	
<i>P. azotoformans</i>	SI	1	
<i>P. baetica</i>	NO		
<i>P. balearica</i>	SI	2	
<i>P. bauzanensis</i>	NO		
<i>P. benzenivorans</i>	NO		
<i>P. beteli</i>	NO		
<i>P. borbori</i>	NO		
<i>P. boreopolis</i>	SI	1	
<i>P. brassicasearum</i>	NO		
<i>P. brenneri</i>	SI	1	
<i>P. caeni</i>	NO		
<i>P. canadensis</i>	NO		
<i>P. cannabina</i>	NO		
<i>P. carboxydohydrogena</i>	NO		
<i>P. caricapapayae</i>	SI	1	
<i>P. caspiana</i>	NO		
<i>P. cedrina</i>	SI	1	
<i>P. cerasi</i>	NO		
<i>P. chengduensis</i>	NO		

<i>P. chlororaphis</i>	SI	2	
<i>P. cichori</i>	SI	1	
<i>P. cissicola</i>	NO		
<i>P. citronellosis</i>	SI	2	
<i>P. composti</i>	NO		
<i>P. congelans</i>	SI	1	
<i>P. corrugata</i>	SI	1	
<i>P. costantini</i>	NO		
<i>P. cremoricolorata</i>	NO		
<i>P. cuatrocienegasensis</i>	NO		
<i>P. delhiensis</i>	NO		
<i>P. donhuensis</i>	NO		
<i>P. duriflava</i>	NO		
<i>P. endophytica</i>	NO		
<i>P. entomophila</i>	NO		
<i>P. extremaustralis</i>	NO		
<i>P. extremorientalis</i>	SI	1	
<i>P. flavescens</i>	SI	1	
<i>P. flexibilis</i>	NO		
<i>P. floridensis</i>	NO		
<i>P. fluorescens</i>	SI	6	
<i>P. fluvialis</i>	NO		
<i>P. formosensis</i>	NO		
<i>P. fragi</i>	SI	1	
<i>P. frederiksbergensis</i>	SI	1	

<i>P. fulva</i>	SI	2	
<i>P. furukawai</i>	NO		
<i>P. fuscovaginae</i>	SI	1	
<i>P. gelidicola</i>	NO		
<i>P. geniculata</i>	NO		
<i>P. gessardii</i>	SI	1	
<i>P. glareae</i>	NO		
<i>P. graminis</i>	SI	1	
<i>P. granadensis</i>	NO		
<i>P. grimontii</i>	SI	1	
<i>P. guineae</i>	NO		
<i>P. halophila</i>	NO		
<i>P. helleri</i>	NO		
<i>P. helmanticensis</i>	NO		
<i>P. hibiscicola</i>	NO		
<i>P. hussaini</i>	NO		
<i>P. indica</i>	SI	1	
<i>P. japonica</i>	NO		
<i>P. jessenii</i>	SI	1	
<i>P. jinjuensis</i>	SI	1	
<i>P. kilonensis</i>	SI	1	
<i>P. koreensis</i>	SI	3	
<i>P. kunmingensis</i>	NO		
<i>P. lactis</i>	NO		
<i>P. libanensis</i>	SI	1	

<i>P. lini</i>	NO		
<i>P. linyingensis</i>	NO		
<i>P. litoralis</i>	NO		
<i>P. lundensis</i>	SI	1	
<i>P. lutea</i>	SI	1	
<i>P. luteola</i>	SI	3	<i>Chryseomonas luteola</i>
<i>P. mandelii</i>	SI	1	
<i>P. marginalis</i>	SI	1	
<i>P. maricola</i>	NO		
<i>P. mediterranea</i>	NO		
<i>P. meliae</i>	NO		
<i>P. mendocina</i>	SI	1	
<i>P. meridiana</i>	NO		
<i>P. miguale</i>	SI	1	
<i>P. monteillii</i>	SI	7	
<i>P. moorei</i>	NO		
<i>P. moraviensis</i>	NO		
<i>P. mosselii</i>	SI	1	
<i>P. mucidolens</i>	SI	1	
<i>P. nitritireducens</i>	NO		
<i>P. nitroreducens</i>	SI	2	
<i>P. oleovorans</i>	SI	3	
<i>P. orientalis</i>	SI	1	
<i>P. oryzihabitans</i>	SI	7	<i>Flavimonas oryzihabitans</i>

<i>P. otitidis</i>	SI	1	
<i>P. pachastrellae</i>	NO		
<i>P. palleroniana</i>	NO		
<i>P. panacis</i>	NO		
<i>P. panipatensis</i>	SI	1	
<i>P. parafulva</i>	NO		
<i>P. paralactis</i>	NO		
<i>P. pelagia</i>	NO		
<i>P. peli</i>	NO		
<i>P. pertucinogena</i>	SI	1	
<i>P. pictorum</i>	SI	1	<i>Stenotrophomonas pictorum</i>
<i>P. plecogloscida</i>	SI	6	
<i>P. poae</i>	SI	1	
<i>P. phoangensis</i>	SI	1	
<i>P. populi</i>	NO		
<i>P. profundus</i>	NO		
<i>P. prosekii</i>	NO		
<i>P. proteolytica</i>	SI	1	
<i>P. pseudoalcaligenes</i>	SI	1	<i>Pseudomonas oleovorans</i>
<i>P. psychrophila</i>	SI	1	
<i>P. psychrotolerans</i>	NO		
<i>P. punonensis</i>	NO		
<i>P. putida</i>	SI	26	
<i>P. reinekei</i>	NO		

<i>P. resinovorans</i>	NO		
<i>P. rhodesiae</i>	SI	1	
<i>P. rhizosphaerae</i>	SI	1	
<i>P. sabulinigri</i>	NO		
<i>P. sagittaria</i>	NO		
<i>P. salina</i>	NO		
<i>P. salomonii</i>	NO		
<i>P. saponiphila</i>	NO		
<i>P. savastanoi</i>	SI	2	
<i>P. segetis</i>	SI	1	
<i>P. sesami</i>	NO		
<i>P. simiae</i>	NO		
<i>P. soli</i>	NO		
<i>Pseudomonas</i> sp.	SI	8	
<i>P. straminea</i>	SI	1	
<i>P. stutzeri</i>	SI	10	
<i>P. synxantha</i>	SI	1	
<i>P. syringae</i>	SI	2	
<i>P. taeaenensis</i>	NO		
<i>P. taetrolens</i>	SI	1	
<i>P. taiwanensis</i>	NO		
<i>P. tarimensis</i>	SI	1	
<i>P. testosteronii</i>	NO		
<i>P. thermotolerans</i>	SI	1	
<i>P. thivervalensis</i>	SI	1	

<i>P. tolaasii</i>	SI	1	
<i>P. toyotomiensis</i>	NO		
<i>P. tremae</i>	NO		
<i>P. trivialis</i>	SI	1	
<i>P. tuomuorensis</i>	NO		
<i>P. umsongensis</i>	SI	1	
<i>P. vancouverensis</i>	SI	1	
<i>P. veronii</i>	SI	4	
<i>P. versuta</i>	NO		
<i>P. viridiflava</i>	SI	1	
<i>P. vranovensis</i>	NO		
<i>P. wadenswilerensis</i>	NO		
<i>P. xanthomarina</i>	SI	1	
<i>P. xiamenensis</i>	NO		
<i>P. zeshuii</i>	NO		
<i>P. zahodongensis</i>	NO		

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.

Psychrobacter

Puede haber problemas en la identificación por ser cepas mucosas y pigmentadas. Suele arrojar valores bajos de score.

Unica especie en la base de datos: *Psychrobacter lutiphocae*. Es identificada correctamente aunque con bajo score.

P. pulmonis/faecalis no están en BD.

R

Ralstonia

Posee gran similitud con el género *Cupriavidus*.

Dentro del género, *Ralstonia pickettii* es la más conocida con respecto a enfermedad en el humano, causando bacteriemias, meningitis, endocarditis, osteomielitis.

Ralstonia mannitolilytica fue recientemente descrita en un brote nosocomial y en un caso de meningitis recurrente; dicha especie junto a *R. insidiosa* afectan sobre todo a pacientes fibroquísticos.

Basados en nuestra experiencia, *Ralstonia pickettii* es identificada correctamente, sin embargo *R. mannitolilytica* se confunde con *R. pickettii* por lo tanto se sugiere informar todas las especies del género como *Ralstonia* sp.

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score > 1,7**.

Tabla 101. Traducción de especies de *Ralstonia* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. insidiosa</i>	SI	3
<i>R. mannitolilytica</i>	SI	1
<i>R. pickettii</i>	SI	9
<i>R. pseudosolanacearum</i>	NO	
<i>R. solanacearum</i>	NO	
<i>Ralstonia</i> sp.	SI	1
<i>R. syzygii</i>	SI	1

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass

spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Raoultella

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Sin embargo:

- ***Raoultella ornithinolytica***: sólo informar como tal si la ODC es positiva y el Indol es positivo, de lo contrario informar como *Klebsiella oxytoca*.
- ***Raoultella planticola***: informar como *Klebsiella pneumoniae* cuando el Indol es negativo, y como *Klebsiella oxytoca* cuando el Indol es positivo.
- ***Raoultella terrigena***: la identificación a nivel de especie no es confiable.

Se recomienda consultar el Anexo para la diferenciación con *Klebsiella* spp. mediante pruebas fenotípicas.

Tabla 102. Traducción de especies de *Raoultella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. electrica</i>	NO	
<i>R. ornithinolytica</i>	SI	13
<i>R. planticola</i>	SI	6
<i>R. terrigena</i>	SI	5

Referencias:

- Sekowska A, Mikucka A, Gospodarek-Komkowska E. Identification of *Raoultella* spp.: Comparison of three methods. Indian J Med Microbiol 2018;36(2):197-200. doi: 10.4103/ijmm.IJMM_17_99.

Rhizobium

El género *Rhizobium* contiene numerosas especies, sin embargo existen muy pocos espectros depositados en la base de datos, excepto para *R. radiobacter*.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Tabla 103. Traducción de especies de *Rhizobium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. radiobacter</i>	SI	14
<i>R. rubi</i>	SI	1
<i>R. tropici</i>	SI	1

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Traglia G, Famiglietti A, Ramirez MS, Vay C. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry for species identification of nonfermenting Gram-negative bacilli. J Microbiol Methods 2015;112:24-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.03.004.
- Jia RZ, Zhang RJ, Wei Q, Chen WF, Cho IK, Chen WX, Li QX. Identification and Classification of Rhizobia by Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-Of-Flight Mass Spectrometry. J Proteomics Bioinform 2015;8,98-107. doi: 10.4172/jpb.1000357.
- Uhlik O, Strejcek M, Junkova P, Sanda M, Hroudova M, Vlcek C, Mackova M, Macek T. Matrix-assisted laser desorption ionization (MALDI)-time of flight mass spectrometry- and MALDIbiotyper-based identification of cultured biphenyl-metabolizing bacteria from contaminated horseradish rhizosphere soil. Appl Environ Microbiol 2011;77(19):6858-66. doi: 10.1128/AEM.05465-11.

Rhodococcus

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE < 1,70 = no identifica

Basados en nuestra experiencia y en datos publicados, *R. equi* puede identificarse correctamente a nivel especie con **score >1,7**.

Rhodococcus hoagii y *Rhodococcus equi* se consideran la misma especie.

Rhodococcus hoagii y *Rhodococcus soli* están estrechamente relacionadas, se requiere la secuenciación completa del gen 16S ARNr (1500 pb) para la resolución de muchas de estas especies.

Tabla 104. Traducción de especies de *Rhodococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. aetherivorans</i>	SI	1
<i>R. aerolatus</i>	NO	
<i>R. antrifimi</i>	NO	
<i>R. artemisiae</i>	NO	
<i>R. baikonurensis</i>	SI	1
<i>R. biphenylivorans</i>	NO	
<i>R. canchipurensis</i>	NO	
<i>R. cerastii</i>	NO	
<i>R. cercidiphylli</i>	NO	
<i>R. coprophilus</i>	SI	2
<i>R. corynebacterioides</i>	SI	1
<i>R. defluvii</i>	NO	
<i>R. degrandans</i>	NO	
<i>R. enclenis</i>	NO	
<i>R. equi</i>	SI	8
<i>R. erythropolis</i>	SI	16
<i>R. fascians</i>	SI	8

<i>R. gannanensis</i>	NO	
<i>R. globerulus</i>	SI	4
<i>R. gordoniae</i>	SI	1
<i>R. hoagii</i>	NO	
<i>R. humicola</i>	NO	
<i>R. imtechensis</i>	SI	1
<i>R. jialingiae</i>	NO	
<i>R. jostii</i>	SI	1
<i>R. koorensis</i>	SI	1
<i>R. kroppenstedtii</i>	SI	1
<i>R. kummingensis</i>	SI	1
<i>R. kyotonensis</i>	NO	
<i>R. lactis</i>	NO	
<i>R. maanshanensis</i>	SI	1
<i>R. marinonascens</i>	SI	1
<i>R. nanhaiensis</i>	NO	
<i>R. olei</i>	NO	
<i>R. opacus</i>	SI	5
<i>R. percolatus</i>	SI	1
<i>R. phenolicus</i>	SI	1
<i>R. pyridinovorans</i>	SI	2
<i>R. rhodnii</i>	SI	5
<i>R. qingshengii</i>	NO	
<i>R. rhodochrous</i>	SI	12
<i>R. ruber</i>	SI	15

<i>R. rubropertinctus</i>	NO	
<i>R. soli</i>	NO	
<i>R. sovatensis</i>	NO	
<i>R. triatoma</i>	SI	2
<i>R. trifolii</i>	NO	
<i>R. tukisamuensis</i>	NO	
<i>R. wratislaviensis</i>	SI	1
<i>R. yunnanensis</i>	NO	
<i>R. zopfii</i>	NO	

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- de Alegría Puig CR, Pílares L, Marco F, Vila J, Martínez-Martínez L, Navas J. Comparison of the Vitek MS and Bruker Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry Systems for Identification of *Rhodococcus equi* and *Dietzia* spp. J Clin Microbiol 2017;55(7):2255-2260. doi: 10.1128/JCM.00377-17.

Roseomonas

Estas especies son raramente aisladas de muestras clínicas (sangre, herida, absceso).

Puede haber problemas en la identificación por MALDI-TOF por ser cepas mucosas y pigmentadas (rosado-coral), no mejorando con los métodos de extracción.

Puede no identificar especies de *Roseomonas*, que además requieren secuenciación del gen 16S ARNr para su confirmación: *R. aestuarii* /*oryzae* /*rhizosphareae* /*aerophila*.

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score > 1,7**.

Todas las especies de *Roseomonas* hidrolizan fuertemente la urea pero no la esculina.
De ser necesario, se sugiere agregar las siguientes pruebas fenotípicas:

Tabla 105. Pruebas fenotípicas diferenciales para especies de *Roseomonas* spp.

Espece	Oxidasa	PYR	Acido de Arabinosa	Manitol	Fructosa	Glucosa	NO ₃	Desferroxiamina
<i>R. cervicalis</i>	+	-	+	-	V	-	-	-
<i>R. gilardi</i>	+	+	+	+	V	-	-	-
<i>R. mucosa</i>	-	+	+	+	+	+	-	-
<i>R. genomospecie 4</i>	+	-	-	-	+	+	+	+
<i>R. genomospecie 5</i>	+	-	-	-	+	-	-	-

Símbolos: V, variable.

Tabla 106. Traducción de especies de *Roseomonas* spp.

Espece	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. aeriglobus</i>	NO	
<i>R. aerilata</i>	NO	
<i>R. aerofrigidensis</i>	NO	
<i>R. aerophila</i>	NO	
<i>R. aestuarii</i>	NO	
<i>R. alkaliterrae</i>	NO	
<i>R. acquatica</i>	NO	
<i>R. arctica</i>	NO	
<i>R. arcticisoli</i>	NO	
<i>R. cervicalis</i>	NO	

<i>R. deserti</i>	NO	
<i>R. eburnea</i>	NO	
<i>R. elaeocarpi</i>	NO	
<i>R. fluminis</i>	NO	
<i>R. frigidaquae</i>	NO	
<i>R. gilardi</i>	NO	
<i>R. hibiscisoli</i>	NO	
<i>R. lacus</i>	NO	
<i>R. mucosa</i>	SI	4
<i>R. musae</i>	NO	
<i>R. nepalensis</i>	NO	
<i>R. oryzae</i>	NO	
<i>R. oryzicola</i>	NO	
<i>R. pecuniae</i>	NO	
<i>R. rhizosphaerae</i>	NO	
<i>R. riguiloci</i>	NO	
<i>R. rosea</i>	NO	
<i>R. rubra</i>	NO	
<i>R. soli</i>	NO	
<i>R. stagni</i>	NO	
<i>R. suffusca</i>	NO	
<i>R. terrae</i>	NO	
<i>R. terricola</i>	NO	
<i>R. vinacea</i>	NO	
<i>R. wooponensis</i>	NO	

Referencias:

- Diesendorf N, Köhler S, Geißdörfer W, Grobecker-Karl T, Karl M, Burkovski A. Characterisation of *Roseomonas mucosa* isolated from the root canal of an infected tooth. BMC Res Notes 2017;10(1):212. doi:10.1186/s13104-017-2538-4
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Rothia

El género se presenta como cocos gram positivos, aunque también pueden aparecer como cocobacilos del tipo corineiforme.

Las especies del género clínicamente relevantes son *R. mucilaginosa* (originalmente *Stomatococcus mucilaginosus*), *R. dentocariosa* y *R. aeria*.

Forman parte de la flora normal de cavidad bucal y orofaringe en personas sanas, aunque las lesiones periodontales pueden constituir la vía para el desarrollo de una bacteriemia u otra enfermedad sistémica.

R. aeria ha sido asociado a endocarditis y sepsis; mientras que *Rothia mucilaginosa* ha causado meningitis y septicemia sobre todo en niños con enfermedades hematológicas.

Las colonias de *R. dentocariosa* suelen ser blanquecinas (o muy raramente negro grisáceas, adherentes), suaves o rugosas, o con forma de “rueda de carro”, y crecen mejor en atmósfera de CO₂. Esta especie es catalasa variable, inmóvil, reduce nitratos, hidroliza esculina, es ureasa negativa, y fermenta glucosa, maltosa y sacarosa, pero da negativa la lactosa, xilosa y manitol.

El API Coryne identifica correctamente la especie representativa del género: *Rothia dentocariosa* (PAL y Bgur positivas).

Las pruebas fenotípicas convencionales no logran la diferenciación entre *R. aeria* y *R. dentocariosa*, pero MALDI-TOF **sí** logra la identificación al nivel de especie.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 107. Traducción de especies de *Rothia* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>R. aeria</i>	SI	6
<i>R. aerolata</i>	NO	
<i>R. amarae</i>	SI	2
<i>R. dentocariosa</i>	SI	6
<i>R. endophytica</i>	SI	1
<i>R. mucilaginoso</i>	SI	9
<i>R. nasimurium</i>	SI	4
<i>R. terrae</i>	SI	4

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Crowe A, Ding NS, Yong E, Sheorey H, Waters MJ, Daffy J. *Rothia aeria* mitral valve endocarditis complicated by multiple mycotic aneurysms: laboratory identification expedited using MALDI-TOF MS. Infection 2014;42(2):419-23. doi: 10.1007/s15010-013-0532-x.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Nicodemo AC, Gonçalves LG, Odongo FC, Martino MD, Sampaio JL. *Rothia aeria* endocarditis in a patient with a bicuspid aortic valve: case report. Braz J Infect Dis 2014;18(5):561-4. doi: 10.1016/j.bjid.2014.05.001.
- SITIO WEB: www.antimicrobe.org

S

Salmonella

No existe suficiente experiencia de los LNR en el género.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 108. Traducción de especies de *Salmonella* spp.

Espece	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>Salmonella</i> sp. (<i>bongori</i>)	SI	2
<i>Salmonella</i> sp. (<i>choleraesuis</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Anatum</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Arizonae</i>)	SI	3
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Diarizonae</i>)	SI	2
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Dublin</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Enterica</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Gallinarum</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Hadar</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Houtenae</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Indica</i>)	SI	2
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Salamae</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enterica</i> st <i>Stanley</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>enteritidis</i>)	SI	1
<i>Salmonella</i> sp. (<i>typhimurium</i>)	SI	1

Serratia

No existe suficiente experiencia de los LNR en el género.

Se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 109. Traducción de especies de *Serratia* spp.

Espece	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. entomophila</i>	SI	1
<i>S. ficaria</i>	SI	1
<i>S. fonticola</i>	SI	10
<i>S. grimesii</i>	SI	1
<i>S. liquefaciens</i>	SI	9
<i>S. marcescens</i>	SI	6
<i>Serratia</i> spp. <i>marcescens</i>	SI	1
<i>Serratia</i> spp. <i>sakuensis</i>	SI	1
<i>S. odorifera</i>	SI	9
<i>S. plymuthica</i>	SI	6
<i>S. proteamaculans</i>	SI	1
<i>S. proteamaculans</i>	SI	1
<i>S. quinivorans</i>	SI	1
<i>S. rubidaea</i>	SI	7
<i>S. ureilytica</i>	SI	1

Shewanella

Se recomienda informar a nivel de género a partir de **score > 1,7**.

Shewanella spp. es el único género de los BGNNF que produce ácido sulfhídrico en el TSI.

Shewanella algae puede ser erróneamente identificada como *Shewanella putrefaciens*.

Aclaración: *S. algae*, representa la mayoría de los aislamientos humanos y *S. putrefaciens* representa la mayoría de los aislamientos no humanos.

Tabla 110. Pruebas bioquímicas para diferenciar especies de *Shewanella* spp.

Especie	Pigmento	Desarrollo en NaCl 6.5%	OF Fructosa	OF Sacarosa	OF Maltosa	Desarrollo en SS
<i>S. algae</i>	Tostado	+	-	-	-	+
<i>S. putrefaciens</i>	Tostado	-	V	+	+	-

Símbolos: V, variable.

La completa diferenciación de las especies del género se realiza mediante secuenciación de dianas genéticas específicas tales como: 16S ARNr, 16S-23S, 23S ARNr, *gyrB*, *rpoB*, *recA*.

Tabla 111. Traducción de especies de *Shewanella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. algae</i>	SI	1
<i>S. baltica</i>	SI	1
<i>S. fetalis</i>	SI	1
<i>S. fidelis</i>	SI	1
<i>S. frigidimarina</i>	SI	1
<i>S. profunda</i>	SI	1
<i>S. putrefaciens</i>	SI	4

Referencias:

- Manual de "Identificación de Bacilos Gram Negativos No Fermentadores de importancia clínica". Servicio Bacteriología Especial, Departamento Bacteriología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Anlis - "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires, Argentina.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Shigella

No existen perfiles proteicos de referencia en la Base de Datos comercial debido a su estrecha similitud con *Escherichia coli* (ver Anexo).

Se encuentra en desarrollo y validación una Base de Datos *in house* a cargo de los LNR.

Sphingobacterium

En evaluación.

Hasta el momento, se recomienda aplicar los criterios recomendados por el fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Se sugiere consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

Tabla 112. Traducción de especies de *Sphingobacterium* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. daejeonense</i>	SI	1
<i>S. faecium</i>	SI	1
<i>S. mizutaii</i>	SI	1
<i>S. multivorum</i>	SI	4
<i>S. spiritivorum</i>	SI	8
<i>S. thalpophilum</i>	SI	1

Referencias:

- Curso teórico-práctico “Identificación de Bacilos Gram Negativos No Fermentadores de importancia clínica”. Servicio Bacteriología Especial, Departamento Bacteriología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Anlis - “Dr. Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Sphingomonas

En evaluación.

Hasta el momento se sugiere informar a nivel de género a partir de **score > 1,7**.

S. paucimobilis es un bacilo gram negativo polimórfico, aerobio estricto, oxidasa positiva débil y catalasa positiva. Las colonias crecen en agar sangre pero no en agar MacConkey, y producen pigmento amarillo. Aunque posee un único flagelo polar, un bajo porcentaje de células son activamente móviles, y la motilidad puede ser difícil de demostrar en el laboratorio (de ahí el nombre *paucimobilis*). *Sphingomonas* puede ser erróneamente identificado por sistemas convencionales de identificación, pero suele ser correctamente identificado por MALDI-TOF.

MALDI-TOF no logra la identificación de *Sphingomonas oligophenolica*.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

Tabla 113. Traducción de especies de *Sphingomonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. abaci</i>	SI	1
<i>S. adhaesiva</i>	SI	1
<i>S. aerolata</i>	SI	1
<i>S. aquatilis</i>	SI	2
<i>S. asaccharolytica</i>	SI	1
<i>S. aurantiaca</i>	SI	3
<i>S. azotifigens</i>	SI	1
<i>S. desiccabilis</i>	SI	1
<i>S. dokdonensis</i>	SI	1
<i>S. echinoides</i>	SI	4
<i>S. faeni</i>	SI	1
<i>S. haloaromaticamans</i>	SI	1
<i>S. koreensis</i>	SI	2
<i>S. leidyi</i>	SI	3
<i>S. mali</i>	SI	1
<i>S. melonis</i>	SI	1
<i>S. molluscorum</i>	SI	1
<i>S. mucosissima</i>	SI	2
<i>S. panni</i>	SI	1
<i>S. parapaucimobilis</i>	SI	1
<i>S. paucimobilis</i>	SI	10
<i>S. phyllosphaerae</i>	SI	1
<i>S. pituitasa</i>	SI	1
<i>S. pruni</i>	SI	1

<i>S. pseudosanguinis</i>	SI	2
<i>S. sanguinis</i>	SI	2
<i>S. soli</i>	SI	1
<i>Sphingomonas</i> sp.	SI	7
<i>S. trueperi</i>	SI	2
<i>S. wittichii</i>	SI	2
<i>S. yabuuchiae</i>	SI	2
<i>S. yunnanensis</i>	SI	1

Referencias:

- Manual de "Identificación de Bacilos Gram Negativos No Fermentadores de importancia clínica". Servicio Bacteriología Especial, Departamento Bacteriología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Anlis - "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires, Argentina.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Risch M, Radjenovic D, Han JN, Wydler M, Nydegger U, Risch L. Comparison of MALDI TOF with conventional identification of clinically relevant bacteria. Swiss Med Wkly 2010;140:w13095. doi: 10.4414/smw.2010.13095.

Staphylococcus

Se sugiere utilizar un método de extracción directa (con 1 µl de ácido fórmico al 70 %) y considerar los siguientes valores de corte:

SCORE ≥1,7 = identificación correcta a nivel de especie

SCORE 1,5-1,7 = identificación correcta a nivel de género

SCORE <1,5 = identificación no confiable

Tabla 114. Especies de *Staphylococcus* spp. incluidas en la Base de Datos Biotyper software 3.1 (Bruker Daltonics)

ID por MALDI TOF	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	INFORMAR	Observaciones	Referencias
<i>S. chromogenes</i>	SI	1	SI	Aislado de animales de pezuñas hendidas o partidas (artiodáctilos): ovejas, cabras, venados, camellos, ganado vacuno y cerdos). Produce mastitis bovina.	
<i>S. arlettae</i>	SI	3	SI (habitualmente se obtiene ID no confiable, independientemente del score usado)	Especie de <u>ECN</u> <u>Novobiocina R</u> aislada de animales	Han <i>et al.</i> 2015; Ayeni <i>et al.</i> 2017
<i>S. aureus</i>	SI	14	SI		
<i>S. auricularis</i>	SI	6	SI	Identificación solo a nivel de género	Han <i>et al.</i> 2015
<i>S. capitis</i> ssp <i>capitis</i>	SI	6	SI	Discrimina a nivel de subespecie	Zhu <i>et al.</i> 2015
<i>S. capitis</i> ssp <i>ureolyticus</i>	SI	1	SI	Discrimina a nivel de subespecie	Zhu <i>et al.</i> 2015
<i>S. caprae</i>	SI	8	SI	Especie aislada de leche de cabra. Patógeno emergente en infecciones humanas (osteoarticulares, endocarditis, etc)	Seng <i>et al.</i> 2014; Kwok <i>et al.</i> 2016
<i>S. carnosus</i> ssp <i>carnosus</i>	SI	1	SI (por lo menos a nivel de	Los distintos trabajos no especifican si	

			especie)	discrimina a nivel de subespecie	
<i>S. carnosus</i> ssp <i>utilis</i>	SI	2	SI (por lo menos a nivel de especie)	Los distintos trabajos no especifican si discrimina a nivel de subespecie	
<i>S. cohnii</i> ssp <i>cohnii</i>	SI	4	SI	Discrimina a nivel de subespecie. Especie de <u>ECN Novobiocina R</u>	Zhu <i>et al.</i> 2015
<i>S. cohnii</i> ssp <i>urealyticus</i>	SI	2	SI	Discrimina a nivel de subespecie. Especie de <u>ECN Novobiocina R</u>	Zhu <i>et al.</i> 2015
<i>S. condimentii</i>	SI	2	SI	Aislado de muestras de alimentos (salsa de soja). También aislado de infecciones humanas (bacteriemia asociada a catéter)	Misawa <i>et al.</i> 2014
<i>S. delphini</i>	SI	19	SI	Especie coagulasa positiva, aislada de delfines y de caballos. Forma parte del grupo <i>S. intermedius</i> (<u>SIG</u>) junto con <i>S. intermedius</i> y <i>S. pseudointermedius</i>	Han <i>et al.</i> 2015; Silva <i>et al.</i> 2015; Decristophoris <i>et al.</i> 2011
<i>S. epidermidis</i>	SI	10	SI		
<i>S. equorum</i>	SI	4	SI	Especie de <u>ECN Novobiocina R</u> aislada de animales	
<i>S. felis</i>	SI	8	SI	Especie aislada de muestras clínicas de gatos	
<i>S. fleurettii</i>	SI	1	Da scores bajos	Usando >2 (para especie) solo discrimina a nivel de género.	Han <i>et al.</i> 2015

				Usando >1,7 (para especie) ID incorrecta como <i>S. sciuri</i> . Especie <u>Novobiocina Resistente</u>	
<i>S. gallinarum</i>	SI	5	ND	Especie de <u>ECN Novobiocina R</u> aislado de animales	
<i>S. haemolyticus</i>	SI	12	SI		
<i>S. hominis</i> ssp <i>hominis</i>	SI	6	SI	Discrimina a nivel de subespecie	Zhu <i>et al.</i> 2015
<i>S. hominis</i> ssp <i>novobiosepticus</i>	SI	1	SI	Discrimina a nivel de subespecie. <u>Novobiocina R</u>	Zhu 2015
<i>S. hyicus</i>	SI	2	SI	Especie coagulasa variable aislada de cerdos	
<i>S. intermedius</i>	SI	12	SI	ID correcta a nivel de especie, independientemente el score usado. Especie coagulasa positiva, aislada de palomas. Forma parte del grupo <i>S. intermedius</i> (<u>SIG</u>) junto con <i>S. delphini</i> y <i>S. pseudointermedius</i>	Han <i>et al.</i> 2015; Silva <i>et al.</i> 2015; Decristophoris <i>et al.</i> 2011
<i>S. kloosii</i>	SI	4	SI	Especie de <u>ECN Novobiocina R</u> aislada de animales	
<i>S. lentus</i>	SI	9	SI	Ex <i>Staphylococcus sciuri</i> ssp <i>lentus</i> . Especie de <u>ECN Novobiocina R</u>	
<i>S. lugdunensis</i>	SI	7	SI		
<i>S. lutrae</i>	SI	6	SI	Especie coagulasa positiva aislada de nutrias	

<i>S. microti</i>	SI	4	ND	Espece aislada de <i>Microtus arvalis</i> (una especie de roedor de la familia <i>Cricetidae</i> ampliamente distribuido por Europa y algunas zonas de Asia). <u>Espece Novobiocina R</u>	
<i>S. muscae</i>	SI	1	SI	Espece aislada de moscas	
<i>S. nepalensis</i>	SI	5	SI	Espece aislada de cabras del Himalaya. <u>Novobiocina R</u>	
<i>S. pasteurii</i>	SI	8	SI	Espece aislada de muestras humanas, animales y alimentos. Su nombre es en honor al microbiólogo francés Louis Pasteur por su contribución en 1878 al reconocimiento de estafilococos como agentes patógenos y también al instituto de investigación Instituto Pasteur, París, Francia, donde se caracterizó la nueva especie	
<i>S. pettenkoferi</i>	SI	6	SI	Espece de ECN aislada de muestras humanas	Trulzsch <i>et al.</i> 2002
<i>S. piscifermentans</i>	SI	2	SI	Espece de ECN aislada de pescado fermentado en Tailandia	Tanasupawat <i>et al.</i> 1992
<i>S. pseudointermedius</i>	SI	5	NO (Solo informar como grupo <i>Staphylococcus</i>)	ID incorrecta como <i>S. intermedius</i> independientemente	Han <i>et al.</i> 2015; Silva <i>et al.</i>

			<i>intermedius</i>): <u>SIG</u>	del score usado. Especie coagulasa positiva, aislada de perros y gatos domésticos. Forma parte del grupo <i>S. intermedius</i> (<u>SIG</u>) junto con <i>S. intermedius</i> y <i>S. delphini</i>	2015; Murugaiyan <i>et al.</i> 2014; Devriese <i>et al.</i> 2005
<i>S. saccharolyticus</i>	SI	5	SI	Especie anaerobia de <i>Staphylococcus</i> . Anteriormente clasificado como <i>Peptococcus saccharolyticus</i>	Young <i>et al.</i> 2017
<i>S. saprophyticus</i> ssp <i>bovis</i>	SI	1	SI (por lo menos a nivel de especie)	Los trabajos no especifican si discrimina a nivel de subsp. Esta subsp es de aislamiento animal (fosas nasales bovinas). <u>Novobiocina R</u>	
<i>S. saprophyticus</i> ssp <i>saprophyticus</i>	SI	9	SI (por lo menos a nivel de especie)	Los trabajos no especifican si discrimina a nivel de subespecie. <u>Novobiocina R</u>	
<i>S. schleiferi</i> ssp <i>coagulans</i>	SI	3	SI	Especie coagulasa positiva	
<i>S. schleiferi</i> ssp <i>schleiferi</i>	SI	4	SI		
<i>S. sciuri</i> ssp <i>carnaticus</i>	SI	2	SI (por lo menos a nivel de especie)	<u>Novobiocina R.</u> Los trabajos no especifican si discrimina a nivel de subsp.	
<i>S. sciuri</i> ssp <i>rodentium</i>	SI	2	SI (por lo menos a nivel de especie)	<u>Novobiocina R.</u> Los trabajos no especifican si	

				discrimina a nivel de subsp	
<i>S. sciuri</i> ssp <i>sciuri</i>	SI	4	SI	<u>Novobiocina R.</u>	
<i>S. simiae</i>	SI	4	SI	Especie aislada de monos ardilla de América del Sur	
<i>S. simulans</i>	SI	9	SI	Denominado como tal por su similitud con ciertas especies de estafilococos coagulasa positiva (incluyendo <i>S. aureus</i>)	
<i>S. succinus</i> ssp <i>casei</i>	SI	1	SI (por lo menos a nivel de especie)	Los trabajos no especifican si discrimina a nivel de subsp. Especie aislada de la superficie del queso madurado. <u>Novobiocina R.</u>	
<i>S. succinus</i> ssp <i>succinus</i>	SI	1	SI (por lo menos a nivel de especie)	Los trabajos no especifican si discrimina a nivel de subsp. Especie <u>Novobiocina R.</u> , aislada de ámbar dominicano.	
<i>S. vitulinus</i>	SI	6	SI	Nombre actual de <i>S. pulvereri</i> . <u>Novobiocina R.</u>	Švec <i>et al.</i> 2004
<i>S. warneri</i>	SI	7	SI	Su nombre es en honor a Arthur Warner, quien originalmente aisló este microorganismo.	
<i>S. xylosus</i>	SI	7	SI	<u>Novobiocina R</u>	

Especies de *Staphylococcus* spp. **NO** incluidas en la Base de Datos de Bruker:

1) De aislamiento animal o del ambiente:

Staphylococcus agnetis (Taponen *et al.* 2012, sp. nov.). Especie coagulasa variable aislada de leche bovina.

Staphylococcus argensis (Heß and Gallert 2015, sp. nov.)

***Staphylococcus caseolyticus* (ex Evans 1916)** Schleifer *et al.* 1982, nom. rev., comb. nov. (Actualmente: *Macrococcus caseolyticus* (Schleifer *et al.* 1982) Kloos *et al.* 1998, comb. nov.)

Staphylococcus edaphicus (Pantůček *et al.* 2018, sp. nov.)

Staphylococcus rostri (Riesen and Perreten 2010, sp. nov.). Aislado de las narinas de cerdos sanos (Riesen *et al.*, 2010).

Staphylococcus schweitzeri (Tong *et al.* 2015, sp. nov.). Forma parte del complejo *Staphylococcus aureus* pero se lo ha aislado de primates NO humanos (Tong *et al.*, 2015)

Staphylococcus stepanovicii (Hauschild *et al.* 2012, sp. nov.). Especie Novobiocina R y Oxidasa positiva aislada de ciertos pequeños mamíferos salvajes (Hauschild *et al.*, 2010).

2) De aislamiento humano:

Staphylococcus argenteus (Tong *et al.* 2015, sp. nov.) Es una especie del complejo *Staphylococcus aureus*, patógeno emergente en infecciones osteoarticulares, identificado por MALDI-TOF con valores de score de 1,39 a 1,87 como *S. aureus*, *S. simiae* o *S. epidermidis* (Rigaill *et al.*, 2017)

Staphylococcus jettensis (De Bel *et al.* 2013, sp. nov.)

Staphylococcus massiliensis (Al Masalma *et al.* 2010, sp. nov.) Aislado de absceso de cerebro (Al Masalma *et al.*, 2010).

Staphylococcus petrasii (Pantůček *et al.* 2013, sp. nov.) Aislado de infecciones óticas (Pantucek *et al.*, 2013).

Referencias:

- Al Masalma M, Raoult D, Roux V. *Staphylococcus massiliensis* sp. nov., isolated from a human brain abscess. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010;60(5):1066-1072. doi: 10.1099/ijs.0.006486-0.
- Ayeni FA, Andersen C, Nørskov-Lauritsen N. Comparison of growth on mannitol salt agar, matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass

- spectrometry, VITEK® 2 with partial sequencing of 16S rRNA gene for identification of coagulase-negative staphylococci. *Microb Pathog* 2017;105:255-259. doi: 10.1016/j.micpath.2017.02.034.
- Decristophoris P, Fasola A, Benagli C, Tonolla M, Petrini O. Identification of *Staphylococcus intermedius* Group by MALDI-TOF MS. *Syst Appl Microbiol* 2011;34(1):45-51. doi: 10.1016/j.syapm.2010.
 - Devriese LA, Vancanneyt M, Baele M, Vaneechoutte M, De Graef E, Snauwaert C, Cleenwerck I, Dawyndt P, Swings J, Decostere A, Haesebrouck F. *Staphylococcus pseudintermedius* sp. nov., a coagulase-positive species from animals. *Int J Syst Evol Microbiol* 2005;55(4):1569-1573. doi: 10.1099/ijs.0.63413-0.
 - Han HW, Chang HC, Hunag AH, Chang TC. Optimization of the score cutoff value for routine identification of *Staphylococcus* species by matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2015;83:349-54. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2015.08.003.
 - Hauschild T, Stepanović S, Zakrzewska-Czerwińska J. *Staphylococcus stepanovicii* sp. nov., a novel novobiocin-resistant oxidase-positive staphylococcal species isolated from wild small mammals. *Syst Appl Microbiol* 2010;33(4):183-187. doi: 10.1016/j.syapm.2010.03.004.
 - Kwok TC, Poyner J, Olson E, Henriksen P, Koch O. *Staphylococcus caprae* native mitral valve infective endocarditis. *JMM Case Rep* 2016;3(5):e005065. doi: 10.1099/jmmcr.0.005065.
 - Misawa Y, Yoshida A, Okugawa S, Moriya K. First reported case of *Staphylococcus condimenti* infection associated with catheter-related bacteraemia. *New Microbes New Infect* 2014;3:18-20. doi: 10.1016/j.nmni.2014.10.002.
 - Murugaiyan J, Walther B, Stamm I, Abou-Elnaga Y, Brueggemann-Schwarze S, Vincze S, Wieler LH, Lübke-Becker A, Semmler T, Roesler U. Species differentiation within the *Staphylococcus intermedius* group using a refined MALDI-TOF MS database. *Clin Microbiol Infect* 2014;20(10):1007-15. doi: 10.1111/1469-0691.12662.
 - Pantůček R, Švec P, Dajcs JJ, Machová I, Černošková J, Šedo O, Gelbíčová T, Mašlaňová I, Doškař J, Zdráhal Z, Růžičková V, Sedláček I. *Staphylococcus petrasii* sp. nov. including *S. petrasii* subsp. *petrasii* subsp. nov. and *S. petrasii* subsp. *croceilyticus* subsp. nov., isolated from human clinical specimens and human ear infections. *Syst Appl Microbiol* 2013;36(2):90-95. doi: 10.1016/j.syapm.2012.11.004.
 - Richter C, Hollstein S, Woloszyn J, Kaase M, Gattermann SG, Szabados F. Evaluation of species-specific score cut-off values for various *Staphylococcus* species using a MALDI Biotyper-based identification. *J Med Microbiol* 2012;61(10):1409-16. doi: 10.1099/jmm.0.042606-0.

- Riesen A, Perreten V. *Staphylococcus rostri* sp. nov., a haemolytic bacterium isolated from the noses of healthy pigs. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010;60(9):2042-2047. doi: 10.1099/ijs.0.012443-0.
- Rigai J, Grattard F, Grange S, Forest F, Haddad E, Carricajo A, Tristan A, Laurent F, Botelho-Nevers E, Verhoeven PO. Community-Acquired *Staphylococcus argenteus* Sequence Type 2250 Bone and Joint Infection, France, 2017. *Emerg Infect Dis* 2018;24(10):1958-1961. doi: 10.3201/eid2410.180727.
- Seng P, Barbe M, Pinelli PO, Gouriet F, Drancourt M, Minebois A, Cellier N, Lechiche C, Asencio G, Lavigne JP, Sotto A, Stein A. *Staphylococcus caprae* bone and joint infections: a re-emerging infection? *Clin Microbiol Infect* 2014;20(12):O1052-8. doi: 10.1111/1469-0691.12743.
- Silva MB, Ferreira FA, Garcia LN, Silva-Carvalho MC, Botelho LA, Figueiredo AM, Vieira-da-Motta O. An evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry for the identification of *Staphylococcus pseudintermedius* isolates from canine infections. *J Vet Diagn Invest* 2015;27(2):231-5. doi: 10.1177/1040638715573297.
- Švec P, Vancanneyt M, Sedláček I, Engelbeen K, Štetina V, Swings J, Petráš P. Reclassification of *Staphylococcus pulvereri* Zakrzewska-Czerwińska *et al.* 1995 as a later synonym of *Staphylococcus vitulinus* Webster *et al.* 1994. *Int J Syst Evol Microbiol* 2004;54(6):2213-2215. doi: 10.1099/ijs.0.63080-0.
- Tanasupawat S, Hashimoto Y, Ezaki T, Kozaki M, Komagata K. *Staphylococcus piscifermentans* sp. nov., from fermented fish in Thailand. *Int J Syst Bacteriol* 1992;42(4):577-581. doi: 10.1099/00207713-42-4-577.
- Tong SY, Schaumburg F, Ellington MJ, Corander J, Pichon B, Leendertz F, Bentley SD, Parkhill J, Holt DC, Peters G, Giffard PM. Novel staphylococcal species that form part of a *Staphylococcus aureus*-related complex: the non-pigmented *Staphylococcus argenteus* sp. nov. and the non-human primate-associated *Staphylococcus schweitzeri* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2015;65(1):15-22. doi: 10.1099/ijs.0.062752-0.
- Trulzsch K, Rinder H, Troek J, Bader L, Wilhelm U, Heesemann J. "*Staphylococcus pettenkoferi*," a novel staphylococcal species isolated from clinical specimens. *Diagn Microbiol Infect. Dis* 2002;43(3):175-82.
- Young N, Bhally H. Bilateral Neck Pyomyositis Caused by *Staphylococcus capitis* and *Staphylococcus saccharolyticus* in a Diabetic Adult. *Case Rep Infect Dis* 2017;2017:3713212. <https://doi.org/10.1155/2017/3713212>.
- Zhu W, Sieradzki K, Albrecht V, McAllister S, Lin W, Stuchlik O, Limbago B, Pohl J, Kamile Rasheed J. Evaluation of the Biotyper MALDI-TOF MS system for identification of *Staphylococcus* species. *J Microbiol Methods* 2015;117:14-7. doi: 10.1016/j.mimet.2015.07.014.

Maldi Tof y estafilococos

216 aislados de Estafilococos

ID Fenotipia convencional/ 16 s cuando hubo discrepancias

177 Score > 2 (84,7 %)

32 Score > 1,7 > 2 (13,3%)

Total con score > 1,7 : 96,8 %

La distribución de scores más bajos es dependiente de la especie:



~ 5% *S. epidermidis* y *S. aureus*

100% *S. cohnii*

75% *S. sciuri*

60% *S. caprae*

Journal of Microbiological Methods 117 (2015) 16–21

Contents lists available at ScienceDirect

Journal of Microbiological Methods

journal homepage: www.elsevier.com/locate/jmicmeth

Evaluation of the Biotyper MALDI-TOF MS system for identification of *Staphylococcus* species^a

Wenming Zhu^{a*}, Krzysztof Sieradzki^b, Valerie Albrecht^a, Sigrid McAllister^a, Wen Lin^a, Olga Stuchlik^b, Brandi Limbago^a, Jan Pohl^b, J. Kamile Rashood^a

^a Division of Healthcare Quality Promotion, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road NE, Atlanta, GA 30333, United States

^b Division of Scientific Resources, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road NE, Atlanta, GA, United States

Graphical abstract

IMP Discrimina correctamente *S. lugdunensis*!!

Malditof en Estafilococos coagulasa positivos:

S. aureus, Complejo *S. intermedius*, *S. hyicus*, *S. chromogenes* y *S. schleiferii* ss *coagulans*.

Secuenciación del gen *pta*

5 aislados de *S. pseudintermedius*

(3 inf asociadas Prótesis-Implantes osteoarticulares, 1 NAC, IPPB por mordedura de perro)

Fenotipo: No diferenció

S. intermedius –*pseudintermedius*, si de *S. aureus*

2 fueron coagulasa negativos!!!

Vitek: en 2 cepas: 1 *S. pseudintermedius*, 1 *S. intermedius*

Maldi-tof (bruker) No discrimina *S. intermedius*-*S. pseudintermedius* (score > 1,7-<1,9)

S. pseudintermedius puede ser identificado erróneamente como *S. intermedius*.

Usando como método patrón la sec de 4 genes



Article published online: 8 May 2014

Clin Microbiol Infect 2014; 20: 1007–1015

10.1111/1469-0691.12662

Recomendación: Informar grupo INTERMEDIUS

ORIGINAL ARTICLE

BACTERIOLOGY

Species differentiation within the *Staphylococcus intermedius* group using a refined MALDI-TOF MS database

J. Haragopal^{1,2}, R. Walker^{1,2}, J. Gowan¹, Y. Abu-Elzein¹, S. Bruggemann-Ehmann¹, S. Kocou¹, L. H. Walter¹, A. Lillis-Baker¹, T. Brennan¹ and G. Bender¹

¹ Institute of Human Infection and Environmental Health, Centre for Infection Medicine, Penn University, Leeds, UK; ² Institute of Microbiology and Genetics, Centre for Infection Medicine, Penn University, Leeds, UK; ³ The Royal Victoria Infirmary, Division of Bacteriology, Leeds, UK

Stenotrophomonas

S. maltophilia, aunque no es típicamente patógena para personas sanas, es un patógeno oportunista bien conocido para el hombre. Está dentro de las causas más comunes de infección de herida debido a traumas que involucran maquinaria agrícola. Es también un importante patógeno nosocomial asociado a alta morbilidad y mortalidad, particularmente en pacientes debilitados o inmunocomprometidos, y pacientes que requieren ventilación artificial en UCI. La incidencia de infecciones humanas ha aumentado en los últimos años, y una variedad de síndromes clínicos han sido descritos, incluyendo bacteriemia, neumonía, infección del tracto urinario, infección ocular, endocarditis, meningitis, infección de herida y partes blandas, mastoiditis, epididimitis, colangitis, osteocondritis, bursitis y peritonitis. La septicemia puede estar acompañada por ectima gangrenosa, una lesión de piel más comúnmente asociada con *P. aeruginosa* y *Vibrio* spp. La incidencia de infección del tracto respiratorio por *S. maltophilia* en personas con fibrosis quística también parece ir en aumento.

No se logra discriminación entre las especies del género, que suelen arrojar bajos valores de score.

Informar a nivel de género con valore de **score > 1,7**.

Por otra parte, MALDI-TOF puede identificar erróneamente *Stenotrophomonas maltophilia* como especies de *Pseudomonas*, por lo que ante la sospecha, se sugiere agregar las siguientes pruebas fenotípicas características del género:

Oxidación de glucosa y maltosa (intensa), DNAsa, Lisina Decarboxilasa, movilidad: todas arrojan resultado positivo.

Tabla 115. Traducción de especies de *Stenotrophomonas* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. acidaminiphila</i>	SI	1
<i>S. maltophilia</i> (<i>Pseudomonas beteli</i>)	SI	1
<i>S. maltophilia</i> (<i>Pseudomonas geniculata</i>)	SI	1
<i>S. maltophilia</i> (<i>Pseudomonas hibiscicola</i>)	SI	1
<i>S. maltophilia</i>	SI	7
<i>S. nitritireducens</i>	SI	1
<i>S. rhizophila</i>	SI	1
<i>Strenotrophomonas</i> sp.	SI	1

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Streptococcus

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

MALDI-TOF puede identificar erróneamente *Streptococcus mitis* como *Streptococcus pneumoniae* y viceversa. Se debe realizar la prueba de solubilidad en bilis y optoquina (en O₂ y con 5% de CO₂).

No diferencia *S. pneumoniae* de *S. pseudopneumoniae*: realizar la prueba de la Optoquina en O₂ y CO₂.

No diferencia entre especies del grupo *mitis* (menos del 10% de divergencia): informar como grupo *mitis*.

Streptococcus mitis / suis: PCR específica.

MALDI-TOF identifica correctamente las especies de *Streptococcus pyogenes*.

Pruebas adicionales:

- *Streptococcus* Beta hemolíticos: Bacitracina, PYR, CAMP, serología, VP, Sorbitol, Trehalosa.

Se recomienda consultar el Anexo para la identificación microbiológica mediante pruebas fenotípicas.

***Streptococcus* grupo *viridans*. Se deben informar a nivel de GRUPO, los siguientes:**

<i>Streptococcus</i> grupo <i>mitis</i>	<i>S. mitis</i>
	<i>S. sanguinis</i>
	<i>S. parasanguinis</i>
	<i>S. gordonii</i>
	<i>S. cristatus</i>
	<i>S. oralis</i>
	<i>S. infantis</i>
	<i>S. peroris</i>
	<i>S. australis</i>
	<i>S. oligofermentans</i>
	<i>S. massiliensis</i>
	<i>S. sinensis</i>
	<i>S. orisratti</i>
	<i>S. pseudopneumoniae</i>
	<i>S. pneumoniae</i>
<i>S. tigurinus</i>	
<i>S. lactarius</i>	

Streptococcus grupo anginosus	<i>S. anginosus</i>
	<i>S. constellatus</i>
	<i>S. intermedius</i>

Streptococcus grupo salivarius	<i>S. salivarius</i>
	<i>S. vestibularis</i>
	<i>S. thermophilus</i>

Streptococcus grupo mutans	<i>S. mutans</i>
	<i>S. sobrinus</i>
	<i>S. cricetti</i>
	<i>S. rattii</i>
	<i>S. downei</i>

Se pueden informar al nivel de **ESPECIE** los siguientes:

Streptococcus grupo bovis	<i>S. lutetiensis</i>	Informar a nivel de especie
	<i>S. equinus</i>	Confirmar con genes <i>rpoB</i> y <i>sodA</i>
	<i>S. gallolyticus</i> ss <i>gallolyticus</i>	Informar a nivel de especie
	<i>S. gallolyticus</i> ss <i>pasteurianus</i>	Informar a nivel de especie
	<i>S. infantarius</i>	Informar a nivel de grupo

Tabla 116. Traducción de especies de *Streptococcus* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. acidominimus</i>	SI	1
<i>S. agalactiae</i>	SI	9
<i>S. alactoyticus</i>	SI	6
<i>S. anginosus</i>	SI	9
<i>S. australis</i>	SI	1
<i>S. caballii</i>	SI	1
<i>S. canis</i>	SI	11
<i>S. constellatus</i>	SI	6
<i>S. costoreus</i>	SI	1
<i>S. criceti</i>	SI	4
<i>S. cristatus</i>	SI	2
<i>S. dentirousetti</i>	SI	1
<i>S. devriesei</i>	SI	2
<i>S. didelphis</i>	SI	1
<i>S. downey</i>	SI	1
<i>S. dysgalactiae</i>	SI	8
<i>S. entericus</i>	SI	1
<i>Streptococcus equi spp ruminatorum</i>	SI	1
<i>Streptococcus equi spp zooepidemicus</i>	SI	7
<i>S. equinus</i>	SI	2
<i>S. ferus</i>	SI	1
<i>S. gallalyticus</i>	SI	2
<i>Streptococcus gallalyticus ssp gallalyticus</i>	SI	2

<i>Streptococcus gallalyticus ssp macedoneces</i>	SI	2
<i>Streptococcus gallalyticus ssp pasteurianus</i>	SI	6
<i>S. gallinaceus</i>	SI	1
<i>S. gordonii</i>	SI	3
<i>S. halichoeri</i>	SI	1
<i>S. henryi</i>	SI	1
<i>S. hyointestinalis</i>	SI	2
<i>S. hyovaginalis</i>	SI	2
<i>S. inaiae</i>	SI	1
<i>S. infantarius</i>	SI	1
<i>S. infantis</i>	SI	7
<i>S. intemedius</i>	SI	6
<i>S. lutetiensis</i>	SI	6
<i>S. macacae</i>	SI	1
<i>S. marimammalium</i>	SI	1
<i>S. massiliensis</i>	SI	1
<i>S. merionis</i>	SI	1
<i>S. minor</i>	SI	3
<i>S. mitis</i>	SI	39
<i>S. mutans</i>	SI	2
<i>S. oralis</i>	SI	38
<i>S. orisratti</i>	SI	1
<i>S. orisurs</i>	SI	1
<i>S. ovis</i>	SI	1
<i>S. parasanguinis</i>	SI	10

<i>S. parauheris</i>	SI	2
<i>S. peroris</i>	SI	2
<i>S. phocae</i>	SI	2
<i>S. pleomorphus</i>	SI	7
<i>S. pluronimalium</i>	SI	1
<i>S. pneumoniae</i>	SI	1
<i>S. porcinus</i>	SI	6
<i>S. pseudopneumoniae</i>	SI	6
<i>S. pyogenes</i>	SI	8
<i>S. rattii</i>	SI	2
<i>S. salivarius</i>	SI	5
<i>Streptococcus salivarius spp salivarius</i>	SI	1
<i>Streptococcus salivarius spp thermophilus</i>	SI	8
<i>S. sanguinis</i>	SI	11
<i>S. sinensis</i>	SI	1
<i>S. sobrinus</i>	SI	7
<i>Streptococcus sp.</i>	SI	2
<i>Streptococcus ssp equi</i>	SI	11
<i>S. suis</i>	SI	9
<i>S. thoralensis</i>	SI	2
<i>S. uberis</i>	SI	6
<i>S. urinalis</i>	SI	2
<i>S. vestibularis</i>	SI	9

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Manual de procedimientos para la identificación de Cocos Gram Positivos Catalasa Negativa. Servicio Bacteriología Especial, Departamento Bacteriología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas ANLIS - “Dr. Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina. Edición 2015.

Streptomyces

La taxonomía del género, compuesto por más de 525 especies y subespecies, continúa siendo problemática. Muchas de estas especies han sido patentadas debido a que los productos que sintetizan son usados con fines comerciales.

Hasta el momento, la secuenciación del gen 16S ARNr y del gen *secA*, permite distinguir entre las especies más frecuentes de *Nocardia* y *Gordonia* / *Streptomyces* / *Tsukamurella*.

Pueden causar enfermedad en pacientes inmunocomprometidos y raramente en individuos sanos, siendo la más común el micetoma cuyo agente etiológico suele ser *Streptomyces somaliensis*.

Existen algunos reportes que implican otras especies del género como patógenos oportunistas. Debido al gran número de especies descritas de *Streptomyces*, y la falta de información sobre el impacto clínico de muchas de ellas, la identificación a nivel de género es probablemente suficiente en la mayoría de los casos.

En un estudio sobre la susceptibilidad de 92 especies de *Streptomyces* de aislados clínicos, 100% fueron sensibles a amikacina y linezolid, 77% a minociclina, 67% a imipenem y 51% a claritromicina y amoxicilina-ácido clavulánico.

Micobacterias, *Nocardia* y Actinomicetes aeróbicos constituyen un desafío diagnóstico debido a la compleja pared celular que poseen, por lo que pueden requerir un procesamiento especial previo al análisis por MALDI-TOF para obtener resultados más precisos.

En base a la experiencia de los laboratorios de referencia, hay necesidad de aumentar los perfiles representativos para este grupo de microorganismos en la base de datos comercial. Por otra parte, debido a las características de la pared celular, suelen obtenerse no identificaciones o bajos valores de score mediante MALDI-TOF, por lo que se recomienda seguir los siguientes pasos:

- a) sembrar la muestra por el método directo,
- b) sembrar la muestra con el posterior agregado de 1ul de ácido fórmico al pocillo,
- c) cubrir la muestra con 2ul de matriz HCCA,

d) sembrar la muestra por el método directo, pero partiendo de placas envejecidas, sembradas con varios días de anterioridad,

e) de no obtenerse el resultado esperado, se deberá realizar el proceso de extracción con etanol y ácido fórmico. También se puede ensayar el proceso de extracción con perlas, para Actinomicetales recomendado por el fabricante.

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score $\geq 1,7$** .

Tabla 117. Traducción de especies de *Streptomyces* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>S. albus</i>	SI	1
<i>S. bikiniensis</i>	NO	
<i>S. cinereoruber</i>	NO	
<i>S. griseus</i>	SI	1
<i>S. somaliensis</i>	NO	

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

T

Terribacillus

Las especies del género son *T. aidingensis*, *T. goriensis*, *T. halophilus*, *T. saccharophilus*. Las mismas suelen ser ambientales y no revisten importancia clínica.

En nuestra experiencia, *Terribacillus goriensis* / *saccharophilus* (identificado mediante Biología Molecular), puede ser identificado por MALDI-TOF como *Brevibacillus brevis* con valor de score > 2.

No existen perfiles proteicos de referencia para *Terribacillus* spp. en las bases de datos comerciales actuales.

Referencias:

- An SY, Asahara M, Goto K, Kasai H, Yokota A. *Terribacillus saccharophilus* gen. nov., sp. nov. and *Terribacillus halophilus* sp. nov., spore-forming bacteria isolated from field soil in Japan. *Int J Syst Evol Microbiol* 2007;57(1):51-55. doi: 10.1099/ijs.0.64340-0.
- Krishnamurthi S, Chakrabarti T. Proposal for transfer of *Pelagibacillus goriensis* Kim et al. 2007 to the genus *Terribacillus* as *Terribacillus goriensis* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2008;58(10):2287-2291. doi: 10.1099/ijs.0.65579-0.
- Liu W, Jiang L, Guo C, Yang SS. *Terribacillus aidingensis* sp. nov., a moderately halophilic bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010;60(12):2940-2945. doi: 10.1099/ijs.0.017228-0.

Tetragenococcus solitarius

Se desconoce su rol para causar infección en el humano.

Existe un único MSP en la Base de Datos comercial Maldi Biotyper 3.1.

Trueperella

El género comprende cinco especies, de las cuales *Trueperella pyogenes* y *Trueperella bernardiae* (*Arcanobacterium bernardiae* hasta el año 2011), pueden ser

aisladas a partir de especímenes clínicos, más frecuentemente infecciones de piel y abscesos.

Las especies de *Arcanobacterium* son CAMP / CAMP reverso positivo, mientras que *Trueperella* arroja resultado negativo.

T. pyogenes es patógeno veterinario y raramente causa infección en el humano. Es la única especie de *Arcanobacteria* / *Trueperella* de importancia clínica, con actividad Beta Glucuronidasa y Fermentación de Xilosa positivas.

T. bernardiae reduce Maltosa y Glucosa.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE <1,5 = no identifica

Tabla 118. Traducción de especies de *Trueperella* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>T. abortisius</i>	SI	4
<i>T. bernardiae</i>	SI	10
<i>T. pyogenes</i>	SI	9

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Clark AE, Kaleta EJ, Arora A, Wolk DM. Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry: a Fundamental Shift in the Routine Practice of Clinical Microbiology. Clin Microbiol Rev 2013;26(3):547–603. doi: 10.1128/CMR.00072-12.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

Tsukamurella

La composición química característica de su pared celular la separa del resto de los Actinomycetales. La especie tipo del género es *Tsukamurella paurometabola* (originalmente *Corynebacterium paurometabolum*), seguida de doce especies.

Las infecciones suelen estar asociadas a cuerpos extraños, como catéteres intravenosos.

T. tyrosinosolvans ha estado implicada en casos de queratitis, bacteriemia, infección asociada a catéter.

Liu y colaboradores, reportaron los datos de sensibilidad para *T. tyrosinosolvans*, *T. spumae* y *T. pulmonis* usando un corto período de incubación (las normas del CLSI siguen indicando la lectura a las 48 horas), resultando las tres especies sensibles a Amoxicilina-Ácido clavulánico, Ciprofloxacina y Linezolid.

T. tyrosinosolvans y *T. spumae* fueron sensibles a sulfametoxazol, y *T. pulmonis* fue reportada como resistente.

Tabla 119. Traducción de especies de *Tsukamurella* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>T. hongkongensis</i>	NO	
<i>T. inchonensis</i>	SI	1
<i>T. paurometabola</i>	SI	5
<i>T. pulmonis</i>	NO	
<i>T. sinensis</i>	NO	
<i>T. strandjordii</i>	NO	
<i>T. spumae</i>	NO	
<i>T. tyrosinosolvans</i>	NO	
<i>Tsukamurella</i> sp.	SI	1

En base a la experiencia de los laboratorios de referencia, hay necesidad de aumentar los perfiles representativos para este grupo de microorganismos en la base de datos comercial. Por otra parte, debido a las características de la pared celular, suelen obtenerse no identificaciones o bajos valores de score mediante MALDI-TOF, por lo que se recomienda seguir los siguientes pasos:

- a) sembrar la muestra por el método directo,
- b) sembrar la muestra con el posterior agregado de 1ul de ácido fórmico al pocillo,

- c) cubrir la muestra con 2ul de matriz HCCA,
- d) sembrar la muestra por el método directo, pero partiendo de placas envejecidas, sembradas con varios días de anterioridad,
- e) de no obtenerse el resultado esperado, se deberá realizar el proceso de extracción con etanol y ácido fórmico. También se puede ensayar el proceso de extracción con perlas, para Actinomicetales recomendado por el fabricante.

Se recomienda informar a nivel de género con valor de **score $\geq 1,7$** .

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- SITIO WEB: www.bacterio.net/-sz.html
- Teng JL, Tang Y, Wong SS, Ngan AH, Huang Y, Tsang CC, Choi GK, Lau SK, Woo PC. *Tsukamurella hongkongensis* sp. nov. and *Tsukamurella sinensis* sp. nov., isolated from patients with keratitis, catheter-related bacteraemia and conjunctivitis. Int J Syst Evol Microbiol 2016;66(1):391-397. doi: 10.1099/ijsem.0.000733.

Turicella

El género *Turicella* se encuentra filogenéticamente relacionado al género *Corynebacterium*, pero la única especie representativa del género es *Turicella otitidis*.

T. otitidis es catalasa positiva, oxidativa, no móvil y tiene preferencia por el canal auditivo externo; por eso en los aislamientos clínicos es hallado casi exclusivamente de la región del oído aunque no es agente causal de otitis media en niños.

Todas las cepas de *Turicella otitidis* son CAMP positivo y presentan el código característico 2100004 en el sistema de API Coryne. Se recomienda consultar el Anexo para ver su apariencia en la coloración de Gram.

Existen 8 perfiles proteicos de referencia en la Base de Datos comercial.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE $>1,7$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69 = identificación a nivel de género

SCORE $<1,5$ = no identifica

Tabla 120. Diferenciación fenotípica de *Turicella* spp. de especies corineiformes relacionadas.

Especie	Metabolismo	CAMP	DNAsa	LAP
<i>Turicella otitidis</i>	Oxidativo	+	+	+
<i>Corynebacterium auris</i>	Oxidativo	+	-	+
<i>Corynebacterium coyleae</i>	Oxidativo	+	-	+
<i>Corynebacterium afermentans</i> ss <i>afermentans</i>	Oxidativo	+	-	-

Referencias:

- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One 2014;9(9):e106303. doi: 10.1371/journal.pone.0106303.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

U

Ureaplasma

No existe perfil de referencia en la base de datos comercial.

V

Vagococcus

Hasta la actualidad, ha sido muy escaso el número de *Vagococcus* aislados a partir de especímenes clínicos (hemocultivo, herida, líquido peritoneal). Las dificultades que se dan en la identificación son debidas a su baja frecuencia.

Se recomienda informar la identificación a nivel de género con valor de **score >1,5**.

No se logra una identificación confiable a nivel de especie; lo mismo ocurre con los métodos fenotípicos (ver Anexo) y con la secuenciación del gen 16S ARNr y del gen específico *sodA*. Necesidad de aumentar el número de perfiles de referencia en la base de datos para este grupo de microorganismos.

Tabla 121. Traducción de especies de *Vagococcus* spp. de importancia clínica.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Observaciones
<i>V. carniphilus</i>			En nuestra experiencia no fue identificado mediante MALDI-TOF
<i>V. fluvialis</i>	SI	4	
<i>V. lutrae</i>	SI	1	Puede no ser identificado debido a escasa representación en base de datos comercial
<i>V. fessus</i>	NO		

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

- Wang L, Cui YS, Kwon CS, Lee ST, Lee JS, Im WT. *Vagococcus acidifermentans* sp. nov., isolated from an acidogenic fermentation bioreactor. *Int J Syst Evol Microbiol* 2011;61(5):1123–1126. doi: 10.1099/ijms.0.022087-0.

Veillonella

El género *Veillonella* contiene 13 especies, de las cuales *V. alcalescens*, *V. atypica*, *V. denticariosi*, *V. dispar*, *V. parvula*, *V. rogosae* y *V. tobetsuensis* han sido aisladas de la cavidad oral humana.

Los factores de riesgo para una infección por *Veillonella* incluyen periodontitis, inmunodeficiencia, uso de drogas intravenosas y parto prematuro.

Son agentes etiológicos de infecciones severas tales como meningitis, osteomielitis, infección protésica, bacteremia y endocarditis; aunque se desconocen los mecanismos de virulencia de estos microorganismos.

Muestra resistencia a tetraciclina, eritromicina, gentamicina y kanamicina, y es sensible a penicilina G, cefalotina y clindamicina.

Debido a la escasa experiencia de los laboratorios de referencia, y en base a la bibliografía que se adjunta al pie, donde se evidencia la limitación de la espectrometría de masas para alcanzar identificaciones a nivel de especie, se recomienda informar los resultados de *Veillonella* spp. sólo al nivel de género.

SCORE > 1,7 = identificación a nivel de género

Tabla 122. Traducción de especies de *Veillonella* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>V. alcalescens</i>	NO	
<i>V. atypica</i>	SI	4
<i>V. caviae</i>	SI	1
<i>V. criceti</i>	SI	1
<i>V. denticariosi</i>	SI	2
<i>V. dispar</i>	SI	2
<i>V. magna</i>	SI	1
<i>V. montpellierensis</i>	SI	2
<i>V. parvula</i>	SI	7
<i>V. ratti</i>	SI	1
<i>V. rogosae</i>	SI	1
<i>V. rodentium</i>	NO	
<i>V. seminalis</i>	NO	

Referencias:

- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Justesen U, Holm A, Knudsen E, Andersen L, Gorm Jensen T, Kemp M, Skov M, Gahrn-Hansen B, Møller J. Species Identification of Clinical Isolates of Anaerobic Bacteria: a Comparison of Two Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry Systems. J Clin Microbiol 2011; 49(12):4314–4318. doi: 10.1128/JCM.05788-11.

Vibrio

Los miembros de la familia *Vibrionaceae* pueden ser causantes de una gran variedad de enfermedades intestinales y extraintestinales en el humano; las mismas incluyen diarrea, celulitis, fascitis necrotizante, septicemia e infecciones de ojo y oído.

Las especies con significancia clínica se detallan a continuación:

Especie	Manifestación clínica
<i>V. cholerae</i>	Se divide en más de 200 serogrupos, de los cuales únicamente el serogrupo O1 y O139 son los responsables del cólera epidémico y pandémico.
<i>V. mimicus</i>	Diarrea
<i>V. parahaemolyticus</i>	Infección intestinal; asociado al consumo de pescado crudo
<i>V. vulnificus</i>	Septicemia , infección de hueso y de oído
<i>V. fluvialis</i>	Gastroenteritis, bacteremia
<i>V. furnissii</i>	Diarrea

Se recomienda informar según recomendación del fabricante:

SCORE \geq 2,00 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $<$ 1,70 = no identifica

Vibrio cholerae no se encuentra representado en la base de datos comercial por considerarse un agente de bioterrorismo.

En el caso de los agentes que requieren nivel 3 de bioseguridad, es importante el método de elección para preparar las muestras que serán procesadas en MALDI-TOF, ya que debe asegurar tanto la inactivación del microorganismo como la calidad óptima del espectro generado. En base a la bibliografía, se recomienda el método de extracción con etanol / ácido fórmico / acetonitrilo.

Tabla 123. Traducción de especies de *Vibrio* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>V. cholerae</i>	NO	
<i>V. fluvialis</i>	SI	3
<i>V. furnissii</i>	SI	2
<i>V. mimicus</i>	SI	1
<i>V. parahaemolyticus</i>	SI	8
<i>V. vulnificus</i>	SI	9

Referencias:

- Clark AE, Kaleta EJ, Arora A, Wolk DM. Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry: a Fundamental Shift in the Routine Practice of Clinical Microbiology. Clin Microbiol Rev 2013;26(3):547–603. doi: 10.1128/CMR.00072-12.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.

W

Weeksella

El hábitat natural de los BGNNF, oxidasa e indol positivos, suele ser el suelo, las plantas, el agua, incluyendo las del ámbito hospitalario. La especie clínicamente relevante es *Weeksella virosa*, aislada con frecuencia del tracto urogenital.

Se recomienda informar según recomendación del fabricante:

SCORE $\geq 2,00$ = identificación a nivel de especie

SCORE 1,7-1,99 = identificación a nivel de género

SCORE $< 1,70$ = no identifica

Tabla 124. Traducción de especies de *Weeksella* spp. aisladas de muestras clínicas.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Comentarios
<i>W. massiliensis</i>	NO		Corresponde a <i>Vaginella massiliensis</i> en la nomenclatura actual.
<i>W. virosa</i>	SI	9	
<i>W. zoohelcum</i>	NO		Corresponde a <i>Bergeyella zoohelcum</i> en la nomenclatura actual. Se diferencia por ser PYR - , ureasa rápida + y Col / Pol R

Referencias:

- *Bergeyella zoohelcum* (Holmes et al. 1987) Vandamme et al. 1994, comb. nov.
- Diop K, Bretelle F, Michelle C, Richez M, Rathored J, Raoult D, Fournier PE, Fenollar F. Taxonogenomics and description of *Vaginella massiliensis* gen. nov., sp. nov., strain Marseille P2517^T, a new bacterial genus isolated from the human vagina. *New Microbes New Infect* 2017;15: 94–103. doi: 10.1016/j.nmni.2016.11.006.

- Holmes B, Steigerwalt AG, Weaver RE, Brenner Don J. *Weeksella virosa* gen. nov., sp. nov. (Formerly Group IIf), found in human clinical specimens. Syst Appl Microbiol 1986;8(3):185-190. doi: 10.1016/S0723-2020(86)80075-3.
- Holmes B, Steigerwalt AG, Weaver RE, Brenner Don J. *Weeksella zoohelcum* sp. nov. (Formerly group IIj), from human clinical specimens. Syst Appl Microbiol 1986;8(3):191-196. doi: 10.1016/S0723-2020(86)80076-5.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. Manual of Clinical Microbiology, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Sankar SA, Lo CI, Fall B, Sambe-Ba B, Mediannikov O, Diallo I, Labas N, Faye N, Wade B, Raoult D, Fournier PE, Fenollar F. Noncontiguous finished genome sequence and description of *Weeksella massiliensis* sp. nov. New Microbes New Infect 2015;8, 89-98. doi: 10.1016/j.nmni.2015.09.013.

Weissella

Es miembro del grupo de cocos Gram positivos catalasa negativos, PYR negativo, Vancomicina resistente, junto a *Leuconostoc* y *Pediococcus*.

La especie más frecuente del género es *Weissella confusa*, agente causal de bacteremia y endocarditis.

Se han aceptado valores de score para una identificación confiable:

SCORE >1,7 = identificación a nivel de especie

SCORE 1,5-1,69= identificación a nivel de género

SCORE <1,5= no identifica

Pueden ocurrir fallas en la identificación (No Identificación), en el caso de *Weissella paramesenteroides* y *Weissella confusa*.

Para confirmar la identificación a nivel de especie se recomienda realizar la secuenciación del gen 16S ARNr o *sodA*.

Tabla 125. Características fenotípicas de especies de *Weissella* spp. aisladas de muestras clínicas.

Ensayo	<i>W. confusa</i>	<i>W. cibaria</i>	<i>W. viridescens</i>	<i>W. paramesenteroides</i>
Acido de Arabinosa	-	+	-	d
Acido de Galactosa	+	-	-	+
Acido de Ribosa	+	-	-	d
Acido de Sacarosa	+	+	d	+
ADH	+	+	-	-
Hidrólisis de esculina	+	+	-	v

Tabla 126. Traducción de especies de *Weissella* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD
<i>W. confusa</i>	SI	2
<i>W. cibaria</i>	NO	
<i>W. halotolerans</i>	SI	2
<i>W. hellenica</i>	SI	1
<i>W. minor</i>	SI	2
<i>W. paramesenteroides</i>	NO	
<i>W. viridescens</i>	SI	4

Referencias:

- Almuzara M, Barberis C, Velázquez VR, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Matrix-assisted Laser Desorption Ionization-Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) as a Reliable Tool to Identify Species of Catalase-negative

Gram-positive Cocci not Belonging to the *Streptococcus* Genus. Open Microbiol J 2016;10,202–208. doi: 10.2174/1874285801610010202.

- Björkroth KJ, Schillinger U, Geisen R, Weiss N, Hoste B, Holzapfel WH, Korkeala HJ, Vandamme P. Taxonomic study of *Weissella confusa* and description of *Weissella cibaria* sp. nov., detected in food and clinical samples. Int J Syst Evol Microbiol 2002;52(1):141-148. doi: 10.1099/00207713-52-1-141.
- Fusco V, Quero GM, Cho GS, Kabisch J, Meske D, Neve H, Bockelmann W, Franz CM. The genus *Weissella*: taxonomy, ecology and biotechnological potential. Front Microbiol 2015; 6:155. doi: 10.3389/fmicb.2015.00155.
- Kamboj K, Vasquez A, Balada-Llasat JM. Identification and Significance of *Weissella* species infections. Front Microbiol 2015;6:1204. doi: 10.3389/fmicb.2015.01204.

Y

Yersinia

No existe experiencia propia en el género.

Yersinia representa un grupo de microorganismos clínicamente importantes pero poco frecuentes en los aislamientos clínicos. Las especies del género que causan enfermedad en el humano son *Yersinia pseudotuberculosis*, *Yersinia enterocolitica* y *Yersinia pestis*. Las infecciones causadas por *Y. pseudotuberculosis* y *Y. enterocolitica* ocurren luego de la ingestión de comida o agua contaminada, y se manifiestan primariamente como una gastroenteritis; mientras que *Yersinia pestis* (agente etiológico de la plaga), es transmitida al humano a través de la mordida de una pulga infectada y resulta en una grave enfermedad con un alto grado de mortalidad.

Dentro del género, existen otras 14 especies ambientales y no patogénicas para el hombre.

Yersinia pestis es considerada un agente de bioterrorismo, que debe ser manipulado en cabinas de bioseguridad al menos de nivel 2 (BSL-2, BSL-3), por lo que no se encuentra representada en la base de datos comercial del equipo.

El uso de MALDI-TOF para este grupo de microorganismos, ha sido evaluado de diversas formas; en 2010 Lasch y colaboradores desarrollaron una base de datos de referencia mediante la cual se logró la detección de picos característicos a nivel de género y especie, y picos biomarcadores entre *Y. pestis* / *Y. pseudotuberculosis*, organismos genéticamente muy relacionados.

Por otra parte, Ayyadurai y colaboradores, lograron la diferenciación de especies ambientales y patogénas de *Yersinia*, y la detección de biotipos de *Y. pestis* mediante la creación de una base de datos representando 12 especies y 3 biotipos de *Yersinia pestis*.

En base a la bibliografía, se podría considerar a MALDI-TOF como un método robusto y confiable para la identificación de especies de *Yersinia*, el cual puede aportar además información epidemiológica al detectar biotipos de *Yersinia pestis*. Sin embargo, el aspecto más importante a tener en cuenta es el protocolo de inactivación de los microorganismos a ensayar; ya que además de la bioseguridad, debe tener una mínima influencia sobre el espectro generado; la metodología más utilizada en la actualidad es la extracción con TFA.

Tabla 127. Traducción de especies del género *Yersinia* spp.

Especie	Presencia en BD	Nro de MSPs en BD	Comentarios
<i>Y. enterocolitica</i>	SI	7	
<i>Y. pestis</i>	NO		Agente de bioterrorismo
<i>Y. pseudotuberculosis</i>	SI	12	

Referencias:

- Clark AE, Kaleta EJ, Arora A, Wolk DM. Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry: a Fundamental Shift in the Routine Practice of Clinical Microbiology. *Clin Microbiol Rev* 2013;26(3):547–603. doi: 10.1128/CMR.00072-12.
- Frederiksen W. A study of some *Yersinia pseudotuberculosis*-like bacteria (*Bacterium enterocoliticum* and *Pasteurella X*). *Proc XIV Scand Cong Pathol Microbiol* 1964, Norwegian Universities Press, Oslo;103-104.
- Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, Warnock DW. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. ASM Press, Washington, DC, 2015. doi: 10.1128/9781555817381.
- Schleifstein J, Coleman MB. An Unidentified Microorganism Resembling *B. lignieri* and *Past. pseudotuberculosis*, and Pathogenic for Man. *N Y State J Med* 1939;39,1749-1753.
- SITIO WEB: www.bacterio.net
- Williams JE. Proposal to Reject the New Combination *Yersinia pseudotuberculosis* subsp. *pestis* for Violation of the First Principle of the International Code of Nomenclature of Bacteria. *Int J Syst Evol Microbiol* 1984;34:268-269. doi: 10.1099/00207713-34-2-268.