

Ethical approval

This study was approved by Ethics Committee in Humans of Carlos Andrade Marín hospital Cod: 02-01-2018-003.

Funding

This study was funded by Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública "Dr. Leopoldo Izquieta Pérez", Quito – Ecuador and Instituto de microbiología, Universidad San Francisco de Quito.

Contributions

JR and GT: conception, design of the study and drafting the article. EV, FV, EP, NC, ME: acquisition of data, analysis and interpretation. BN and GT revising critically for important intellectual content of article. GT: final approval of the version to be submitted.

Conflict of interest

The authors declare that they have no conflict of interest.

Acknowledgements

The authors thank the technical staff of microbiology laboratory of the Hospital Carlos Andrade Marín-Quito. Also we appreciate the collaboration of Dr. Luis Solorzano in the Hospital Luis Vernaza for making the MALDI-TOF MS available.

References

1. Al-Bayssari C, Olaitan AO, Leangapichart T, Okdah L, Daboussi F, Hamze M, Rolain J. Whole-genome sequence of a *bla*_{OXA-48}-harboring *Raoultella ornithinolytica* clinical isolate from Lebanon. *Antimicrob Agents Chemother.* 2016;60:2548–50.

2. Escandón-Vargas K, Reyes S, Gutiérrez S, Villegas MV. The epidemiology of carbapenemases in Latin America and the Caribbean. *Expert Rev Anti Infect Ther.* 2016;15:277–97.
3. Giani T, Conte V, Di Pilato V, Aschbacher R, Weber C, Larcher C, Rossolini G. *Escherichia coli* from Italy producing OXA-48 carbapenemase encoded by a novel Tn1999 transposon derivative. *Antimicrob Agents Chemother.* 2012;56:2211–3.
4. Mairi A, Pantel A, Sotto A, Lavigne J-P, Touati A. OXA-48-like carbapenemases producing *Enterobacteriaceae* in different niches. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2018;37:587–604.
5. Seng P, Boushab B, Romain F, Gouriet F, Bruder N, Martin C, et al. Emerging role of *Raoultella ornithinolytica* in human infections: a series of cases and review of the literature. *Int J Infect Dis.* 2016;45:65–71.

Jorge A. Reyes^{a,b,*}, Fernando Villavicencio^c, José E. Villacís^d, Evelyn Pavón^e, Natalia Campoverde^e, Mauricio Espinel^e, Byron Núñez^e, Gabriel Trueba^b

^a *Facultad de Ciencias Químicas. Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador*

^b *Instituto de Microbiología, colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador*

^c *Centro de Referencia Nacional de Resistencia a los Antimicrobianos, Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública "Leopoldo Izquieta Pérez", Quito, Ecuador*

^d *Carrera de Bioquímica Clínica, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador*

^e *Hospital de especialidades Carlos Andrade Marín, Quito, Ecuador*

* Corresponding author.

E-mail address: jorgereyes83@gmail.com (J.A. Reyes).

<https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.02.002>

0325-7541/ © 2019 Asociación Argentina de Microbiología.

Published by Elsevier España, S.L.U. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Presentación del sitio web de la Red Nacional de Identificación Microbiológica por Espectrometría de Masas. Manual para la interpretación de resultados de MALDI-TOF MS



Presentation of the National Network for Microbiological Identification by Mass Spectrometry website. Guide for the interpretation of MALDI-TOF MS results

Sr. Editor:

En las últimas décadas, la tecnología MALDI-TOF, basada en espectrometría de masas, ha demostrado su potencial para la rápida identificación de microorganismos patógenos mediante el análisis del perfil de proteínas ribosomales⁴. Actualmente existen dos plataformas comerciales para el

diagnóstico clínico en humanos: MicroFlex[®] LT (Bruker Daltonics) y Vitek[®] MS (bioMérieux). Estas plataformas fueron aprobadas por la Food and Drug Administration en 2009; pero dicha validación incluyó solo algunos grupos taxonómicos de importancia clínica^{5,6}.

En Argentina, 20 instituciones de salud han incorporado la técnica de MALDI-TOF al laboratorio clínico. Algunos constituyen laboratorios nacionales de referencia (LNR) y han documentado la evaluación de la metodología para la identificación de bacterias y hongos, con un enfoque taxonómico polifásico^{1–3}. Es por ello que desde 2013, se ha recopilado información detallada sobre más de 2.000 microorganismos; también se han desarrollado bases de datos complementarias con espectros proteicos de microorganismos que no están incluidos en las bases comerciales o están escasamente representados, y espectros de variantes biológicas regionales.

La creación e incorporación de estas bases de datos nacionales han optimizado el desempeño de las plataformas comerciales. Consecuentemente, surgió la



Figura 1 Código QR del sitio web desarrollado.

necesidad estratégica de transferir los avances al resto de los usuarios de la plataforma. Es así que, en el marco del Sistema Nacional de Redes de Laboratorios, se creó en 2015 la Red Nacional de Identificación Microbiológica por Espectrometría de Masas (RENAEM), una red nacional que incluye a laboratorios públicos y privados que han implementado la espectrometría de masas como herramienta para la identificación de microorganismos en el diagnóstico microbiológico.

Entre los propósitos de la red están promover la integración y transferir actualizaciones desarrolladas por los LNR, además de unificar metodologías de trabajo y criterios de identificación para generar homogeneidad y excelencia en diagnósticos oportunos y confiables, contribuyendo así a mejorar la eficiencia y efectividad del sistema de salud. Para tal fin se diseñó el sitio web <http://www.anlis.gov.ar/renaem/>, cuyo objetivo principal es permitir la divulgación de la información generada. Este sitio incluye la descripción de la estructura de la red, los protocolos recomendados por los fabricantes, un manual de procedimiento operativo estándar, novedades, actualizaciones y un listado de publicaciones de los participantes de la red. Cuenta, además, con un manual de interpretación de resultados de MALDI-TOF, con alternativas para la identificación de bacterias raras o inusuales, que no son resueltas completamente mediante esta técnica.

Es esta una plataforma gratuita y de fácil acceso desde cualquier dispositivo electrónico inteligente (fig. 1); la misma es dinámica y se encuentra en proceso de mejora y actualización continua.

En el mundo, la mayoría de las bases complementarias son privadas y el acceso a la información es arancelado. La implementación de la RENAEM y la creación del sitio web

permiten la transferencia de dichas bases y la divulgación de estrategias, contribuyendo a dar equidad al sistema de salud. Este proyecto de integración es el primero a nivel mundial y se encuentra en proceso de extensión en la región americana.

De esta manera, los laboratorios de menor complejidad cuentan con la certeza de que la información obtenida es confiable y validada por los LNR, aprovechando el poder de una herramienta innovadora.

Bibliografía

1. 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.
2. 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;10:202–8.
3. 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:e106303.
4. Carroll K, Patel R. Systems for identification of Bacteria and Fungi. En: Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll K, Funke G, Landry ML, Richter S, Warnock D, editores. *Manual of Clinical Microbiology*. 11th edition Washington, DC: ASM Press; 2015. p. 29–43.
5. 510(k) Substantial Equivalence Determination Decision Summary. [consultado 28 May 2018] Disponible en: https://www.accessdata.fda.gov/cdrh_docs/reviews/K130831.pdf.
6. 510(k) Substantial Equivalence Determination Decision Summary. [consultado 28 May 2018] Disponible en: https://www.accessdata.fda.gov/cdrh_docs/reviews/K124067.pdf.

Maria Florencia Rocca^{a,*}, Marisa Almuzara^b,
Claudia Barberis^b, Carlos Vay^b, Pilar Viñes^b
y Mónica Prieto^a

^a *Departamento de Bacteriología, Laboratorio Bacteriología Especial, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI), Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud (ANLIS) «Dr. Carlos G. Malbrán», Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina*

^b *Instituto de Fisiopatología y Bioquímica Clínica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina*

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: mfrocca@anlis.gov.ar (M.F. Rocca).

<https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.03.001>

0325-7541/ © 2019 Asociación Argentina de Microbiología.

Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).