

Programa Externo de Control de Calidad SEIMC

ANÁLISIS DEL CONTROL DE CARGA VIRAL VHC AÑO 2012

Madrid, 15 de noviembre de 2013

ÍNDICE

PRESENTACIÓN	3
1. CARACTERÍSTICAS DEL MATERIAL DE CONTROL REMITIDO	4
2. LABORATORIOS PARTICIPANTES	4
3. CRITERIOS DE EVALUACIÓN	5
4. RESULTADOS	5
4.1. Comparación de los resultados individuales con la media general.....	6
4.2. Comparación de los resultados individuales con la media de cada técnica	8
4.3. Análisis de los resultados obtenidos en la realización del genotipo del VHC....	11
5. COMENTARIOS Y CONCLUSIONES	12
6. BIBLIOGRAFÍA	12
7. AGRADECIMIENTOS	12
8. ANEXOS	14

PRESENTACIÓN

En este documento se presenta el análisis general de los resultados emitidos por los participantes en el control de carga viral de virus de la hepatitis C (VCH), así como las principales conclusiones derivadas de ellos. Además, también se presentan los resultados obtenidos en la realización del genotipado del VHC de uno de los dos estándares remitidos. Desde el programa externo de control de calidad esperamos que la información obtenida en el presente análisis cumpla las expectativas de los centros participantes.

1. CARACTERÍSTICAS DEL MATERIAL DE CONTROL REMITIDO

En este control se remitió a los distintos laboratorios participantes dos estándares de plasma congelado que habían sido analizados y valorados para la determinación de la carga viral del VHC (VHC 1/12 y VHC 2/12) y uno para genotipado del VHC (VHC 1/12). Cada estándar contenía 1,5 mL de plasma y se obtuvieron mediante una única donación de plasma de un paciente infectado por el VHC. Tras la preparación de todas las alícuotas necesarias se congelaron a una temperatura de -80°C hasta el momento del envío a cada centro participante. Éste se realizó con hielo seco para mantener las muestras congeladas hasta el momento de su procesamiento. Para la mayor fiabilidad de los datos se informaba a los participantes que las muestras permanecieran congeladas hasta el momento de su procesamiento y que antes de realizar la prueba solicitada, se agitaran en *vortex* para homogeneizarlas bien. Desde el Programa de Control se recuerda a los centros participantes que los materiales remitidos para realización de los ejercicios de intercomparación se deben tratar del mismo modo que el resto de las muestras recibidas y procesadas de forma rutinaria en sus laboratorios.

En las dos muestras remitidas había un contenido conocido de ARN/mL del VHC, expresado en UI/mL. Ambos estándares habían sido analizados por dos centros de referencia distintos, que usaron métodos diferentes para realizar la detección de la carga viral. En la tabla 1 se presentan los resultados obtenidos por los laboratorios de referencia para cada estándar, y los métodos y marcas comerciales utilizadas, estos datos se muestran tan sólo de modo informativo, sin que sirvan para la comparación con los resultados de cada participante.

Además, en el primero de los estándares (VHC-1/12), que era el que presentaba mayor carga viral, se solicitaba la realización del genotipo de VHC a todos los participantes que dispusieran de la técnica. Éste fue informado por el laboratorio que actuó de referencia como genotipo 1a y lo realizó mediante una técnica de PCR *real time* de Abbott.

Tabla 1. Resultados de los laboratorios de referencia para cada estándar y técnica (sólo las empleadas por 9 o más participantes)^a.

Estándar	PCR-RT Abbott (LR-A)		PCR-RT Taqman Roche (LR-B)	
	UI/mL	Log ₁₀	UI/mL	Log ₁₀
VHC-1/12	238190	5,38	282000	5,45
VHC-2/12	224	2,35	480	2,68

^aAbreviaturas: PCR-RT (PCR *real time*); LR: Laboratorio de Referencia (A y B).

2. LABORATORIOS PARTICIPANTES

La participación en este control, al igual que sucede con el resto de controles, fue anónima y voluntaria. En el anexo 1 se muestra la relación de centros inscritos al control de carga viral VHC del año 2012. Los resultados de cada centro podían remitirse a través de la *web* del Programa de Control de Calidad SEIMC, por fax o por correo ordinario.

Por lo que respecta a las respuestas, a partir del número de UI/mL informado, el Programa procedió a calcular los logaritmos en base 10 (\log_{10}) ajustados a la segunda

cifra decimal. También se ha unificado la forma de nombrar los métodos y marcas (plantilla *web*). De acuerdo con estos datos se ha realizado el presente análisis y la emisión de los correspondientes informes comparados de calidad individuales.

3. CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Los dos estándares remitidos contenían ARN del VHC y se analizan de forma cuantitativa (\log_{10}) de dos modos diferentes:

- Estudio comparativo de los resultados para cada estándar con la media general, sin diferenciar la técnica utilizada: se valora si el resultado informado por cada centro para los diferentes estándares está dentro del intervalo $\pm 1,96$ desviaciones estándar (intervalo de confianza aproximado del 95%) de la media de los valores (\log_{10}) informados por los participantes, independientemente de la técnica usada. Esta forma de analizar los resultados nos permite observar la variabilidad que existe entre los laboratorios ante una misma muestra.
- Estudio comparativo de los resultados individuales con la media de cada técnica: se determina si el valor informado por cada centro para los diferentes estándares está dentro del intervalo de $\pm 1,96$ desviaciones estándar (intervalo de confianza aproximado del 95%) de la media \log_{10} de cada estándar por técnica. Esta medida establece la calidad del resultado emitido y permite a los laboratorios comparar sus resultados con los del resto de participantes que usan su misma técnica. Mediante este análisis se emitieron los informes comparados de resultados individuales (certificados), excepto en el caso de emplea una técnica informada por menos de tres participantes (en este caso se empleó la media general, aunque solo de forma orientativa, ya que se considera que la comparación de resultados se tendría que hacer únicamente entre los que emplean un mismo método).

En cuanto al resultado obtenido en el genotipado se compara con el aportado por el laboratorio de referencia. De este modo, se consideraron respuestas válidas todas las que se informaron dentro del genotipo 1.

4. RESULTADOS

El presente control fue enviado a 102 participantes, de ellos 96 enviaron la hoja de respuesta (94,1%). Así, el porcentaje de participación en el apartado de carga viral fue del 94,1%, mientras que el de participación en la detección del genotipo fue del 69,6% (71 centros). Como sucede en años anteriores, el método informado por la gran mayoría de los participantes fue la PCR-RT por el sistema Taqman® de Roche (85,4%); seguido por la PCR-RT de Abbott informada por el 9,4%, el sistema Versant® bDNA de Siemens (2,1%) y el de Qiagen Diagnostics (2,1%). Por último, un participante informó una PCR de desarrollo propio (*in house*). Los datos se resumen en la tabla 2.

Tabla 2. Distribución de las técnicas utilizadas por los participantes.

	PCR-RT Taqman (Roche)	PCR-RT (Abbott)	b-DNA (Siemens)	PCR-RT (Qiagen Diagnostics)	PCR-RT (<i>In house</i>)
Número	82	9	2	2	1
Porcentaje	85,4	9,4	2,1	2,1	1,0

Abreviaturas: PCR (reacción en cadena de la polimerasa), PCR-RT (PCR en tiempo real), bDNA (branched DNA).

4.1. Comparación de los resultados individuales con la media general

En la tabla 3 se detallan los resultados emitidos por todos los laboratorios, así como el porcentaje de los valores que se encuentra dentro del intervalo de confianza del 95%. Los estándares cuyos resultados están dentro de los límites aceptables se resaltan en sombreado.

Tabla 3. Análisis de resultados para los distintos estándares sin diferenciar técnicas^a.

Código centro	VHC-1/12 Log ₁₀	VHC-2/12 Log ₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	5,29	2,43	100%
3	5,35	2,41	100%
4	5,40	2,47	100%
7	5,29	2,80	100%
8	5,20	2,55	100%
13	5,65	1,71 ^b	0%
16	5,31	2,51	100%
19	5,43	2,47	100%
22	5,28	2,71	100%
25	5,45	2,54	100%
28	6,07 ^b	2,34	50%
32	5,16	2,54	100%
34	5,42	2,54	100%
37	5,33	2,72	100%
44	5,25	2,65	100%
49	5,31	NV	50%
60	5,35	2,49	100%
70	5,30	2,47	100%
76	5,27	2,52	100%
78	5,36	2,47	100%
79	5,29	2,46	100%
83	5,71	2,94	0%
89	5,47	2,33	100%
90	5,26	2,58	100%
91	5,36	2,64	100%
92	5,21	2,62	100%
95	5,18	NV	50%
108	5,36	2,51	100%
110	5,26	2,55	100%
112	5,67	2,73	50%
114	5,41	2,61	100%
116	5,39	2,63	100%
118	5,26	2,68	100%
128	5,56	2,35	100%
134	5,26	2,36	100%
135	5,12	2,15	50%
146	5,64	1,71 ^b	0%
165	5,21	2,40	100%
176	5,33	2,43	100%
180	5,26	2,63	100%
181	5,35	2,59	100%
187	5,37	2,68	100%
189	5,32	2,57	100%
192	5,30	2,53	100%
197	5,20	2,72	100%

198	5,34	2,44	100%
200	5,33	2,09	50%
203	5,42	2,42	100%
206	5,33	2,76	100%
215	5,16	2,83	100%
218	5,28	2,54	100%
253	5,29	2,50	100%
259	5,35	2,62	100%
261	5,31	2,61	100%
262	5,46	2,69	100%
265	5,20	2,42	100%
267	5,42	2,59	100%
279	5,45	2,68	100%
280	5,39	2,72	100%
281	5,25	2,70	100%
282	5,40	2,35	100%
289	5,28	2,66	100%
291	5,39	NV	50%
308	5,23	2,52	100%
311	5,65	2,72	50%
313	5,39	2,81	100%
314	5,38	2,46	100%
316	5,29	2,62	100%
318	5,29	6,98	50%
320	5,35	2,78	100%
325	5,30	2,51	100%
327	5,25	2,60	100%
328	5,20	2,60	100%
331	5,32	2,61	100%
333	5,38	NV	50%
335	5,86 ^b	1,79 ^b	0%
339	5,42	2,72	100%
353	5,50	2,46	100%
354	5,27	2,55	100%
362	5,45	2,53	100%
365	5,25	2,31	100%
366	5,40	2,66	100%
368	5,26	2,30	100%
372	5,38	2,39	100%
376	5,35	2,39	100%
378	5,31	2,74	100%
384	5,35	2,56	100%
388	5,34	2,53	100%
390	5,42	2,62	100%
451	5,13	2,11	50%
518	5,41	2,49	100%
519	5,31	2,54	100%
526	5,28	2,50	100%
529	5,44	2,63	100%
532	5,34	2,65	100%
535	5,24	2,28	100%
Media	5,34	2,55	—
Media log ±1,96 DE	5,12 – 5,56	2,24 – 2,85	—

^aAbreviaturas: NV (no valorable, por carga viral indetectable o por determinación no realizada), DE: desviación estándar.

^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

El número total de centros que tenían ambos estándares dentro del intervalo de confianza (100% concordancia) fue de 81 (84,4%), los que tenían sólo uno (50% concordancia) fueron 11 (11,4%), y 4 (4,2%) los que no presentaron ninguno de los valores aportados dentro del intervalo de aceptación.

Así, del total de valores informados (n=191, porque un centro no realizó la determinación), 18 estaban fuera del intervalo de aceptación (9,4%); de ellos 7 (38,9%) se correspondían con el estándar VHC-1/12 (carga viral alta) y los otros 11 (61,1%) con el VHC-2/12 (carga viral baja). En este control se detectaron 3 resultados falsamente negativos con el estándar de baja carga (uno por Qiagen, otro por Abbott y el otro "in house") y un participante no realizó la determinación en el estándar VHC-2/12 aludiendo muestra insuficiente. Además, en una ocasión se detectó una carga viral muy alta en estándar que presentaba menor carga (VHC-2/12), lo que podría explicarse con una contaminación o un error de muestra.

El participante que informa una PCR-RT de desarrollo propio, obtiene un valor dentro del intervalo y no detecta carga viral en el otro (estándar carga baja).

En una de las ocasiones en que ambos estándares se encuentran dentro del intervalo de aceptación, uno de ellos deja de estarlo (50% dentro del intervalo de aceptación) cuando se analiza solo con los que usan su mismo método, y en otra en que está el 50% dentro del intervalo de aceptación pasa a no estar cuando se compara con su mismo método. Por esta razón, en el certificado emitido estos participantes presentan el 50% o el 0% de sus resultados, según sea el caso, fuera del intervalo de aceptación.

4.2. Comparación de los resultados individuales con la media de cada técnica

En las tablas siguientes (tablas 4 y 5) se muestran los resultados de los participantes según la técnica empleada cuando ésta fue usada por más de tres centros, así como el porcentaje de los valores que se encuentra dentro del intervalo de aceptación (intervalo de confianza del 95%). Los resultados dentro de los límites aceptables se resaltan en sombreado.

De los 82 participantes que utilizaron el método PCR-RT de Taqman® (Roche), son 73 (78,0%) los que obtienen todos sus resultados dentro del intervalo de confianza (100,0%), 5 (6,1%) los que tienen el 50% de concordancia y 4 (4,9%) no tienen ninguno de los dos valores dentro de dicho intervalo.

En total se informan 163 resultados, 12 de ellos se encuentran fuera del intervalo de aceptación (7,4%). Hay que tener en cuenta que es la técnica más utilizada por los participantes, por lo que las aproximaciones reflejan más la realidad que las restantes, que fueron empleadas por un pequeño número de participantes. En la gran mayoría de las ocasiones, se obtienen resultados dentro del intervalo aceptable.

En la distribución por estándares se observa que, 6 de los 12 (50,0%) valores que se encuentran fuera del intervalo se corresponden con el estándar VHC-1/12 y los 6 restantes con el estándar VHC-2/12 (50,0%). Se excluye del análisis al participante con resultado No Valorable porque no realizó la determinación por muestra insuficiente. Estos datos se muestran en la tabla 4.

Tabla 4. Resultados y análisis de los centros que usan PCR-RT Taqman (Roche)^a.

Código centro	VHC-1/12 Log₁₀	VHC-2/12 Log₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	5,29	2,43	100%
3	5,35	2,41	100%
4	5,40	2,47	100%
7	5,29	2,80	100%
8	5,20	2,55	100%
16	5,31	2,51	100%
19	5,43	2,47	100%
22	5,28	2,71	100%
25	5,45	2,54	100%
32	5,164	2,54	100%
34	5,42	2,54	100%
37	5,33	2,72	100%
44	5,25	2,65	100%
60	5,35	2,49	100%
70	5,30	2,47	100%
76	5,27	2,52	100%
78	5,36	2,47	100%
79	5,29	2,46	100%
83	5,71 ^b	2,94	0%
89	5,47	2,33	100%
90	5,26	2,58	100%
91	5,36	2,64	100%
92	5,21	2,62	100%
95	5,18	NV	50%
108	5,36	2,51	100%
110	5,26	2,55	100%
114	5,41	2,61	100%
116	5,39	2,63	100%
118	5,26	2,68	100%
134	5,26	2,36	100%
135	5,12	2,15	0%
176	5,33	2,43	100%
180	5,26	2,63	100%
181	5,35	2,59	100%
187	5,37	2,68	100%
189	5,32	2,57	100%
192	5,30	2,53	100%
197	5,20	2,72	100%
198	5,34	2,44	100%
200	5,33	2,09	50%
203	5,42	2,42	100%
206	5,33	2,76	100%
215	5,16	2,83	100%
218	5,28	2,54	100%
253	5,29	2,50	100%
259	5,35	2,62	100%
261	5,31	2,61	100%
262	5,46	2,69	100%
265	5,20	2,42	100%
267	5,42	2,59	100%
279	5,45	2,68	100%
280	5,39	2,72	100%

281	5,25	2,70	100%
282	5,40	2,35	100%
289	5,28	2,66	100%
308	5,23	2,52	100%
311	5,65 ^b	2,72	50%
313	5,39	2,81	100%
316	5,29	2,62	100%
318	5,29	6,98	50%
320	5,35	2,78	100%
325	5,30	2,51	100%
327	5,25	2,60	100%
328	5,20	2,60	100%
331	5,32	2,61	100%
335	5,86 ^b	1,79 ^b	0%
339	5,42	2,72	100%
353	5,50	2,46	50%
354	5,27	2,55	100%
362	5,45	2,53	100%
366	5,40	2,66	100%
372	5,38	2,39	100%
376	5,35	2,39	100%
378	5,31	2,74	100%
384	5,35	2,56	100%
388	5,34	2,53	100%
451	5,13	2,11	0%
519	5,31	2,54	100%
526	5,28	2,50	100%
529	5,44	2,63	100%
532	5,34	2,65	100%
535	5,24	2,28	100%
Media	5,32	2,56	—
Media log ±1,96 DE	5,16 – 5,48	2,26 – 2,86	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar, NV: No Valorable (determinación No realizada).

^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

En la tabla 5 se muestran los resultados obtenidos para el método PCR-RT de Abbott Molecular. Los nueve centros que usan este método informan un total de 18 valores; de los cuales todos menos dos se encuentran dentro del intervalo de confianza del 95% (88,9%). De los dos centros que solo tienen el 50% de sus valores dentro del intervalo de confianza (11,1%), uno se corresponde con el estándar VHC-1/12 y el otro con el VHC-2/12, en este último caso se informa una carga viral indetectable, por lo que se trata de un resultado falsamente negativo.

Tabla 5. Resultados y análisis de los centros que usan el método PCR-RT (Abbott)^a.

Código centro	VHC-1/12 Log₁₀	VHC-2/12 Log₁₀	% dentro del intervalo de confianza
112	5,67	2,73	50%
128	5,56	2,35	100%
165	5,21	2,40	100%
314	5,38	2,46	100%
333	5,38	NV	50%
365	5,25	2,31	100%
368	5,26	2,30	100%

390	5,42	2,62	100%
518	5,41	2,49	100%
Media	5,39	2,46	—
Media log $\pm 1,96$ DE	5,12 – 5,66	2,17 – 2,73	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar, NV: No Valorable (carga viral indetectable).

^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

Debido a la imposibilidad de comparar los resultados obtenidos por los cinco centros que informan un método empleado por dos o menos participantes (dos PCR-RT de Qiagen Diagnostics, dos bDNA de Versant (Siemens) y uno PCR-RT de desarrollo propio), sus datos únicamente se muestran en la tabla global (tabla 3) y no por técnicas. Los dos laboratorios que emplean el método de Siemens tienen resultado homogéneos si solo se comparan entre ellos, pero al compararse con el grupo general todos sus resultados se encuentran fuera del intervalo de aceptación.

4.3. Análisis de los resultados obtenidos en la realización del genotipado del VHC.

De los 96 participantes que contestaron al control, informaron esta determinación 71 (73,9%), y hubo dos centros que no la realizaron por disponer de poca muestra. El 54,9% de éstos, comentó que se trataba de un genotipo 1a (coincidiendo con el laboratorio de referencia), el 29,6% lo informó como genotipo 1b, el 14,1% como genotipo 1 y el 1,4% como 1a/1b. El método que se utilizó de forma mayoritaria por los participantes fue la hibridación inversa, seguido de la PCR-RT y la secuenciación. La marca comercial más empleada fue Siemens, que dispone de reactivos tanto para la realización de una hibridación inversa como para una secuenciación. Cabe destacar que todos los centros que utilizaron los reactivos de PCR-RT de Abbott informaron el genotipo como 1a, al igual que la mayoría de los que emplearon INNOLiPA HCV (Siemens) y secuenciación de desarrollo propio, mientras que la mayoría de los que emplearon Linear Array (Roche) informaron genotipo 1 y la mayoría de los que emplearon secuenciación de TRUGENE informaron 1b (esta última técnica informada por solo 3 centros). Cabe destacar que no se informaron genotipos diferentes del 1. Los datos se resumen en la tabla 6.

Tabla 6. Resultados de estudio de genotipo del estándar VHC-1/12.

Método	Marca	^a Gen. 1a	^a Gen. 1b	^a Gen. 1	^a Gen. 1a/1b	Total ^b
HI	INNOLiPA HCV (Siemens)	26 (60,5)	16 (37,2)	-	1 (2,3)	43 (60,6)
	Linear array HCV (Roche)	-	1 (9,1)	10 (90,9)	-	11 (15,5)
PCR-RT	Abbott RT HCV	8 (100,0)	-	-	-	8 (11,3)
Secuen.	Trugene (Siemens)	1 (33,3)	2 (66,7)	-	-	3 (4,2)
	Desarrollo propio	4 (80,0)	1 (20,0)	-	-	5 (7,0)
RFLP	Desarrollo propio	-	1 (100,0)	-	-	1 (1,4)
Total	-	39 (54,9)	21 (29,6)	10 (14,1)	1 (1,4)	71 (100,0)

^aEntre paréntesis % respecto a los centros que realizan su mismo método y marca.

^bEntre paréntesis % respecto al total de centros participantes. Abreviaturas: Gen. (genotipo), HI (hibridación inversa), Secuen. (secuenciación), RFLP (polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción).

5. COMENTARIOS Y CONCLUSIONES

- a) El método de PCR-RT comercializado por la firma Roche (Taqman®) es el más usado por los participantes para realizar la detección de carga viral del VHC, pasando del 66,1% de uso en 2006 al 85,4% actual. Además, el número de valores que se encuentran fuera del intervalo de aceptación se mantiene estable respecto a años anteriores.
- b) Los métodos PCR-RT Abbott, b-DNA Siemens y PCR-RT Qiagen Diagnostics son empleados por pocos centros.
- c) El bajo número de centros que emplea alguno de los métodos hace imposible extraer conclusiones y sus resultados deben valorarse prudentemente.
- d) Como en otras ocasiones, fueron muchos los participantes cuyos resultados se encontraban dentro de los límites aceptados para los dos estándares, probablemente debido al amplio margen de aceptación.
- e) Sólo fueron 4 los participantes que obtuvieron ambos valores fuera del intervalo de confianza.
- f) Se detectan resultados falsamente negativos en el estándar de “baja carga” (VHC-2/12). Así como, un resultado excesivamente alto en este mismo estándar, lo que sugiere contaminación de la muestra o confusión.
- g) Desde un punto de vista de la valoración general de los resultados, los aquí presentados deben ser considerados como aceptables y coherentes con lo esperado. No obstante, es importante que los laboratorios, de forma individual, mantengan un alto grado de vigilancia sobre la calidad de sus resultados en el día a día y, en caso necesario, introduzcan las medidas correctoras oportunas.
- h) Los resultados obtenidos en la presente edición del Programa muestran la utilidad de los programas de intercomparación externos en las distintas facetas de la Microbiología Clínica, y resaltan la conveniencia de continuar en una línea que la SEIMC considera prioritaria para sus objetivos profesionales.

6. BIBLIOGRAFÍA

1. Programa de Control de Calidad SEIMC (accedido 20 Jul 2013). Disponible en: www.seimc.org/control/index.asp

7. AGRADECIMIENTOS

El Programa de Control de Calidad SEIMC desea manifestar su agradecimiento a las siguientes personas por su colaboración en la obtención y caracterización del material:

- Dr. Roberto Roig, Dr. José Villalba, Dr. Manuel Álvarez. Centro de Transfusiones de la Comunidad Valenciana, Valencia.
- Dra. Dolores Ocete, Servicio de Microbiología, Consorcio Hospital General Universitario, Valencia.

- Dr. David Navarro Ortega, Servicio de Microbiología, Hospital Clínico Universitario, Valencia.

8. ANEXOS

ANEXO 1. Laboratorios participantes en el control de carga viral VHC. Año 2012.

Hospital/Institución	Servicio/Unidad	Población
Hospital Torrecárdenas, S.A.S	Laboratorio de Microbiología	Almería
Hospital Universitario de Puerto Real	Laboratorio de Microbiología	Puerto Real
Hospital Universitario San Cecilio	Servicio de Microbiología	Granada
Hospital Infanta Elena	Laboratorio de Microbiología	Huelva
Hospital General Univ. Alicante	Microbiología	Alicante
Hospital Materno-Infantil Carlos Haya	Laboratorio de Microbiología	Málaga
Hospital Universitario de Valme	Laboratorio de Microbiología	Sevilla
Hospital Universitario de Tarragona Joan XXIII	Laboratori Clínic ICS	Tarragona
Hospital Universitario Santa Cristina	Microbiología/Análisis Clínicos	Madrid
Hospital General de Gran Canaria Dr. Negrín	Servicio de Microbiología	Las Palmas Gran Canaria
Hospital Costa del Sol	Microbiología	Marbella
Hospital Universitario Miguel Servet	Servicio de Microbiología	Zaragoza
Hospital General San Jorge	Sección de Microbiología	Huesca
Hospital de Cabueñes	Laboratorio de Microbiología	Gijón
Hospital Universitario Central de Asturias	Microbiología	Oviedo
Hospital San Agustín	Laboratorio de Microbiología	Avilés
Hospital Servicio Extremeño Salud de Mérida	Servicio de Microbiología	Mérida
Hospital Doce de Octubre	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Marqués de Valdecilla	Servicio de Microbiología	Santander
Hospital El Bierzo	Laboratorio de Microbiología	Ponferrada
Hospital Santa Bárbara (Complejo Hosp. de Soria)	Laboratorio de Microbiología	Soria
Hospital Virgen de la Concha	Laboratorio de Microbiología	Zamora
Hospital Clínico Universitario de Valladolid	Microbiología e Inmunología	Valladolid
Hospital Universitario Río Hortega	Servicio de Microbiología	Valladolid
Complejo Asistencial de Ávila	Análisis Clínicos	Ávila
Hospital General de Ciudad Real	Análisis Clínicos	Ciudad Real
Hospital General de Vic	Laboratorio de Microbiología	Vic
Hospital Virgen de la Luz-Cuenca	Microbiología	Cuenca
Hospital General Universitario de Guadalajara	Sección de Microbiología	Guadalajara
Hospital Virgen de la Salud	Servicio de Microbiología	Toledo
Hospital Nuestra Señora del Prado	Servicio Análisis Clínicos (Microbiología)	Talavera de la Reina
Hospital General Mancha-Centro	Sección de Microbiología	Alcázar de San Juan
Laboratorio de Referencia de Cataluña	Microbiología	El Prat de Llobregat
Hospital Sta. Creu i St. Pau	Servicio de Microbiología	Barcelona
Hospital Sant Joan de Déu	Servicio de Microbiología	Esplugues de Llobregat
Hospital San Pedro 36	Laboratorio Microbiología	Logroño

Udiat Centre Diagnòstic, S.A. (CSPT)	Laboratorio de Microbiología	Sabadell
CATLAB	Laboratorio de Microbiología	Viladecavalls
Hospital Universitario de Bellvitge	Servicio de Microbiología	L Hospitalet de Llobregat
Hospital Dr. Josep Trueta	Laboratorio	Girona
Centro Hospitalar Cova da Beira EPE	Serviço de Patologia clinica	Covilha
Hospital Clínic	Servicio de Microbiología	Barcelona
Hospital de Denia (Marina Salud) – Unilabs	Área de diagnóstico Biológico (ADB)	Denia
Hospital Santa María Nai. C. Hospitalario Orense	Laboratorio de Microbiología	Ourense
Hospital Universitario de Fuenlabrada	Laboratorio Clínico	Fuenlabrada
Complejo Hospitalario Universitario de Vigo (CHUVI)	Servicio de Microbiología	Vigo
Complejo Hospitalario Universitario A Coruña	Servicio de Microbiología	A Coruña
C.H. Arquitecto Marcide	Laboratorio de Microbiología	Ferrol
Hospital Universitario de Getafe	Servicio de Microbiología	Getafe
Hospital de la Princesa	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital General U. Gregorio Marañón	Servicio de Microbiología	Madrid
Centro de Diagnóstico Granada, S.A.	Microbiología Clínica	Granada
Hospital Clínico Universitario San Carlos	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda	Servicio de Microbiología	Majadahonda
Hospital Universitario Príncipe de Asturias	Servicio de Microbiología	Alcalá de Henares
Hospital de Móstoles	Servicio de Microbiología	Móstoles
Hospital Morales Messeguer	Laboratorio de Microbiología	Murcia
Complejo Hospitalario de Navarra	Servicio de Microbiología Clínica	Pamplona
Clínica Universidad de Navarra	Servicio de Microbiología Clínica	Pamplona
Hospital de Txagorritxu	Laboratorio de Microbiología	Vitoria
Complejo Hospitalario Donostia	Servicio de Microbiología	Donosti-San Sebastián
Hospital de Cruces	Servicio de Microbiología Clínica	Barakaldo
Hospital de Galdakao	Laboratorio de Microbiología	Galdakao
Consortio Hospital General de Valencia	Servicio de Microbiología	Valencia
Hospital Universitario La Fe	Servicio de Microbiología	Valencia
Hospital Arnau de Vilanova	Laboratorio de Microbiología	Valencia
Hospital Universitario Dr. Peset	Servicio de Microbiología	Valencia
Hospital General Universitario de Elche	Laboratorio de Microbiología	Elche
Instituto Valenciano de Microbiología	Microbiología	Bétera (Valencia)
Hospital Punta Europa	Laboratorio de Análisis / Microbiología	Algeciras
Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa	Servicio de Microbiología	Zaragoza
Complejo Asistencial Universitario de Burgos	Laboratorio de Microbiología	Burgos
Hospital Universitario Puerta del Mar	Servicio de Microbiología	Cádiz
Hospital Nª Sra. de la Candelaria	Laboratorio de Microbiología	Santa Cruz de Tenerife
Hospital Universitario Virgen de la Victoria 39	Laboratorio de Microbiología	Málaga

Hospital Universitari Arnau de Vilanova	Laboratorio de Análisis / Microbiología	Lleida
Hospital Severo Ochoa	Servicio de Microbiología	Leganés
Hospital Universitario de Álava	Laboratorio de Microbiología	Vitoria
Hospital Lucus Augusti	Laboratorio de Microbiología	Lugo
Complejo Hospitalario de Pontevedra	Laboratorio de Microbiología	Pontevedra
Hospital Clínico Universitario de Valencia	Servicio de Microbiología	Valencia
Laboratorio General Lab	Área de Microbiología - Control de Calidad	Barcelona
Hospital Infanta Cristina	Servicio de Microbiología	Badajoz
Hospital Virgen de las Nieves	Servicio de Microbiología	Granada
Hospital Universitario Reina Sofía	Servicio de Microbiología	Córdoba
Balagué Center SA	Departamento de Gestión de Calidad	Hospitalet de Llobregat
Reference Laboratory SA	Área de Microbiología	Hospitalet de Llobregat
Hospital Universitario La Paz	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Son Espases	Servicio de Microbiología	Palma de Mallorca
Hospital Ramón y Cajal	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Insular de Gran Canaria	Servicio de Microbiología	Las Palmas de Gran Canaria
Hospital Son Llatzer	Unidad de Microbiología	Palma de Mallorca
Hospital de Jerez	Servicio de Microbiología	Jerez de la Frontera
Hospital de la Ribera	Microbiología / Área Diagnóstico Biológico	Alcira
Hospital Universitario Fundación Alcorcón	Área de Laboratorio	Alcorcón
Hospital Universitari Germans Trias i Pujol	Servicio de Microbiología	Badalona
Cerba Internacional S.A.E.	Área de Microbiología	Sabadell
Hospital General de Castellón	Microbiología	Castellón de la Plana
Hospital Universitario Vall d'Hebron	Servicio de Microbiología	Barcelona
Hospital Universitario Virgen de la Arrixaca	Servicio de Microbiología	El Palmar
Hospital de Basurto	Microbiología Clínica	Bilbao
Hospital Universitario Virgen del Rocío	Servicio de Microbiología	Sevilla
Hospital La Merced	Análisis Clínicos	Osuna