

Programa Externo de Control de Calidad SEIMC

ANÁLISIS DEL CONTROL DE CARGA VIRAL VHC AÑO 2010

Madrid, 17 de julio de 2011

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.....	5
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	11
6. BIBLIOGRAFÍA	12
7. AGRADECIMIENTOS	12
8. ANEXOS	13

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 1/10 y VHC 2/10) y uno para genotipado del VHC (VHC 1/10). 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 tres 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-1/10), 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 la técnica de Abbott PCR *real time* HCV (Abbott Molecular Diagnostics).

Tabla 1. Resultados de los laboratorios de referencia para cada estándar y técnica^a.

Estándar	PCR-RT Abbott (LR-A)		b-DNA Siemens (LR-B)		PCR-RT Taqman Roche (LR-C)	
	UI/mL	Log ₁₀	UI/mL	Log ₁₀	UI/mL	Log ₁₀
VHC-1/10	1263010	6,10	749686	5,87	1410000	6,15
VHC-2/10	2118	3,33	1225	3,09	3020	3,48

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

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 2010. 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:

- a) 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.
- b) 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 emplearse un método no usado por ningún otro participante (en este caso se empleó la media general).

En cuanto al resultado obtenido en el genotipado se compara con el aportado por el laboratorio de referencia, que es el que el programa de control ha considerado como válido.

4. RESULTADOS

El presente control fue enviado a 96 participantes, de ellos 87 enviaron la hoja de respuesta (90,6%). Así, el porcentaje de participación en el apartado de carga viral fue del 90,6%, mientras que el de participación en la detección del genotipo fue del 62,5% (60 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 (83,9%); seguida a distancia por la PCR-RT de Abbott informada por el 8,0%, el sistema Versant® bDNA de Siemens (5,7%). En esta ocasión ningún centro informó usar la PCR convencional mediante el sistema Cobas Amplicor® de Roche. Por último, un participante informó una PCR de desarrollo propio (*in house*) y otro una PCR-RT de Qiagen Diagnostics. 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)	Otros
Número	73	7	5	2
Porcentaje	83,9	8,0	5,7	2,3

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

Otros: uno PCR de desarrollo propio y otro PCR-RT de Qiagen Diagnostics.

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-1/10 Log ₁₀	VHC-2/10 Log ₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	6,20	3,45	100%
3	6,00	3,17	100% (50% con los de su grupo)
4	6,16	3,49	100%
7	6,24	3,55	100%
8	6,07	3,39	100%
12	5,75	NV	50%
13	5,75	NV	50%
16	^b 5,05	3,12	0%
19	6,16	3,35	100%
25	5,76	3,15	100% (50% con los de su grupo)
28	6,12	3,57	100%
32	5,81	3,50	100%
34	6,09	3,47	100%
37	6,09	3,60	100%
42	6,20	3,70	100%
44	6,01	3,41	100%
49	NV	3,09	0%
60	6,10	3,59	100%
70	6,26	3,20	100%
76	6,07	3,49	100%
78	6,18	3,67	100%
79	5,95	3,56	100%
89	6,33	3,24	100%
90	6,18	3,42	100%
91	6,13	3,54	100%
92	6,18	3,61	100%
95	6,25	3,41	100%
108	6,68	3,73	50%
110	6,33	3,51	100%
114	6,22	3,53	100%
116	6,18	3,55	100%
118	6,15	3,31	100%
128	6,01	3,44	100%
134	6,15	3,46	100%
146	5,89	3,08	50% (100% con los de su grupo)
148	6,54	3,49	50%
165	6,32	3,49	100%
176	6,11	3,46	100%
179	6,05	3,53	100%
187	5,93	3,38	100%
189	6,20	3,53	100%
192	6,00	3,40	100%
198	5,85	3,50	100%
203	6,16	3,65	100%
206	5,95	3,46	100%
215	5,65	3,52	50%
218	6,14	3,63	100%
253	6,09	3,44	100%
259	6,14	3,61	100%
261	6,25	3,52	100%

262	6,06	3,50	100%
265	6,16	3,52	100%
279	6,15	3,48	100%
280	5,87	3,09	50% (100% con los de su grupo)
281	^c 3,54	^c 6,09	0%
282	6,33	3,06	50%
289	5,85	3,54	100%
291	6,27	3,47	100%
311	6,17	3,68	100%
314	5,91	3,27	100%
316	5,76	3,27	100%
318	6,09	^b 4,19	50%
331	6,28	3,44	100%
333	6,27	3,56	100%
335	5,95	^b 2,80	50%
339	6,37	3,62	100%
353	6,03	3,37	100%
354	5,94	3,26	100%
362	5,91	3,19	100%
365	5,87	3,08	50% (100% con los de su grupo)
366	6,04	3,54	100%
368	6,10	3,33	100%
372	5,74	3,48	100%
376	5,94	3,17	100%
378	6,40	3,46	100%
384	6,31	3,45	100%
386	6,58	3,55	50%
388	6,39	3,52	100%
390	6,26	3,20	100%
397	6,12	3,53	100%
451	5,73	3,41	100%
518	6,18	3,44	100%
519	^b 5,26	^b 2,52	0%
526	6,20	3,61	100%
529	6,12	3,54	100%
532	5,95	3,53	100%
535	6,23	3,48	100%
Media			
	6,10	3,44	—
Media log ±1,96 DE			
	5,72 - 6,49	3,13 - 3,75	—

^aAbreviaturas: NV (no valorable), DE: desviación estándar.

^bEliminado, según criterios de Chauvenet. ^cEliminado, por diferencia >2,5 Log de la media.

El número total de centros que tenían ambos estándares dentro del intervalo de confianza (100% concordancia) fue de 71 (86,1%), los que tenían sólo uno (50% concordancia) fueron 12 (13,8%) y en 4 ocasiones ninguno de los valores aportados se encontraba dentro del intervalo de aceptación (4,6%), una de estos cuatro casos posiblemente se deba a un error de transcripción de los datos (fase post-analítica) o de identificación de los viales (fase pre-analítica).

Así, del total de valores informados (n=174), 20 estaban fuera del intervalo de aceptación (11,5%); de ellos 8 (40,0%) se correspondían con el estándar VHC-1/10 (carga viral alta) y los otros 12 (60,0%) con el VHC-2/10 (carga viral baja). Uno de los estándares de carga viral alta se consideró como resultado no valorable por informar una carga >700.000 UI/mL (este realizó una PCR-RT de Qiagen Diagnostics), y dos de los de carga

viral baja porque se informaron como carga viral indetectable (ambos por el método b-DNA de Siemens), considerándose falsos negativos.

El participante que informa una PCR-RT de desarrollo propio obtiene todos sus valores dentro del intervalo de aceptación (100%).

En dos de las ocasiones en que ambos estándares se encuentran dentro del intervalo de aceptación, dejan de estarlo cuando se analizan solo con los que usan su mismo método; por esta razón el certificado emitido a estos participantes tiene el 50% de sus resultados fuera del intervalo. Por último, tres de los centros que tienen una concordancia del 50% con el intervalo calculado para la totalidad de los centros, pasan a tener una concordancia del 100,0% cuando solo se analizan junto a los utilizan que su mismo método.

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

En las tablas siguientes (tablas 4 a 7) se muestran los resultados de los participantes según la técnica empleada, 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 73 participantes que utilizaron el método PCR-RT de Taqman® (Roche), son 59 (80,8%) los que obtienen todos sus resultados dentro del intervalo de confianza (100,0%), 11 (15,1%) los que tienen el 50% de concordancia y 3 (4,1%) no tienen ninguno de los dos valores dentro de dicho intervalo, uno de ellos por un posible error a la hora de consignar sus resultados.

En total se informan 146 resultados, 17 de ellos se encuentran fuera del intervalo de aceptación (11,6%). 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, 8 de los 17 (47,1%) valores que se encuentran fuera del intervalo se corresponden con el estándar VHC-1/10 y los 9 restantes corresponden al estándar VHC-2/10 (52,9%). 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-1/10 Log ₁₀	VHC-2/10 Log ₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	6,20	3,45	100%
3	6,00	3,17	50%
4	6,16	3,49	100%
7	6,24	3,55	100%
8	6,07	3,39	100%
16	^b 5,05	3,12	0%
19	6,16	3,35	100%
25	5,76	3,15	50%
28	6,12	3,57	100%
32	5,81	3,50	100%
34	6,09	3,47	100%
37	6,09	3,60	100%
42	6,20	3,70	100%
44	6,01	3,41	100%
60	6,10	3,59	100%
70	6,26	3,20	100%
76	6,07	3,49	100%
78	6,18	3,67	100%
79	5,95	3,56	100%

89	6,33	3,24	100%
90	6,18	3,42	100%
91	6,13	3,54	100%
92	6,18	3,61	100%
95	6,25	3,41	100%
108	6,68	3,73	50%
110	6,33	3,51	100%
114	6,22	3,53	100%
116	6,18	3,55	100%
118	6,15	3,31	100%
134	6,15	3,46	100%
148	6,54	3,49	50%
176	6,11	3,46	100%
179	6,05	3,53	100%
187	5,93	3,38	100%
189	6,20	3,53	100%
192	6,00	3,40	100%
198	5,85	3,50	100%
203	6,16	3,65	100%
206	5,95	3,46	100%
215	5,65	3,52	50%
218	6,14	3,63	100%
253	6,09	3,44	100%
259	6,14	3,61	100%
261	6,25	3,52	100%
262	6,06	3,50	100%
265	6,16	3,52	100%
279	6,15	3,48	100%
281	^c 3,54	^c 6,09	0%
282	6,33	3,06	50%
289	5,85	3,54	100%
311	6,17	3,68	100%
316	5,76	3,27	100%
318	6,09	^b 4,19	50%
331	6,28	3,44	100%
335	5,95	^b 2,80	50%
339	6,37	3,62	100%
353	6,03	3,37	100%
354	5,94	3,26	100%
362	5,91	3,19	100%
366	6,04	3,54	100%
372	5,74	3,48	100%
376	5,94	3,17	50%
378	6,40	3,46	100%
384	6,31	3,45	100%
386	6,58	3,55	50%
388	6,39	3,52	100%
397	6,12	3,53	100%
451	5,73	3,41	50%
519	^b 5,26	^b 2,52	0%
526	6,20	3,61	100%
529	6,12	3,54	100%
532	5,95	3,53	100%
535	6,23	3,48	100%
Media	6,12	3,46	—

Media log $\pm 1,96$ DE	5,74 - 6,49	3,18 - 3,75	—
---	--------------------	--------------------	---

^aAbreviaturas: NV (no valorable), DE: desviación estándar.

^bEliminado, según criterios de Chauvenet. ^cEliminado, por diferencia $>2,5$ Log de la media.

En la tabla 5 se muestran los resultados obtenidos para el método PCR-RT de Abbott Molecular. Los siete centros que usan este método informan un total de 14 valores; de los cuales todos se encuentran dentro del intervalo de confianza del 95% (100,0%).

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

Código centro	VHC-1/10 Log₁₀	VHC-2/10 Log₁₀	% dentro del intervalo de confianza
128	6,01	3,44	100%
165	6,32	3,49	100%
314	5,91	3,27	100%
333	6,27	3,56	100%
368	6,10	3,33	100%
390	6,26	3,20	100%
518	6,18	3,44	100%
Media	6,15	3,39	—
Media log $\pm 1,96$ DE	5,88 - 6,42	3,16 - 3,62	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar. ^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

Los cinco laboratorios que emplean la técnica de b-DNA (Siemens) informan un total de 10 valores; de los cuales, 8 se sitúan dentro del intervalo de confianza del 95% (80,0%). En cuanto a los dos valores discrepantes, se corresponden con el estándar VHC-2/10 y se trataría de dos resultados falsamente negativos (<615 UI/mL). Los datos se muestran en la tabla 6.

Tabla 6. Resultados y análisis de los centros que usan b-DNA (Siemens)^a.

Código centro	VHC-1/10 Log₁₀	VHC-2/10 Log₁₀	% dentro del intervalo de confianza
12	5,75	indetectable	50%
13	5,75	Indetectable	50%
146	5,89	3,08	100%
280	5,87	3,09	100%
365	5,87	3,08	100%
Media	5,83	3,08	—
Media log $\pm 1,96$ DE	5,71-5,95	3,07-3,09	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar. ^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

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

De los 87 participantes que contestaron al control, informaron esta determinación 60 (67,0%). El 83,3% de éstos comentó que se trataba de un genotipo 1a, coincidiendo con el valor aportado por el laboratorio de referencia, el 13,3% lo informó como genotipo 1, el 1,7% como no subtipable (un centro) y un laboratorio no pudo realizar el genotipo por poco volumen de muestra y baja carga viral. El método que se utilizó de forma mayoritaria por los centros 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 y métodos de desarrollo

propio informaron el genotipo como 1a y que todos los que realizaron hibridación inversa de Roche solo informaron genotipo 1, **lo que era de esperar, ya que esta técnica no diferencia entre 1a y 1b**. Los datos se resumen en la tabla 8.

Tabla 8. Resultados de estudio de genotipo del estándar VHC-1/10.

Método	Marca	^a Gen. 1	^a Gen. 1a	^a Gen.No subtipable	^a Gen. No realizado	Total ^b
HI	INNOLiPA HCV (Siemens)	1 (2,6)	36 (94,7)	1 (2,6)	-	38 (63,3)
	Linear array HCV (Roche)	7 (87,5)	-	-	1 (12,5)	8 (13,3)
PCR-RT	Abbott RT HCV	-	6 (100,0)	-	-	6 (10,0)
Secuen.	Trugene (Siemens)	-	2 (100,0)	-	-	2 (3,3)
	Desarrollo propio	-	4 (100,0)	-	-	4 (6,7)
RFLP	Desarrollo propio	-	2 (100,0)	-	-	2 (3,3)
Total	-	8 (13,3)	50 (83,3)	1 (1,7)	1 (1,7)	60 (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

- El método de PCR-RT comercializado por la firma Roche (Taqman®) se confirma como el más usado por los participantes para realizar la detección de carga viral del VHC, pasando del 66,1% de uso en 2006 al 83,9% actual. Además, el número de valores que se encuentran fuera del intervalo de aceptación se mantiene estable respecto a años anteriores.
- Ningún centro informa la realización de la PCR convencional Cobas-Amplicor (Roche).
- Los métodos PCR-RT Abbott y b-DNA Siemens son usados por pocos participantes, por lo que los datos de que disponemos deben valorarse prudentemente.
- 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.
- Sólo fueron 4 los participantes que obtuvieron ambos valores fuera del intervalo de confianza.
- En dos ocasiones los participantes no detectan carga viral en el segundo estándar (VHC-2/10), que era el que presentaba menor carga viral (falsos negativos), en ambas ocasiones informan bDNA (Siemens).
- 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 25 Jul 2011). 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. José Luis Pérez y Dra. Ana Mena Ribas, Servicio de Microbiología, Hospital Son Espases, Palma de Mallorca.

8. ANEXOS

ANEXO 1. Laboratorios participantes en el control de carga viral VHC. Año 2010.

Hospital/Institución	Servicio/Unidad	Población
Hospital de la Princesa	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital General U. Gregorio Marañón	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Clínico Universitario San Carlos	Servicio de Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Puerta de Hierro	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
Clínica Universidad de Navarra	Servicio de Microbiología	Pamplona
Hospital de Txagorritxu	Laboratorio de Microbiología	Vitoria
Complejo Hospitalario Donostia	Servicio de Microbiología	Donosti-San Sebastián
Hospital de Cruces	Servicio de Microbiología	Barakaldo
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
Hospital Clínico Universitario	Servicio de Microbiología	Zaragoza
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	Laboratorio de Microbiología	Málaga
Hospital Severo Ochoa	Servicio de Microbiología	Leganés
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
Hospital San Pedro de Alcántara (C.H. de Cáceres)	Laboratorio de Microbiología	Cáceres
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 (Murcia)
Hospital de Basurto	Microbiología Clínica	Bilbao
Hospital Universitario Virgen del Rocío	Servicio de Microbiología	Sevilla
Hospital La Merced	Análisis Clínicos	Osuna
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 General Carlos Haya	Servicio de Microbiología	Málaga
Hospital Materno-Infantil Carlos Haya	Laboratorio de Microbiología	Málaga

Hospital/Institución	Servicio/Unidad	Población
Hospital Universitario de Valme	Laboratorio de Microbiología	Sevilla
Hospital Universitario de Tarragona Joan XXIII	Unidad Biología Molecular	Tarragona
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 Avila	Análisis Clínicos	Avila
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 San Pedro	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	Laboratori	Girona
Centro Hospitalar Cova da Beira EPE	Serviço de Patologia clinica	Covilha
Hospital Clínic	Servei de Microbiologia	Barcelona
Hospital General de Granollers	Laboratorio de Microbiología	Granollers
Hospital de Denia (Marina Salud)	ácDB	Denia
Hospital Santa María Nai. C. Hospitalario Orense	Laboratorio de Microbiología	Ourense
Hospital do Meixoeiro	Laboratorio 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