

Procedimiento de Microbiología Clínica

Recomendaciones de la Sociedad Española de
Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica



80.

Codificación estandarizada en
microbiología clínica: implementación
de las terminologías LOINC y SNOMED CT

Editores

María Isabel Sánchez Romero
Jordi Vila Estapé

Coordinador

Iván Bloise Sánchez

Autores

Josefina Ayats Ardite
Jorge Calvo Montes
M^a Victoria Domínguez Márquez
Jenifer Villa García
Iván Bloise Sánchez



ISBN: 978-84-09-88108-6

EDITORES:

María Isabel Sánchez Romero. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda. Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Madrid. Madrid.

Jordi Vila Estapé. Servicio de Microbiología. Hospital Clínic de Barcelona, Facultad de Medicina, Universidad de Barcelona e Instituto de Salud Global de Barcelona. Barcelona.

SUGERENCIA DE CITACIÓN:

Ayats J, Calvo J, Domínguez MV, Villa J, Bloise I. Codificación estandarizada en microbiología clínica: implementación de las terminologías LOINC y SNOMED CT 2026. XX. Ivan Bloise Sánchez (coordinador). Procedimientos en Microbiología Clínica. Sánchez-Romero MI, Vila Estapé, J (editores). Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC). 2026.

AVISO:

Reservados todos los derechos. Los documentos SEIMC o cualquiera de sus partes no podrán ser reproducidos, almacenados, transmitidos, distribuidos, comunicados públicamente o transformados mediante ningún medio o sistema sin la previa autorización de sus responsables, salvo excepción prevista por la ley. Cualquier publicación secundaria debe referenciarse incluyendo “Este documento ha sido elaborado por la SEIMC (Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica) y su contenido puede encontrarse en la página web www.seimc.org”

Procedimientos en Microbiología Clínica

Recomendaciones de la Sociedad Española de
Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

Editores:

María Isabel Sánchez Romero
Jordi Vila Estapé

80. Codificación estandarizada en microbiología clínica: implementación de las terminologías LOINC y SNOMED CT

Coordinador:

Iván Bloise Sánchez¹

Autores:

Josefina Ayats Ardite^{2,3}
Jorge Calvo Montes^{4,5}
M^a Victoria Domínguez Márquez⁶
Jennifer Villa García⁷
Iván Bloise Sánchez¹



¹Servicio de Microbiología y Parasitología Clínica, Hospital Universitario La Paz, Madrid; ²Servicio de Microbiología, Hospital Universitario de Bellvitge, Barcelona; ³Área de Microbiología. Coordinació Estratègica del Laboratoris Clínics. Direcció Assistencials d'Hospitals. Institut Català de la Salut, Barcelona; ⁴Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Marqués de Valdecilla, IDIVAL. Santander; ⁵CIBER de Enfermedades Infecciosas (Instituto de Salud Carlos III), Madrid; ⁶Servicio de Microbiología, Hospital Arnau de Vilanova, Valencia; ⁷Servicio de Microbiología, Hospital Universitario 12 de Octubre. Instituto de Investigación Sanitaria Hospital 12 de Octubre (imas12), Madrid.

ÍNDICE DEL DOCUMENTO CIENTÍFICO

1	Introducción.....	5
1.1	La interoperabilidad entre sistemas.....	5
1.2	Interoperabilidad sintáctica: el estándar HL7 y el nuevo estándar FHIR.....	6
2	La interoperabilidad semántica en Microbiología Clínica.....	8
2.1	LOINC.....	8
2.1.1	Estructura general de las partes LOINC.....	11
2.1.2	Herramientas para mapear con LOINC.....	12
2.1.3	Exámenes microscópicos.....	12
2.1.4	Cultivos.....	16
2.1.5	Pruebas de detección de ácidos nucleicos.....	18
2.1.6	Pruebas de sensibilidad a antimicrobianos.....	19
2.1.7	Pruebas de serología infecciosa.....	23
2.1.8	Pruebas de detección de antígenos.....	25
3	SNOMED CT.....	26
3.1	SNOMED como ontología.....	26
3.2	Ediciones y cuestiones de licencia.....	27
3.3	Usos avanzados de SNOMED.....	28
3.3.1	Precoordinación y poscoordinación.....	28
3.3.2	ECL- Expression Constraint Language.....	29
3.4	SNOMED en Microbiología Clínica.....	29
3.4.1	Especímenes.....	31
3.4.2	Microorganismos.....	31
3.4.3	Resultados.....	34
4	La ontología LOINC-SNOMED.....	35
5	Otros estándares o vocabularios útiles.....	35
5.1	Taxonomía NCBI.....	35
5.2	ATC.....	35
5.3	UMLS.....	35
5.4	UCUM.....	36
6	Bibliografía.....	36

DOCUMENTO TÉCNICO

PNT-COD-1 – Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC.....	37
---	----

1. INTRODUCCIÓN

La digitalización de la actividad del laboratorio de Microbiología Clínica, como en tantas otras áreas de la sanidad, ha generado nuevas oportunidades y a la vez importantes desafíos.

La informatización y digitalización del proceso requiere de la creación en los sistemas informáticos de los distintos elementos que pretendemos analizar en la vida real. Estos elementos no pueden codificarse únicamente mediante un nombre en formato texto, ya que esta estrategia hace al sistema vulnerable a cambios de nomenclatura, por lo que es habitual el uso de **códigos** numéricos o alfanuméricos, sin significado en sí mismos, ligados a la representación en texto con el nombre de la entidad representada. Estos códigos vuelven más operativas y más robustas las bases de datos y el intercambio de información, habilitando una capa de abstracción adicional para que los sistemas puedan funcionar y comunicarse, independientemente de los cambios en el nombre de los elementos.

Sin embargo, estas codificaciones suelen ser **propias** de cada sistema, lo que genera un fenómeno conocido en informática como **babelización** de los sistemas. Cada sistema informático utiliza sus propios códigos, que no son comprensibles para los demás. En muchas ocasiones, incluso un mismo *software* implantado en dos centros distintos carecerá de una codificación común. Igualmente, dos *softwares* de la misma institución (por ejemplo, sistema de Historia Clínica (HIS) y Sistema de Información de Laboratorio (SIL) pueden tener requerimientos de codificación distintos. Por ello, el intercambio de datos requiere de la creación y mantenimiento de **mapeos** entre los códigos, lo que puede convertirse en una tarea que consume bastante tiempo y sea muy vulnerable a errores.

En esencia, nos encontramos ante un problema de **interoperabilidad** de sistemas.

1.1. LA INTEROPERABILIDAD ENTRE SISTEMAS

Para que dos sistemas informáticos cualesquiera puedan trabajar juntos, se requiere de una serie de capas de interoperabilidad:

- **Interoperabilidad técnica:** consiste en la capacidad de los sistemas para transmitir y comunicar datos entre ellos. Incluye los protocolos de comunicación como HTTP (*Hypertext Transfer Protocol*), TCP/IP (*Transfer Control Protocol/Internet Protocol*), HL7 MLLP (*Health Level 7 Minimum Lower Layer Protocol*).

- **Interoperabilidad sintáctica:** una vez los sistemas son capaces de intercambiar datos de extremo a extremo, este nivel define la estructura de dichos datos para que puedan ser leídos. Algunos ejemplos son HL7v2 (*Health Level 7 version 2*), FHIR (*Fast Healthcare Interoperability Resources*), ASTM (*American Society for Testing and Materials*), o simplemente archivos tabulares separados por comas (*Comma-Separated Values, CSV*) con estructuras predefinidas.

- **Interoperabilidad semántica:** una vez los sistemas intercambian información estructurada, este nivel pretende garantizar que el significado de la información es equivalente en ambos sistemas. En este nivel es donde encontramos estándares como LOINC (*Logical Observation Identifiers Names and Codes*) y SNOMED CT (*Systematized Nomenclature of Medicine – Clinical Terms*), así como otros como ICD-10 (*International Classification of Diseases*).

- **Interoperabilidad organizativa:** en un nivel superior encontramos los acuerdos y políticas dentro o entre organizaciones, para que el intercambio de datos sea efectivo.

- **Interoperabilidad legal:** en el punto más elevado se encuentra la necesidad de que las regulaciones y aspectos éticos sobre el uso de la información sean comunes para poder intercambiarla con seguridad.



Figura 1: Pirámide de interoperabilidad

Los primeros dos niveles se encuentran en un nivel más “interno” de los sistemas informáticos, son esencialmente técnicos y habitualmente no requieren intervención por parte de especialistas en el área de conocimiento. Sin embargo, a partir del tercer nivel (interoperabilidad semántica), empezamos a hablar de **significado**, por lo que se requiere de conocimiento sobre el área de trabajo. Es decir, debe ser un trabajo realizado por **especialistas del área** y no únicamente por especialistas en sistemas. Ese nivel es el tema central del presente documento.

1.2. INTEROPERABILIDAD SINTÁCTICA: EL ESTÁNDAR HL7 Y EL NUEVO ESTÁNDAR FHIR.

Aunque este documento se va a centrar en la interoperabilidad semántica, hemos considerado oportuno dedicar unas líneas a la explicación de los estándares sintácticos principales en sanidad: HL7v2, FHIR y ASTM. Estos estándares sustentan el día a día de intercambio de datos entre nuestros sistemas, y existen decisiones en LOINC o SNOMED-CT que tienen como origen la sintaxis habitual de HL7 (*Health level 7*).

Estos estándares proporcionan una estructura de datos predecible, permitiendo que los sistemas puedan procesarlos e integrarlos de forma consistente. HL7 es el estándar de mensajería clínica más usado y extendido, particularmente su segunda versión (HL7v2). Consiste en mensajes en **texto plano**, con la siguiente estructura:

- **Segmentos:** se corresponden con líneas de texto. Cada segmento comienza por un código que lo identifica. Por ejemplo, PID para datos del paciente, OBR para las solicitudes, OBX para los resultados.
- **Campos:** cada segmento se separa en campos, que se separan por el delimitador pipe (|).
- **Subcampos:** dentro de cada campo, se pueden establecer subcampos, que se separan por el delimitador circunflejo (^).
- **Orden fijo:** los campos y subcampos siempre se presentan en el mismo orden.

Un ejemplo sería:

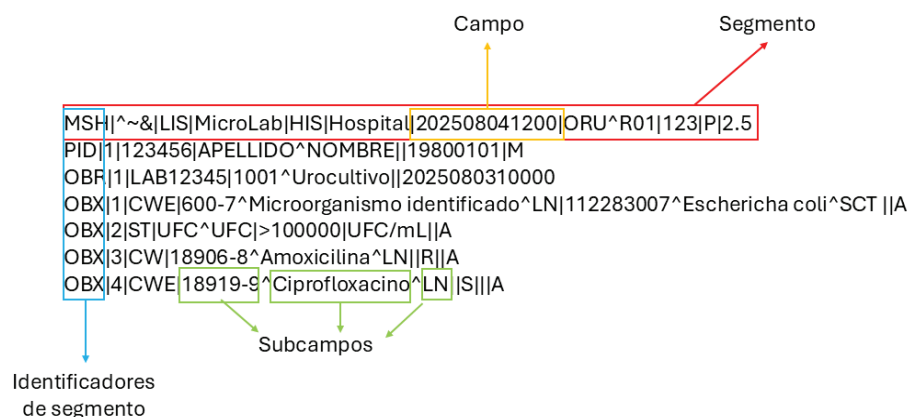


Figura 2: Ejemplo de mensaje HL7v2 con datos ficticios

El bloque anterior representa un mensaje HL7v2 ficticio en el que se responde con los resultados de un urocultivo en el que se aísla un *Escherichia coli* con un recuento de más de 100.000 UFC/mL, resistente a amoxicilina y sensible a ciprofloxacino.

HL7 es mantenido por HL7 International, organismo responsable de su actualización y difusión. En los últimos años, HL7 International ha desarrollado un nuevo estándar orientado a entornos web modernos. Este nuevo estándar es HL7 FHIR (*Fast Healthcare Interoperability Resources*). FHIR utiliza formatos JSON (*JavaScript Object Notation*) o XML (*Extensible Markup Language*) y organiza la información en **recursos** con campos **bien definidos**, siguiendo una estructura de diccionario de claves y valores.

Una versión reducida del mensaje anterior en FHIR con estructura JSON, sería:

```

{"subject": {"reference": "Patient/123456"},
  "effectiveDateTime": "2025-08-03T10:00:00+02:00",
  "component": [
    {
      "code": {"coding": [{"system": "http://loinc.org", "code": "600-7", "display": "Microorganismo identificado"}]},
      "valueCodeableConcept": {"coding": [{"system": "http://snomed.info/sct", "code": "112283007", "display": "Escherichia coli"}]}
    },
    {
      "code": {"coding": [{"system": "http://hospital.org/local", "code": "UFC", "display": "Unidades Formadoras de Colonias"}]}
    }
  ],
  "valueQuantity": {"value": 100000, "comparator": ">", "unit": "UFC/mL"}
},
{
  "code": {"coding": [{"system": "http://loinc.org", "code": "18906-8", "display": "Amoxicilina [Susceptibilidad]"}]},
  "valueCodeableConcept": {"coding": [{"system": "http://snomed.info/sct", "code": "30741006", "display": "Resistant"}]}
}
},
{
  "code": {"coding": [{"system": "http://loinc.org", "code": "18919-9", "display": "Ciprofloxacino [Susceptibilidad]"}]},
  "valueCodeableConcept": {"coding": [{"system": "http://snomed.info/sct", "code": "131196009", "display": "Susceptible"}]}
}
]
}
  
```

Figura 3: Ejemplo de mensaje FHIR en formato JSON. El formato JSON permite un juego de estructuras tipo diccionario anidadas, ideal para representar relaciones complejas de datos. El ejemplo ha sido simplificado intencionalmente y solo tiene fines ilustrativos.

Aunque FHIR sigue las convenciones más modernas en intercambio de datos de la web, su implantación todavía es menor por esa misma razón. Igualmente, su estructura es más compleja, pero eso también lo enriquece. Por ejemplo, FHIR permite referenciar varios sistemas de codificación en el mismo mensaje, cosa que no es tan sencilla con HL7v2.

Respecto a ASTM (*American Society for Testing and Materials*) corresponde a un estándar sintáctico previo a la hegemonía de HL7. Es muy similar a este, dividiéndose en bloques de texto delimitados, aunque su sintaxis es diferente. Aunque ya se implementa poco, todavía pueden encontrarse sistemas que lo aplican.

2. LA INTEROPERABILIDAD SEMÁNTICA EN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA

Como se ha comentado previamente, la capa semántica de la interoperabilidad pretende garantizar que representaciones de la misma información en sistemas distintos conserven el mismo significado.

Para ilustrarlo con un ejemplo, supongamos que dos centros codifican una prueba treponémica para el diagnóstico de sífilis basada en detección de IgG. Se puede dar la situación de que el primer centro decida codificarlo como “Sífilis IgG (CLIA)” y el segundo opte por llamarlo “IgG anti-*T. pallidum* [CLIA]”. Ambas pruebas son la misma, pero esto solo es evidente cuando se tienen conocimientos específicos. Si el primer centro requiere intercambiar datos con el segundo centro, este tipo de mapeos deberían crearse manualmente por un especialista, lo que consume tiempo y es propenso a errores.

La interoperabilidad semántica funciona asociando a estos registros una codificación externa en la que cada concepto existe de forma única y correctamente definida y detallada. Esa codificación se conoce como **estándar semántico**. Los estándares semánticos permiten que se intercambie información de forma no ambigua y con un significado compartido. Existen varios, en función del área de conocimiento o la intención de uso. En este documento nos centraremos en los dos más utilizados en Microbiología Clínica: LOINC y SNOMED CT.

El uso de estándares semánticos como apoyo a la codificación del SIL presenta una serie de ventajas que compensan lo tedioso de la tarea en sus primeras fases. Una definición estandarizada resultará más fácil de migrar ante un cambio de SIL. Los intercambios de datos con otros centros o con los sistemas de Salud Pública y vigilancia epidemiológica tenderán a volverse más sencillos. Si el HIS también implementa una definición estandarizada, el mantenimiento de las equivalencias entre HIS y SIL se vuelve más sencillo. Además, el uso de estándares fomenta buenas prácticas de codificación, lo que en el largo plazo se traducirá en mejor mantenimiento y menores incidencias.

Es importante destacar que LOINC o SNOMED CT no deben utilizarse como códigos primarios del SIL. Cada software debe mantener su propia codificación interna. LOINC o SNOMED CT se **asocian** a ese código interno para que otros sistemas obtengan el significado al recibir la información. Eso no exige de que la codificación del SIL debe ser estandarizable, es decir, se tiene que poder asociar a estos códigos externos **sin ambigüedades**. Una vez establecida la relación entre un código local y un código LOINC o SNOMED CT, no es recomendable cambiar dicha asociación salvo que se esté muy seguro de que se conserva el significado. Por ejemplo, podría cambiarse la asociación si ponemos un nuevo código LOINC más detallado que el anterior, y estamos seguros de que ese elemento siempre ha almacenado información de ese nivel de detalle. No debe cambiarse la asociación si hay cambios relevantes en el significado. Por ejemplo, pasar de una técnica de Hemaglutinación a un CLIA. En ese caso, debería crearse un código nuevo con una nueva asociación para los nuevos registros.

2.1. LOINC

LOINC es el acrónimo de *Logical Observation Identifiers Names and Codes*. Se trata de un estándar internacional para la codificación de documentación clínica y pruebas diagnósticas, en sentido amplio. Esto implica que LOINC no solo codifica pruebas diagnósticas de laboratorio, sino que también contiene codificaciones para otros registros clínicos que pueden ir desde mediciones de peso y altura a estudios radiológicos,

formularios y scores clínicos. Por ello, LOINC se divide inicialmente en dos grandes bloques: **LOINC de Laboratorio y LOINC Clínico**. En el LOINC de Laboratorio encontramos, dividido a su vez en subgrupos, las pruebas relacionadas con la Microbiología Clínica y también otras especialidades de laboratorio como Hematología, Bioquímica, Inmunología, etc.

Un término LOINC se encuentra formado por un **código** único, que tiene a su vez asociado una serie de **nombres**:

- El Fully Specified Name (FSN) corresponde al nombre **completo e inequívoco**. Por ello, a su vez, es poco práctico para su uso habitual.
- El Long Common Name (LCN) es un nombre único en la base de datos, pero que omite los detalles que pueden considerarse implícitos y expresa otros de forma más legible. Es el más utilizado.
- El Short Name es un nombre basado en el LCN, pero más breve y que utiliza acrónimos para su descripción.
- El Display Name es un nombre basado en el LCN, pero pensado para ser más amigable con el usuario.

Por ejemplo, nuestro concepto previo de anticuerpos IgG frente a *Treponema pallidum* se corresponde con el código LOINC 47238-1 que contiene los nombres:

- **FSN:** *Treponema pallidum* Ab.IgG:PrThr:Pt:Ser:Ord:IA
- **LCN:** Treponema pallidum IgG Ab [Presence] in Serum by Immunoassay
- **Short Name:** *T pallidum* IgG Ser QI IA
- **Display Name:** *T. pallidum* IgG IA QI (S)

No es obligatorio, y puede que ni siquiera recomendable, usar el nombre LOINC directamente en la interfaz clínica. Es habitual tener un nombre local bien definido, pero más claro, y es este nombre el que se presenta en los informes y resultados.

Cada término LOINC, a su vez, se estructura en seis ejes o partes principales, aunque no todos ellos son obligatorios. Estos ejes corresponden a los términos expresados en el FSN. Estos ejes son:

- **Componente:** corresponde a la sustancia o entidad que es observada o medida. Equivalente, en parte, al concepto Analito. En el ejemplo anterior, el componente es *Treponema pallidum* Ab.IgG
- **Propiedad:** hace referencia a la característica o atributo del analito. En el ejemplo anterior, es PrThr, que en LOINC significa “*Presence/Threshold*” y se usa para pruebas que detectan Presencia tras un determinado umbral de detección.
- **Tiempo:** Este eje hace referencia al tiempo de medición. En nuestro ejemplo, Pt, punto de tiempo.
- **Sistema:** Hace referencia a la sustancia o matriz analizada. En nuestro código previo es Ser, que quiere decir *Serum*, Suero.
- **Escala:** hace referencia a como se expresa el valor. En nuestro ejemplo es Ord, Ordinal, al ser un código de Presencia/Ausencia.
- **Método:** Campo declarado opcional que hace referencia a la metodología utilizada para obtener la medición. En nuestro ejemplo es IA, *Immunoassay*.

Al margen de las partes mayores, existen otra serie de atributos asociados a un código LOINC. Entre otros:

- **Estado:** indica si el código es **activo** (*active*), retirado (*deprecated*) o se recomienda **no usar** (*discouraged*). Es importante tener en cuenta que en LOINC no se borran los términos, sino que se marcan con los estados.
- **Order/Observation:** indica si el código es exclusivo para una **solicitud** (*order*), como código **respuesta** para resultados (*observation*) o **ambos** (*Both*). Esta última es la más frecuente para muchas pruebas.
- **Clase:** grupo de pruebas al que pertenece. En nuestro caso, generalmente es Micro.
- **Versión** de LOINC en la que el término apareció por primera vez y última versión en la que fue modificado.

Tabla 1: Ejemplos de códigos LOINC desglosados por las partes del término. Como puede observarse, el eje método es opcional.

Código	LCN	Componente	Propiedad	Tiempo	Sistema	Escala	Método	FSN
47238-1	<i>Treponema pallidum</i> IgG Ab [Presence] in Serum by Immunoassay	<i>Treponema pallidum</i> Ab.IgG	PrThr	Pt	Ser	Ord	IA	<i>Treponema pallidum</i> Ab.IgG:PrThr:Pt:Ser:Ord:IA
33006-8	Cytomegalovirus DNA [#volume] (viral load) in Specimen by NAA with probe detection	Cytomegalovirus DNA	NCnc	Pt	XXX	Qn	Probe.amp.tar	Cytomegalovirus DNA:NCnc:Pt:XXX:Qn:Probe.amp.tar
6463-4	Bacteria identified in Specimen by Culture	Bacteria	Prid	Pt	XXX	Nom	Culture	Bacteria:Prid:Pt:XXX:Nom:Culture
42176-8	1,3 beta glucan [Mass/volume] in Serum	1,3 beta glucan	MCnc	Pt	Ser	Qn		1,3 beta glucan:MCnc:Pt:Ser:Qn
664-3	Microscopic observation [Identifier] in Specimen by Gram stain	Observation	Prid	Pt	XXX	Nom	Gram stain	Observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram stain
43387-0	<i>Neisseria</i> sp identified in Specimen by Organism specific culture	<i>Neisseria</i> sp	Prid	Pt	XXX	Nom	Organism specific culture	<i>Neisseria</i> sp:Prid:Pt:XXX:Nom:Organism specific culture

2.1.1. Estructura general de las partes LOINC

La estructura y nomenclatura de las partes de un código LOINC sigue unas pautas que permiten estandarizar y volver dicha estructura predecible. A continuación, vamos a desarrollar las características generales aplicadas a Microbiología Clínica. Una información más detallada puede encontrarse en <https://loinc.org/kb/users-guide/major-parts-of-a-loinc-term/>

Componente

El componente hace referencia al elemento analizado por la prueba, y en muchos casos, puede considerarse equivalente al concepto analito (aunque no siempre).

La nomenclatura del componente se estructura a través de 3 subpartes: el nombre principal, que incluye el analito principal y sus subclases, una subparte para almacenar disparadores o factores temporales y una posición adicional para estandarización. Estas subpartes se separan por el circunflejo (^). En muchas circunstancias, solo se incluye la primera parte, siendo las dos siguientes opcionales para perfilar el componente.

En microbiología, por razones obvias, es habitual que el componente contenga el nombre sistemático del microorganismo, no utilizándose nunca el de la enfermedad ni acrónimos. En el caso de pruebas de ácidos nucleicos, el nombre del patógeno incorpora DNA o RNA, en función del caso. En el caso de detección de antígenos o anticuerpos, se añade Ag y Ab respectivamente.

El isotipo de un anticuerpo se indica como subclase de un componente, separándolo por un punto. Así, la IgG sería <nombre del microorganismo> Ab.IgG. En el caso de fracciones de IgG, se indican directamente como subclases separadas (Ab.IgG1).

Cuando el componente supone la detección de más de un analito de forma simultánea, estos se indican separados por el símbolo +. Por ejemplo, una detección simultánea de IgG e IgM (pero sin discriminación entre ambos) se indicaría como <nombre del microorganismo> IgG+IgM. Esto se aplica a todos los elementos detectados juntos. Por ejemplo, podemos tener *Human papilloma virus* 16+18+31+33+35+45+51+52+56 DNA. Cuando las técnicas devuelvan los resultados de forma independiente, se debe registrar en campos separados. Existen códigos LOINC antiguos con las subclases separadas por &, que pretendían modelar la detección separada de pruebas en un único código, pero su uso ya no está recomendado y queda restringido a códigos de **petición** (*order*), que serán posteriormente desdoblados en sus determinaciones independientes o, en ocasiones, a códigos que reflejan interpretaciones en conjunto de detecciones individuales, como en la interpretación de bandas en serología.

Propiedad

La propiedad describe la naturaleza de la información registrada. Existe un número muy elevado de propiedades LOINC según el área de conocimiento, por lo que solo vamos a resaltar las principales:

a. Propiedades cuantitativas

- Concentraciones, como **MCnc** (Masa/Concentración).
- Concentraciones arbitrarias (**ACnc**), para relaciones como unidades/vol o copias/volumen e índices serológicos.
- **ThreshNum** para valores como ciclos umbral de PCR (Ct).
- **Titer**: para cuantificaciones serológicas o similares, con la estructura 1:8, 1:16...
- **NCNCRange**: categoría creada para informar cuantificaciones semicuantitativas, habituales en nuevas técnicas moleculares o recuentos de colonias.

b. Propiedades cualitativas

- **PrThr** (Presencia/Umbral): presencia o ausencia de un analito tras el análisis de una determinada señal. Es el utilizado en las técnicas que devuelven “Positivo/Negativo” o calificadores similares.
- **Prid** (Presencia/identificación): utilizado cuando se espera un resultado de tipo “Negativo” o, en caso de positividad, una identificación. Es muy habitual en Microbiología en pruebas de tipo cultivo.
- **Type**: similar a Prid, pero se usa cuando ya hay una identificación previa ya conocida. Por ejemplo, para el serotipado de patógenos como *S. pneumoniae*.

Sistema

El sistema se refiere al espécimen en el que se va a realizar el análisis. El uso de códigos específicos por espécimen puede ser útil en contextos con una baja dimensionalidad de estos, como en Bioquímica Clínica o Hematología, pero en áreas como la Microbiología Clínica, el elevado número de especímenes a estudiar vuelve esta opción poco práctica en muchas situaciones.

LOINC posee una categoría de sistema especial, llamada Specimen y codificada como XXX. Los códigos LOINC con la codificación XXX son códigos agnósticos al espécimen, lo que quiere decir que no asumen ningún tipo de muestra en concreto.

El uso de códigos XXX es la opción preferida en muchos de los contextos recogidos en este documento.

Algunas excepciones a esta recomendación son:

- El SIL carece de campo específico para guardar el *especimen* (poco habitual actualmente).
- La prueba tiene validaciones muy concretas para tipos de muestra.
- Representaciones de cultivos concretos por localización, como el urocultivo y el hemocultivo.
- Pruebas con interpretaciones clínicas o puntos de corte muy diferentes por espécimen. Un ejemplo es la serología convencional en suero y los estudios serológicos en líquido cefalorraquídeo.
- Necesidades adicionales del laboratorio (gestión de sufijos, problemas en las comunicaciones, control del sistema de peticiones...).

El uso de códigos espécimen-específicos no exime del registro adecuado del espécimen en el campo correspondiente (si este existe, obviamente).

El sistema de LOINC no tiene que ser exactamente la muestra detallada. Por ejemplo, es habitual que las pruebas serológicas indiquen el sistema **Serum or Plasma**, indicando que la prueba es válida en las dos sustancias. También existen agrupaciones de mayor orden, como puede ser **Lower respiratory specimen**.

Tiempo

El eje de tiempo en LOINC representa la ventana de tiempo a la cual hace referencia la medición representada por el código. En Microbiología, se usa de forma invariable la dimensión *Point of time* (Pt), punto de tiempo, que refleja que los estudios son realizados en muestreos puntuales en el tiempo. Ejemplos de otras dimensiones temporales que sí incluyen intervalos serían los análisis en orina de 24 horas, como **21526-9 Sodium [Mass/volume] in 24 hour Urine** o mediciones promedias, como puede ser **8489-7 Systolic blood pressure 12 hour mean**. Pero estas situaciones no son habituales en Microbiología.

Es importante tener claro que la dimensión tiempo hace referencia al **intervalo de medición** de esa prueba concreta y no a otras nociones temporales como puede ser la convalecencia de una enfermedad o la toma seriada de muestras. Estos casos, si es necesario, se indican como subpartes del componente.

Escala

La escala hace referencia al formato de expresión del resultado. Por tanto, se encuentra muy relacionada con la Propiedad. Existen varios tipos de escala de las que las principales son:

- Cuantitativa (**Qn**) para números.
- Ordinal (**Ord**) para resultados cualitativos con jerarquía interna (como Positivo/Negativo).
- Semicuantitativa (**SemiQn**) para expresión de rangos interválicos.
- Nominal (**Nom**): para resultados categóricos sin capacidad de ordenado, como pueden ser los microorganismos.
- Ordinal o Cuantitativo (**OrdQn**) un caso muy utilizado en sensibilidad antimicrobiana, que indica que el resultado puede ser Ordinal (Sensible/Resistente) o numérico (CMI o halo de inhibición).

Método

El método es un eje **opcional** de LOINC pero que en Microbiología suele tener valor. Como su nombre indica, el método hace referencia a la metodología utilizada para la medición. La lista de valores del método es enorme y se desarrollará en cada apartado específico.

2.1.2. Herramientas para mapear con LOINC

No es propósito de este documento realizar un tutorial detallado sobre cómo mapear con LOINC, ya que para esto existe información suficiente en la base de conocimiento de LOINC, pero vamos a reseñar brevemente las herramientas principales:

RELMA es un *software* instalable para Windows que ofrece funcionalidades de soporte para el mapeo. Su instalación es gratuita y existen guías de uso en las bases de información generales de LOINC.

SearchLOINC es una herramienta web provista por el propio Instituto Regenstrief que permite buscar conceptos, establecer filtros y visualizar relaciones jerárquicas. Se puede usar a través del enlace <https://loinc.org/search/> pero se requiere poseer una cuenta oficial en LOINC (que es gratuita).

Además de estas herramientas, cada versión de LOINC se libera para su descarga a través del enlace <https://loinc.org/downloads/>. Al igual que en *SearchLOINC*, se requiere una cuenta para acceder a su descarga, pero no es necesario indicar información adicional, salvo el acuerdo de la licencia de uso. Una vez descargados, se dispone de distintos ficheros tabulares en formato CSV con los datos correspondientes a esa versión.

Existe también una API REST basada en FHIR disponible a través de <https://fhir.loinc.org>. El uso de APIs REST requiere de conocimientos avanzados de programación y recursos web, por lo que queda fuera del alcance de este documento.

Si en la fase de mapeo se detecta que faltan códigos LOINC para el objetivo buscado, pueden solicitarse a través de <https://loinc.org/submissions/>.

2.1.3. Exámenes microscópicos

El examen microscópico comprende diversas técnicas, entre ellas la microscopía óptica sin procesamiento previo, la microscopía de campo oscuro, las tinciones y distintas preparaciones que se realizan en portaobjetos, como las preparaciones en fresco, con hidróxido de potasio (KOH) y las extensiones o frotis. Las pruebas de inmunofluorescencia, aunque son observaciones al microscopio, serán abordadas en el bloque de serología.

En función de si existe sospecha preestablecida o no y de si se pretende devolver un resultado **identificador** (una morfología o identificación de patógeno o un resultado **calificador** (presencia o no de

determinado patógeno) se dispone de distintos códigos LOINC en función del propósito.

Componente

En la elección del código LOINC adecuado para la prueba que queremos codificar, el componente es uno de los aspectos más relevantes. En el caso de las observaciones microscópicas, nos encontramos con cuatro situaciones principales:

1.No existe sospecha de un patógeno concreto. Por ejemplo, una Tinción de Gram. En este caso, existe un componente “genérico” denominado **Observation**, por ejemplo **664-3 Microscopic observation [Identifier] in Specimen by Gram stain**. En estos casos, por fuerza, se requiere una propiedad **Prid**, ya que se espera la identificación de una morfología o estructura.

2.Se busca un patógeno o familia concreta. Si existe una sospecha específica, el componente contiene el nombre sistemático del microorganismo, como *Trichomonas vaginalis*, o *Schistosoma* sp. La elección entre **Prid** o **PrThr** dependerá del tipo de resultado (identificación vs. presencia/ausencia).

3.Hallazgos celulares y no microbianos. Además de los microorganismos, en los exámenes microscópicos es habitual observar e informar otros elementos no microbianos, como leucocitos, eritrocitos, células epiteliales, células clave, levaduras, cristales, cilindros u otros componentes presentes en el sedimento urinario o en el microbioma genital. Estos elementos disponen de componentes LOINC específicos y se recomienda su codificación independiente, evitando mezclarlos con la interpretación morfológica microbiana en un único resultado.

4.Elementos y formas parasitarias. En el estudio coproparasitológico, existen componentes específicos para distintas formas parasitarias, tales como huevos, larvas, trofozoitos, quistes, ooquistes o combinaciones de todos ellos. La codificación puede hacer referencia a la forma vegetativa del parásito, como *Giardia lamblia*, o al elemento parasitario observado, cuando ésta tiene relevancia diagnóstica. LOINC distingue entre pruebas cuyo objetivo es detectar la presencia del parásito de aquellas que permiten una identificación específica a nivel de especie o forma parasitaria. Existen, además, el componente Ova and parasites para las pruebas de búsqueda de formas parasitarias generales.

Propiedad y escala

Respecto a la propiedad y a la escala del concepto LOINC, dependerá del tipo de resultado y cómo se quiere informar. En el caso de pruebas con componente “genérico”, la propiedad será generalmente de Presencia/Identificación (**Prid**) y escala Nominal (**Nom**), ya que se espera que se devuelva como resultado algún tipo de identificador (bacilos gramnegativos, cocos grampositivos....

En el caso de componentes específicos de determinados taxones, la estrategia depende de cómo se quiera expresar el resultado. Generalmente los códigos que hacen referencia a un patógeno específico al nivel de especie, suelen llevar la propiedad Presencia/Umbral (**PrThr**) con escala Ordinal (**Ord**), debido a que se espera un juego de respuestas del tipo “Detectado/No detectado”. Por contra, aquellos de nivel de género o familia se espera que el resultado contenga una especificación de la especie identificada, por lo que acostumbran a llevar igualmente **Prid** y **Nom**.

Por ejemplo, **10715-1 Schistosoma sp identified in Urine sediment by Light microscopy** espera que se responda con resultados tipo “*Schistosoma haematobium*”, “*Schistosoma mansoni*” o similar. Por otra parte, **32766-8 Trichomonas vaginalis [Presence] in Specimen by Wet preparation** espera respuestas del tipo “Positivo/Negativo”.

Sistema

Respecto a la elección del sistema, se deben seguir las recomendaciones generales. En caso de pruebas en las que el espécimen estudiado no sea especialmente relevante, es más recomendable optar por códigos del tipo Specymen-XXX. Por otra parte, en determinadas circunstancias el espécimen es especialmente relevante y no existen códigos genéricos. Un ejemplo de esto sería el código de *Schistosoma* mostrado más arriba.

Método

Los métodos principales para las técnicas de microscopía son:

- **Microscopy.Light:** representa una visualización simple al microscopio, generalmente sin tinciones ni preparaciones especiales.
- **Wet preparation:** como su traducción indica, es el método habitual para preparaciones húmedas para examen en fresco, habituales en el estudio de muestras genitales.
- **Gram stain:** método para la tinción de Gram.

Existen a su vez metodologías más específicas como puede ser *KOH preparation* o *thick film* (gota gruesa) y *thin film* (extensión fina), habitual en malaria y otros parásitos hemáticos.

Ejemplos de codificación

La tabla siguiente muestra el patrón de nomenclatura habitual en LOINC para los distintos tipos de exámenes microscópicos:

Tabla 2: Partes LOINC en pruebas de observación microscópica en función del tipo de resultado

Tipo de resultado	Componente	Propiedad	Escala	Método
Ausencia o presencia de las características e identidad de un microorganismo desconocido	Observación microscópica	Prid	Nom	Tipo de tinción Examen en fresco Extensión fina/gruesa
Microscopía para identificar la ausencia o presencia del tipo de microorganismo sospechoso	Nombre del microorganismo	Prid	Nom	Microscopía óptica
Presencia o ausencia del microorganismo sospechoso	Nombre del microorganismo	PrThr	Ord	Microscopía óptica Tipo de tinción Examen en fresco Examen con KOH
Examen en fresco para identificar bacterias, hongos o amebas que estén presentes	Bacteria, hongo o ameba identificada	Prid	Nom	Examen en fresco
Examen parasitológico para identificar huevos y parásitos	Huevos y parásitos identificados	Prid	Nom	Tipo de tinción o metodología

Se han seleccionado unos ejemplos de códigos LOINC frecuentes para ilustrar la estrategia de codificación. Los ejemplos son ilustrativos y no implican que sean necesariamente la mejor opción disponible.

664-3 Microscopic observation [Identifier] in Specimen by Gram stain

Este código representaría una tinción de Gram realizada sobre cualquier muestra y que espera cualquier resultado del tipo identificador, como pueden ser bacilos gramnegativos, cocos grampositivos, etc...

72163-9 Leukocytes [Presence] in Specimen by Gram stain

Ese código está pensado para almacenar específicamente la información sobre presencia de leucocitos en cualquier muestra en una tinción de Gram. Al ser un código de presencia, sus resultados podrían ser Positivo/Negativo, pero es más habitual utilizar calificadores del tipo "Ninguno/Escasos/Moderados/Abundantes". Como norma general, codificar los leucocitos en un campo separado es una codificación más limpia y también más explotable. No se recomienda codificar los resultados con expresiones poco semánticas como pueden ser el uso de cruces.

637-9 *Plasmodium* sp. identified in Blood by Thick film

Código para la gota gruesa. Se espera que se responda con un negativo o, en caso positivo, con la identificación de la especie de Plasmodium.

10710-2 *Plasmodium* sp. identified in Blood by Thin film

Versión del código anterior para la extensión fina.

10701-1 Ova and parasites identified in Stool by Concentration

Código para un concentrado de heces para estudio coproparasitológico. En este caso, se espera que el resultado sea un identificador de microorganismo, generalmente con la característica de la forma biológica identificada (larva, trofozoíto...).

2.1.4. Cultivos

El objetivo de los cultivos es el aislamiento del microorganismo causante de la infección y establecer su perfil de sensibilidad a los antimicrobianos. El tipo de cultivo y las condiciones de incubación van a depender del tipo de muestra y de los microorganismos que se consideren responsables de la infección o colonización. Además de estos cultivos generales, pueden ser necesarios otros más específicos, de microorganismo o grupo de microorganismos, a partir de los cuales habitualmente son necesarios estudios complementarios basados en características bioquímicas, antigénicas u otras, para la identificación final del microorganismo. Los estudios de cultivo presentan ciertas particularidades para su codificación. No son pruebas cerradas, y pueden enfrentarse con diferentes estrategias no del todo estandarizadas, por lo que la codificación de estas pruebas puede ser muy variable en función del contexto y las políticas locales. El uso de LOINC nos permite controlar esa variabilidad dentro de un juego controlado de configuraciones.

Componente

En el contexto de las pruebas de cultivo, el componente de un código LOINC puede resultar extraño en un primer vistazo. El componente representa el microorganismo estudiado. En el caso más genérico (sin una sospecha clara), el componente más habitual es **Bacteria**. Cuando nos encontramos sin una sospecha clara, pero el cultivo va dirigido a hongos, tenemos **Fungus**. Algo similar ocurre en los cultivos virales, donde tenemos **Virus**.

En el caso de cultivos dirigidos a familias o grupos concretos, el componente viene dado por el nombre de dicha familia o grupo. Así, un cultivo dirigido contra *Neisseria* tiene como componente *Neisseria* sp.

Es importante resaltar que el componente hace referencia a la **optimización** del cultivo, pero no es necesariamente restrictivo sobre lo que se puede informar, siempre que los códigos tengan como propiedad Presencia/Identificación. Así, un hongo que crece en un cultivo codificado como **Bacteria** puede informarse en ese mismo código sin ningún problema.

En el caso de codificación de **recuentos de microorganismos**, esto también se refleja en el componente, con códigos del estilo *Bacteria colony count*.

Propiedad y escala

Lo habitual en los cultivos es informar el crecimiento de especies concretas de microorganismos identificados. Así, lo más habitual es encontrar el juego de propiedad Presencia/Identificación (Prid) y escala Nominal (Nom). En estos casos, lo habitual es que las respuestas viajen como resultados codificados en SNOMED CT (ver el apartado correspondiente).

Existen también códigos con el juego Presencia/Umbral (PrThr) y Ordinal (Ord). Estos códigos suelen ser con componentes organismo-específicos, para informar dichos resultados como “Detectado/No detectado” o “Positivo/Negativo”. El uso de esta estrategia presenta una limitación clara: solo permite informar la presencia o ausencia del microorganismo sospechado, pero no permite informar otros hallazgos no esperados. Por ejemplo, si realizando un cultivo codificado como ***Neisseria gonorrhoeae* [Presence]** nos encontraremos con el crecimiento de *Neisseria meningitidis* y si se quisiera informar, no podríamos, ya que se espera de ese resultado un Positivo o Negativo a *N. gonorrhoeae*. Por tanto, no se recomienda el uso de esta estrategia salvo que se tenga muy clara dicha limitación.

En el caso de los recuentos de colonia, lo habitual es usar escalas Cuantitativas (Qn) con propiedades del tipo NCnc, que es la propiedad habitual para rangos semicuantitativos. Pueden encontrarse otras propiedades como Num, si se quiere reportar el valor exacto.

Sistema

El uso del sistema en este contexto depende en gran medida del uso que el laboratorio quiera hacer de dicha codificación. En el caso de procedimientos como el hemocultivo o el urocultivo, ese detalle no se almacena en el campo método, sino que se usa el campo Sistema para reflejar esa realidad. Así, el código para un urocultivo sería **630-4 Bacteria identified in Urine by culture**.

Más allá de los contextos más clásicos y estándar (urocultivo, hemocultivo, la estrategia de codificación dependerá de las políticas locales. Es importante tener en cuenta que, aunque tendemos a agrupar estas pruebas dentro del paraguas general de “Cultivo” el procesamiento habitualmente es diferente en función de las localizaciones estudiadas, variando el tipo de placas utilizadas, los tiempos de incubación y los aislamientos que se consideran clínicamente relevantes en una localización o en otra. La configuración concreta y el grado de granularidad que se quiera en el sistema (LOINC tiene agrupaciones de muestras como se ha visto) dependerá de los protocolos de siembra, el nivel de automatización y digitalización del laboratorio, así como de la estrategia de análisis de datos. La recomendación aquí es utilizar una estrategia consistente, predecible y apoyada en el estándar, de tal manera que se puedan integrar los resultados de fuentes de orígenes distintos de manera controlada.

No debemos confundir la parte Sistema del código LOINC, con la información concreta del espécimen donde se ha aplicado el procedimiento, que debe reflejarse en otro campo de la mensajería. La elección del código LOINC para un procedimiento de cultivo va a depender, como se acaba de comentar, del protocolo de inoculación de medios de cultivo, tiempos de incubación, etc.; y por ello el factor más importante para su definición es el grupo de muestras donde se aplicará el procedimiento, y por tanto el eje sistema del código LOINC.

Método

En el caso de los cultivos tenemos varios métodos habituales:

- Cultivo (*Culture*): Método genérico en el que se incluirían todos los cultivos.
- Cultivo aeróbico (*Aerobic culture*): condiciones de incubación aeróbicas.
- Cultivo anaeróbico (*Anaerobic culture*): condiciones de incubación anaerobias.
- Cultivo específico de organismo (*Organism specific culture*): optimizados para el aislamiento de microorganismos específicos por las características de los medios y de incubación utilizadas.

Es habitual utilizar *Culture* en los contextos generales en los que no existe búsqueda de anaerobios, y dividir entre Aerobio y Anaerobio cuando se haga dicha búsqueda selectiva. En aquellas situaciones en las que se requiera el uso de un solo código para ambos procedimientos, LOINC contiene el método *Anaerobe +Aerobe Culture*. Actualmente, existen pocos códigos creados que usen este método, lo que provoca que se acabe recurriendo a códigos con el método *Culture*, generando inconsistencia en la codificación. Es esperable que en el futuro se disponga de más códigos *Anaerobe+Aerobe* que permitan disponer de una codificación más coherente. Existen métodos específicos para otras situaciones. Por ejemplo, para los cultivos virales en Shellvial tenemos Shell vial culture. Igualmente, determinadas situaciones clínicas que requieren de procesamientos específicos, como la Fibrosis quística, tienen códigos con el método *Cystic Fibrosis respiratory culture*. Para los estudios de vigilancia o de control epidemiológico de resistencias tenemos códigos como **94151-8 Bacteria.carbapenem resistant identified in Specimen by Organism specific culture** o **40684-3 Acinetobacter sp multidrug resistant identified in Specimen by Organism specific culture**.

Algunos ejemplos de codificación podrían ser los siguientes. Los ejemplos son ilustrativos y no implican que necesariamente sea la opción más recomendada para esa casuística.

600-7 Bacteria identified in Blood by Culture

Este código sería la elección para representar un hemocultivo sin especificar en el código si es aerobio o anaerobio.

6463-4 Bacteria identified in Specimen by Culture

Este código hace referencia a un cultivo bacteriológico en cualquier muestra posible. Es la representación de la prueba cultivo sin más especificaciones,

79425-5 Bacteria identified in Lower respiratory specimen by Cystic fibrosis respiratory culture

Este código representa un procedimiento especial de cultivo respiratorio de muestras obtenidas de las zonas profundas del árbol respiratorio optimizado para la búsqueda de patógenos asociados a fibrosis quística. La muestra concreta se detalla en el campo correspondiente.

6460-0 Bacteria identified in Sputum by Culture

En este caso, nos referimos a un cultivo convencional de esputo, habitualmente para diagnóstico de neumonía.

43387-0 *Neisseria* sp identified in Specimen by Organism specific culture

Un cultivo optimizado para el crecimiento de *Neisseria* (por ejemplo, implicando agar Thayer-Martin) sobre cualquier muestra. Esta codificación no implica que solo se puedan reportar *Neisserias*.

13317-3 Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* [Presence] in Specimen by Organism specific culture

Este código representaría un cultivo optimizado para la detección de *S. aureus* resistente a la meticilina.

49223-1 Colony count [#]/volume] in Specimen by Visual count

Recuento de colonias **relativas a un volumen** en cualquier muestra. Es decir, unidades del tipo UFC/mL. Para solo unidades podría utilizarse **564-5 Colony count [#] in Specimen by Visual count**.

2.1.5. Pruebas de detección de ácidos nucleicos

El uso de las pruebas de detección de ácidos nucleicos (principalmente basadas en PCR, pero no exclusivamente), se ha ido incrementando de forma significativa a lo largo de las dos últimas décadas, pasando a tener un rol muy relevante en el laboratorio de Microbiología Clínica.

El principio fundamental de estas técnicas consiste en la detección de un fragmento de ácido nucleico diana, en nuestro caso de un patógeno. Este fragmento puede ser un gen, pero no es necesario que la región sea codificante, sirviendo cualquier parte del genoma que sea específica de una especie o género. En ocasiones, las instrucciones técnicas pueden ser muy específicas respecto a la diana elegida, mientras que en otras ocasiones no dispondremos de información detallada.

Para la selección de los términos correctos, debemos prestar especial atención al **componente** y al **método**, donde están la principal complejidad. Igualmente, es importante establecer una política relativa al **sistema**. La **propiedad y la escala** dependerán del tipo de prueba usado (cualitativo o cuantitativo) así como del elemento que se quiera representar (por ejemplo, la Presencia/Ausencia o el Ciclo umbral (Ct)). El **tiempo** es, en todas las casuísticas que hemos encontrado, punto de tiempo (*Point in time*, Pt), como es habitual en Microbiología.

Componente

La selección del componente LOINC requiere consultar las instrucciones técnicas del fabricante y definir una política de granularidad. Los componentes de los términos LOINC suelen estar formados por el nombre del microorganismo implicado seguido de **DNA**, o **RNA**, según el tipo de ácido nucleico detectado. LOINC ha ido desarrollando un nivel mayor de granularidad a este respecto, pudiéndose encontrar un mayor nivel de detalle que incluye el nombre del gen detectado, además del propio microorganismo. Así, podemos encontrar pruebas con el componente **Influenza A RNA** u otras con el componente **Escherichia coli stx1** gene. En ocasiones, pueden existir varias opciones con distinta granularidad o diferenciadas en pequeños detalles. En este aspecto, siempre es deseable el mayor nivel de granularidad y de detalle en cuanto a la determinación, pero debe tenerse en cuenta que:

- No en todas las ocasiones los fabricantes facilitan información detallada sobre las dianas elegidas. En otras ocasiones puede ser una conjunción de varias que carece de sentido práctico detallar.
- La selección de una opción muy granular requiere compromiso en el mantenimiento. Si se cambia el kit debe cambiarse la codificación si no es equivalente y eso impacta en la comunicación con el HIS, los sistemas de reglas expertas o en la explotación de datos.

Método

En la elección de un código para pruebas moleculares, elegir el código con el método adecuado puede ser el elemento que más cuidado requiera, ya que la actual configuración de LOINC en este aspecto puede resultar confusa.

Estas pruebas pueden basarse en la detección directa del ácido nucleico mediante sondas que emitan algún tipo de **señal**. Un ejemplo de esta aproximación es la **hibridación *in situ* fluorescente** (FISH), que, aunque no es muy frecuente en Microbiología, pueden encontrarse técnicas que la utilicen. Estos códigos llevan el método **Probe**.

Por otra parte, existen técnicas en las que a la unión de la sonda le sigue una amplificación de la **señal** emitida. Estos métodos llevan un método codificado como **Probe.amp.sig**.

Es importante resaltar que ninguno de los anteriores **implica la amplificación del material genético**. Es decir, son pruebas no basadas en PCR. Respecto a las pruebas que si incluyen este paso, encontramos una configuración discutible. LOINC separa estas pruebas en dos métodos: **Probe.amp.tar** y **Non-probe.amp.tar**. Estos son los nombres abreviados de **Nucleic acid amplification (NAA test with probe detection)** y **Nucleic acid amplification with non-probe detection** respectivamente.

Es decir, LOINC pone la frontera entre los métodos en que se utiliza una **sonda específica** para la detección del producto de amplificación o si por el contrario se utiliza un **método alternativo** (análisis de *melting*, turbidimetría) para dicha detección. No existe un método “genérico” de amplificación de ácidos nucleicos. Esto tiene consecuencias prácticas, ya que un kit basado en PCR a tiempo real convencional sería un Probe.amp.tar, mientras que una PCR a tiempo final sería Non-probe.amp.tar. Una PCR que se basa en análisis de *melting* para la evaluación del resultado sería a su vez una Non-probe.amp.tar.

Esta configuración provoca que técnicas próximas se encuentren separadas en la codificación, mientras que técnicas más dispares pueden tener paradójicamente el mismo código. Por ejemplo, una LAMP que utilice turbidimetría para la detección del amplificado se encontraría en el mismo grupo metodológico que una técnica como el FilmArray, que utiliza PCR con Análisis de *Melting* de Alta Resolución. Por otra parte, una LAMP que utilice una sonda específica para la detección de la diana (por ejemplo, Alerei®), se encontraría en la misma familia que un kit de detección basado en PCR a tiempo real (por ejemplo, Qiasat®).

Aunque la diferenciación entre sonda vs. no sonda tiene sus implicaciones en cuestiones de rendimiento del test, esta separación basada en solo una de las dimensiones que los definen puede acabar provocando configuraciones extrañas.

Aunque se han realizado varios intentos (en 2017 y en 2024) de plantear una reclasificación de las pruebas moleculares para obtener una configuración más natural, en ambas ocasiones se ha desestimado por la elevada complejidad del cambio.

Para la **escala** y la **propiedad** vamos a desarrollar los distintos usos de estas pruebas.

Identificadores de presencia

Habitualmente nos referimos a estas pruebas como PCRs “cualitativas”. Consiste en que la prueba nos dice (o informamos) la **presencia o ausencia** del material genético del patógeno en la muestra estudiada. Es decir, informamos resultados del tipo **positivo, negativo, indeterminado**... En estos casos, lo habitual es disponer de una propiedad **PrThr** (presencia tras umbral) y un elemento de escala ordinal.

Subtipado

En estos casos, usamos la prueba molecular para encontrar no la **presencia o ausencia**, sino la caracterización del subtipo o subespecie de un patógeno. En estos casos, las propiedades acostumbran a ser **Prid** (Presencia-identificación) o **Type**. Prid suele utilizarse en el contexto en el que la presencia del agente no está asegurada, mientras que *Type* implica que ya sabemos de su presencia (por ejemplo, una PCR que caracterice un aislamiento previamente identificado).

Estas pruebas tienen una escala **nominal**, por lo que reciben como resultado la propia caracterización del organismo, no un juego de Positivo/Negativo.

Por ejemplo, un kit de VPH que detecta distintos genotipos en reacciones individuales como Positivos/Negativos podría usar los códigos:

61372-9 Human papilloma virus 16 DNA [Presence] in Specimen by NAA with probe detection
61373-7 Human papilloma virus 18 DNA [Presence] in Specimen by NAA with probe detection.

Mientras que un kit que devuelve una identificación como tal del genotipo del VPH usaría un código del estilo **48560-7 Human papilloma virus genotype [Identifier] in Specimen by NAA with probe detection**.

Mecanismos de resistencia

Estas pruebas tienen la particularidad de que no utilizan los métodos **Probe.Amp.Tar** ni **Non.Probe.Amp.Tar**, sino que el método utilizado corresponde a **Molgen** (*Molecular method*), por lo que en este caso se obvia el método de detección.

Tienen otra particularidad añadida, ya que suelen utilizar un Sistema especial, *Isolate/Specimen*, que indica que la prueba puede realizarse tanto en un **aislado** como directamente **sobre la muestra clínica**.

En cuanto a su componente, depende de lo que estemos buscando (genes, mutaciones...) pero habitualmente contiene el nombre del **gen** implicado, del **antibiótico** o grupo de **antibióticos** principalmente afectados y en ocasiones del microorganismo implicado. Esto último es más frecuente en la búsqueda de mutaciones, que suelen ser específicas de determinados taxones.

Algunos ejemplos de pruebas son:

85827-4 Carbapenem resistance bla OXA-48-like gene [Presence] by Molecular method

Detección de OXA-48 like mediante PCR.

85501-5 Carbapenem resistance blaVIM gene [Presence] by Molecular method

Código similar para la detección de VIM.

89372-7 Mycobacterium tuberculosis complex rpoB gene rifAMPin resistance mutation [Presence] by Molecular method

Código para reportar la presencia de una mutación de resistencia a rifampicina sobre rpoB en *M. tuberculosis*. Solo espera resultado del tipo "Positivo/Negativo". Si la prueba detecta mutaciones específicas que son codificadas en el resultado existe 46244-0 *Mycobacterium tuberculosis* complex rpoB gene rifAMPin resistance mutation identified by Molecular method

Determinaciones cuantitativas

Existen dos contextos principales en los que se requiere el uso de códigos de tipo cuantitativo con las pruebas moleculares: la información relativa a los ciclos umbral de una PCR a tiempo real y las **cargas virales**, que en muchas ocasiones no deja de ser una normalización y estandarización de lo primero.

En el primer caso, la propiedad es **ThreshNum** (*Cycle Threshold #*) y su atributo de escala es Qn, cuantitativo.

Para el segundo caso, de cara a la elección adecuada de la propiedad es importante establecer que es lo que se está reportando y cómo. En primer lugar, no es lo mismo si se informa directamente el número obtenido que si se informa a través de logaritmo.

Nota: aunque esta explicación pueda parecer obvia, creemos que es necesario resaltarlo. Es importante no confundir la expresión de un valor numérico en notación científica (3.2e6, 3,2x10^6...) con su expresión en **logaritmos**, que para lo anterior sería **6.5**.

Las propiedades más usadas en LOINC para este tipo de pruebas corresponden a NCnc, ACnc o sus variantes logarítmicas.

Paneles multiplex

A lo largo de los últimos años han ido llegando cada vez más kits diagnósticos en formatos "multiplex", más o menos abiertos. Esto puede en ocasiones generar dudas sobre cómo se debe realizar su codificación. Los casos de los paneles multiplex no son otra cosa que un caso especial de los **paneles diagnósticos**, que pueden encontrarse en otros contextos (Serología infecciosa, Hematología...).

Para estos casos, debe codificarse cada **determinación del panel** como si fuera una prueba aislada, ya que cada elemento va a recibir su propio resultado. Por otra parte, también existen códigos LOINC para representar el propio concepto del panel. Estos códigos de panel no se espera que reciban resultados, por lo que no tienen propiedad ni escala.

Como el código de panel solo funciona como agrupador de las pruebas anidadas, que tenemos correctamente identificadas, no es necesario cambiarlo si cambia el kit diagnóstico y la relación de dianas, siempre que se respete la naturaleza del propio panel.

2.1.6. Pruebas de sensibilidad a antimicrobianos

En este apartado vamos a desarrollar la codificación en LOINC de las **pruebas de sensibilidad** a antimicrobianos. Es importante tener claro que estamos hablando de la codificación de antimicrobianos como pruebas de sensibilidad a los fármacos. Como prueba de laboratorio que es, la codificación se realiza habitualmente en LOINC. No hay que confundirlo con codificar la propia **sustancia** o los **fármacos** que la contienen, codificación que habitualmente se implementa en SNOMED CT.

Podemos encontrarnos con dos tipos de pruebas: pruebas **fenotípicas** y pruebas **genotípicas**.

En todos los casos, el componente lo forma el propio **antimicrobiano** testado. En caso de que haya particularidades sobre el modo de administración, se incluye en el propio componente. Por ejemplo, tenemos un código para sensibilidad a Penicilina con el Componente *Penicillin* y otro para penicilina parenteral (*Penicillin.parenteral*).

La propiedad corresponde a *Susceptibility* (Sus) en todos los casos. Respecto a la escala de los resultados, en las pruebas fenotípicas habitualmente se utiliza una categoría especial, OrdQn (Ordinal-Cuantitativo). Esta propiedad especial se utiliza debido a que es habitual que la interpretación y el valor cuantitativo (**CMI, halo**) usualmente se envíen en subcampos diferentes del mismo segmento HL7. También se pueden encontrar códigos Qn (Cuantitativos) para pruebas sin **interpretación**, como puede ser la concentración letal u Ord (Ordinales), por ejemplo, en las pruebas genotípicas, donde se espera la interpretación, pero no existe valor numérico tipo CMI.

Como es habitual, su dimensión de tiempo es Pt (*Point of time*). El sistema es habitualmente Isolate, ya que las pruebas de sensibilidad se realizan sobre un **aislado** y no directamente sobre la muestra.

El método puede **no existir**, y en ese caso nos encontraríamos ante codificaciones que no implican ninguna metodología concreta, o puede ser alguno de los siguientes: **MIC** para las microdiluciones, **Agar difusion** para los métodos de difusión en disco o **Gradient Strip** para las tiras de gradiente en agar. Igualmente, existe el método especial "**Slow-growing mycobacteria**" que representa los métodos habituales de testado en micobacterias de lento crecimiento. No existen actualmente codificaciones específicas para los distintos subtipos de métodos de micobacterias (SIRE-MGIT, proporciones...). Tampoco existen códigos para métodos específicos de sensibilidad fenotípica a antivirales, encontrándose todos bajo el paraguas del método **Phenotyping**. En el caso de pruebas de resistencias inferidas por pruebas genotípicas, como puede ser en el caso del VIH, el método usual es **Genotyping**.

A este respecto, la recomendación debe ser siempre perfilar el método si es posible. Esto permite tener una codificación más granular y detallada, con importantes implicaciones en la interpretación y en el análisis de datos posterior. Los resultados no son intercambiables entre las distintas técnicas, y los resultados deben poder segmentarse para análisis posteriores.

Dividir la codificación del SIL por método, aun siendo la estrategia más recomendable, añade complejidad a la configuración. Las tablas habituales de antibiograma pueden verse segmentadas si el SIL no lo gestiona bien (Azitromicina-MIC y Azitromicina-Gradiente pueden verse en líneas diferentes, por ejemplo) y es necesario gestionar adecuadamente la **agrupación por principio activo** de cara a la construcción de los informes de sensibilidad acumulados y otros análisis similares.

Puntos de corte en infecciones específicas

Aunque lo más frecuente es que cada combinación de fármaco y microorganismo tenga un umbral a partir del cual diferenciar las categorías, cada vez es más habitual que existan puntos de corte específicos de

determinados síndromes clínicos o tipos de infección. Para discriminarlos, LOINC realiza una especificación del Sistema, donde se incorpora el síndrome clínico concreto. Así tendríamos *Isolate.meningitis*, *Isolate.UTI*, *Isolate.pneumonia*...

Esto tiene dos implicaciones importantes: en primer lugar, se pueden (y deben) reportar los puntos de corte diferentes en **códigos diferentes**. En qué situaciones hacerlo y si siempre informar los dos queda a la política local de cada centro. Por otra parte, informar un punto de corte de **meningitis** no debe interpretarse nunca como que el paciente tiene meningitis, solo indica la interpretación del resultado en caso de que se requiera usar el fármaco para tratar una meningitis.

2.1.7. Pruebas de serología infecciosa

La serología infecciosa analiza los anticuerpos que se generan en respuesta a la presencia de un agente infeccioso. El diagnóstico se basa en la detección de anticuerpos específicos, sobre todo de las clases IgG, IgM e IgA.

La implementación de la codificación LOINC en el inmunodiagnóstico debe incluir los componentes necesarios para diferenciar, de forma significativa, las pruebas de detección de anticuerpos que conducen a un diagnóstico microbiológico.

El principal atributo distintivo del **componente** es la diferenciación entre las clases de anticuerpos a las que se dirige la prueba. La **propiedad** y la **escala** varían en función de la posibilidad de cuantificar o no el anticuerpo y de la existencia de una estandarización en forma de UI/mL en algunos parámetros. El **sistema** o espécimen es más sencillo que para otros apartados ya que se trabaja con pocos tipos de muestras, básicamente sueros, plasmas y líquidos cefalorraquídeos. Cabe destacar que el aspecto **tiempo**, que en general es punto de tiempo Pt, en estas pruebas sí tiene relevancia, porque el momento en el que se haga la determinación permite diferenciar infección reciente, pasada, etc.; aunque no siempre aparece reflejado. El **método** es otro de los principales condicionantes en la selección del término, ya que para un mismo componente se pueden seleccionar múltiples códigos en función de la técnica utilizada para la detección.

Componente

En el componente se indica el nombre del microorganismo a estudio seguido del parámetro a analizar. Si el analito es un anticuerpo, vendrá seguido por el término Ab (antibody, anticuerpo). En el caso de ser un antígeno, la estructura es similar a la desarrollada en el apartado específico de los tests de antígeno. Lo habitual es especificar la clase o clases de anticuerpos en estudio e incorporar esa información en el término. Cuando el isotipo del anticuerpo está especificado, se expresa de forma conjunta a Ab (por ejemplo, Ab.IgG). En el caso de que se detecte de forma declarada varios isotipos, se representan con un + (Ab.IgG+IgM). En el caso de la detección de una subclase, también se expresa a continuación (por ejemplo, Ab.IgG1).

Propiedad y escala

En serología infecciosa, es habitual expresar los resultados en forma categórica, indicando la presencia o ausencia del analito con su respectiva zona gris cuando existe. En estos casos, se corresponde con la propiedad **PrThr**, que coincide con la escala **Ord** (ordinal).

Cabe destacar que LOINC está diseñado de forma que, en el caso de que se quiera registrar la presencia/ausencia del anticuerpo y el valor cuantitativo del mismo, estos datos se almacenan en códigos diferenciados. Aunque informar los valores de señal carece de sentido clínico en muchos casos, si es recomendable almacenarlo en el SIL como información interna del laboratorio.

Las formas más habituales de almacenar información cuantitativa en pruebas serológicas son a través de la propiedad **Concentración Arbitraria** (ACnc) con escala **Cuantitativa** (Qn). Es la selección habitual para las técnicas de enzimoimmunoensayo, donde se obtienen valores de positividad proporcionales a la concentración de anticuerpos y pueden informarse con relación a una unidad de volumen, con unidades arbitrarias. Cuando, además, los valores se estandarizan con curvas patrón realizadas con sueros de concentraciones conocidas, se consiguen técnicas que expresan los resultados en UI/mL.

En el caso de pruebas expresadas en forma de **títulos**, existe la propiedad **Titer** y la escala semicuantitativa **SemiQn**. El título es una forma especial de informar resultados que consiste en la expresión de fracciones de dilución de la muestra original, recibiendo el valor de la última fracción con resultados positivos. Su uso es habitual para el seguimiento de infecciones como la sífilis. A este respecto, es importante destacar que el uso de códigos con propiedad titer depende de la forma de expresar resultados, no de la técnica utilizada. Si solo se va a informar la presencia o ausencia del anticuerpo, sin titulación, deben usarse códigos con la propiedad **PrThr** y escala Ord.

Sistema

Las pruebas serológicas representan una excepción a los principios generales de selección de sistema/especímenes recomendados en este documento. En el caso de la medición de anticuerpo, la matriz/especimen analizado suele ser tan relevante para la interpretación, establecimiento de puntos de corte y relevancia clínica, que son pocos los códigos LOINC serológicos que admiten el espécimen genérico XXX. En su lugar, lo más habitual es encontrar el espécimen **Suero/Plasma** (Ser/Plas) como representación del hecho de que estas pruebas suelen estar validadas para realizarse en las dos tipologías. Los códigos que usan específicamente Suero (Ser) suelen corresponder a códigos antiguos, anteriores a este cambio de filosofía. Puntualmente pueden hacer referencia a pruebas en las que la especificación de suero y plasma sí es relevante, aunque es poco frecuente.

En el caso de los líquidos cefalorraquídeos se seleccionarán códigos específicos, ya que los parámetros de positividad y la interpretación para esta muestra suelen ser distintos.

Método

Es uno de los factores clave en la selección de la terminología correcta ya que, aunque se generen resultados equivalentes, el método condiciona otros aspectos como la propiedad, la escala, la sensibilidad o la especificidad del test. Existe una gran variedad de métodos para la detección de anticuerpos, la mayoría presentan variantes que informan presencia/ausencia de anticuerpos, pero también resultados cuantificados.

Los métodos más comunes realizados en el laboratorio clínico son:

- **Inmunoensayo (IA)**: pruebas de inmunoensayo que utilizan la reacción anticuerpo específico y su diana para **detectar presencia o cantidad** del analito que se mide. Existen variantes rápidas (se realizan en 30 min como máximo). Estas variantes se denominan IA.Rapid. LOINC no contiene metodologías específicas para los subtipos de EIA, como puede ser CLIA, CMIA, ELISA...
- **Inmunofluorescencias (IF)**: utilizan fluoróforos como marcadores de reactividad antígeno-anticuerpo; existen códigos identificadores de IFI (indirectas), IFD (directas) y de anticomplemento (ACIF).
- **Aglutinación (Aggl)**: consiste en la detección de anticuerpos ligados a antígenos, la positividad se manifiesta en forma de grumos y es semicuantificable.
- **Aglutinación en látex (LA)**: es una variante de la Aggl, en la que los antígenos se encuentran adheridos a partículas de látex; la positividad se manifiesta en forma de grumos y es semicuantificable.
- **Inmunoblot (IB)**: identifica anticuerpos frente a antígenos del patógeno a estudio que han sido previamente separados y fijados a una membrana. La unión antígeno-anticuerpo precisa de una electroforesis. La lectura de las bandas cumple la propiedad PrThr. Es importante reseñar que solo deben utilizarse códigos IB si la electroforesis se realiza en el propio laboratorio diagnóstico. Para pruebas tipo IB pero con electroforesis industrial prefijada, deben usarse códigos Line Blot.
- **Line blot (LB)**: son tiras de inmunotransferencia pero que no requieren electroforesis, los antígenos que recubren las tiras están preparados en fabricación, lo que los distingue de los IB, aunque la interpretación es similar. Muchas de las técnicas conocidas habitualmente como "Western Blot" en los laboratorios diagnósticos habituales son, realmente, Line Blots.

- **Fijación de complemento (Comp fix):** la unión antígeno-anticuerpo fija o secuestra el complemento libre en el medio, evitando la lisis de los hematíes. La no-lisis se relaciona con positividad.
- **Inhibición de la hemaglutinación (HAI):** sirve para identificar subtipos virales productores de hemaglutinina, como el virus influenza. Si el suero del paciente contiene anticuerpos específicos se unirán al virus y evitarán la aglutinación.
- **Neutralización (Neut):** la neutralización consiste en la incubación de un virus con suero del paciente, en el caso de que haya anticuerpos específicos en el suero que neutralicen al virus, cuando la mezcla se ponga en contacto con monocapas celulares, no se producirán cambios o efectos citopáticos. Si por el contrario no se ha producido neutralización, el virus infectará las monocapas celulares y producirá cambios que se visualizarán a nivel microscópico y mediante inmunofluorescencia de los antígenos virales.

Existe terminología LOINC para algunos componentes de serología infecciosa sin especificación del método (conocidos como códigos *methodless*), lo que facilita al laboratorio cambios en la metodología de sus pruebas sin necesidad de modificar la codificación de su catálogo; pero siempre que sea posible se prefiere un código que incluya el método, sobre todo debido a las diferencias en sensibilidad y especificidad en función de la metodología.

De forma muy puntual, puede requerirse la evaluación de múltiples pruebas serológicas en conjunto para la interpretación de un resultado, por ejemplo, la lectura de distintos anticuerpos frente a diversas bandas de un inmunoblot (IB) o lineblots (LB). Al grupo de bandas detectables que indican positividad, se les denomina “patrones de bandas”, que se interpretan en conjunto. Estos términos de interpretación tienen la propiedad Imp y la escala Nom o Nar, que previamente están indicados en el componente con la palabra clave “patrón de bandas”. Un ejemplo de esta codificación es el código **12781-1 *Borrelia burgdorferi* Ab band pattern [Interpretation] in Serum by Immunoblot**. Otro ejemplo de evaluación múltiple es el análisis conjunto de anticuerpos IgG e IgM para determinar una infección reciente o previa frente a un patógeno, el término LOINC en estos casos, incluye “&”, aparecería en el componente como IgG & IgM, indicando que se podrían distinguir resultados diferentes. Es importante no confundirlos con los códigos IgG+IgM explicados anteriormente, que indican que la prueba detecta los dos marcadores, pero no es capaz de discriminarlos.

2.1.8. Pruebas de detección de antígenos

Los antígenos son sustancias de naturaleza proteica o polisacárida, capaces de inducir respuesta inmunitaria específica, incluyendo la formación de anticuerpos. Se trata de un método diagnóstico directo, específico, con una sensibilidad variable, pero que ofrece importantes ventajas por la facilidad en su realización e interpretación.

Existen múltiples metodologías para realizar la detección de antígenos aunque, sin lugar a dudas, el más extendido es la inmunocromatografía de flujo lateral. Aunque su uso en Microbiología Clínica está instaurado desde hace varios años, estas técnicas diagnósticas han tomado mayor relevancia social a raíz de la pandemia por SARS-CoV-2.

Componente

A la hora de buscar el término LOINC más apropiado, la selección del componente sigue unos principios parecidos a los vistos en el apartado de pruebas serológicas. Es habitual que el componente indique el nombre del microorganismo seguido de la abreviatura Ag. En determinadas ocasiones, se especifica el antígeno concreto que se detecta (por ejemplo, Dengue NS1 Ag). Aunque lo deseable es elegir siempre el componente más granular y específico, hay que tener en cuenta que asociar la codificación a un código excesivamente específico requiere compromiso en el mantenimiento.

Método

Existen diversos métodos para la detección de antígenos. El fundamento es similar a las pruebas serológicas en la mayoría de los casos.

Sistema

La elección del sistema debe realizarse teniendo en cuenta el contexto diagnóstico de cada prueba. Así, en las pruebas de antígeno en serología o en aquellos en los que la interpretación esté fuertemente condicionada por el espécimen analizado, se recomienda seleccionar códigos específicos. Sin embargo, en contextos en los que esto no aplique, elegir códigos con espécimen genérico (XXX) es una estrategia más recomendable.

3. SNOMED CT

SNOMED CT es el acrónimo de *Systematized Nomenclature of Medicine Clinical Terms*. Es la terminología clínica más completa y de mayor uso a nivel mundial, que proporciona un vocabulario estandarizado y multilingüe para registrar, intercambiar y analizar datos de salud. Permite registrar, recuperar, compartir y analizar de forma coherente los datos clínicos. Contiene conceptos para registrar información clínica como hallazgos, procedimientos (terapéuticos y diagnósticos), signos, síntomas, estructuras corporales, sustancias y cualquier información que deba registrarse en la atención clínica. Permite que la información clínica se almacene y se comparta de manera inequívoca entre diferentes sistemas informáticos. Se publicó por primera vez en 2002 por el Colegio Americano de Patólogos (CAP), y actualmente es mantenido y distribuido globalmente por SNOMED International (<https://www.snomed.org>), una organización sin fines de lucro, propietaria y administradora de SNOMED CT (Clinical Terms), respaldada a su vez por la *International Health Terminology Standards Development Organization* (IHTSDO), que posee los derechos sobre SNOMED CT y estándares terminológicos relacionados.

SNOMED tiene como objetivo ser capaz de modelar cualquier concepto de utilidad clínica. Por ello su estructura es más compleja que la de LOINC. Los términos SNOMED CT se conforman de un código, conocido como el SCTID (*SNOMED CT Identifier*). El SCTID es la referencia única e inequívoca del concepto. Cada SCTID tiene una serie de nombres (en el argot de SNOMED, términos). De estos términos, uno se marca como favorito y el resto como sinónimos. Adicionalmente, se añade un parámetro de aceptabilidad para indicar los conceptos preferidos. Esto además se puede desplegar en distintos idiomas, según la versión de SNOMED.

Por ejemplo, el término SNOMED 62592009 | *Klebsiella aerogenes* (organismo) tiene asociados los términos:

- *Klebsiella aerogenes* (organismo): concepto favorito y preferido, porque contiene el tag semántico.
- *Klebsiella aerogenes*: sinónimo preferido (nombre actual del microorganismo, pero sin tag semántico)
- *Enterobacter aerogenes*: sinónimo aceptable.
- *Aerobacter aerogenes*: sinónimo aceptable.
- *Klebsiella mobilis*: sinónimo aceptable.

3. 1. SNOMED COMO ONTOLOGÍA

La mayor complejidad de SNOMED deriva de que va más allá de ser un estándar semántico y se plantea ser una ontología médica.

En informática, una **ontología** es una estructura de datos que pretende modelar relaciones entre conceptos de tal manera que una máquina puede entender esas relaciones. Por ello, los términos SNOMED no están aislados, sino que se entrelazan en jerarquías y relaciones. En el extremo superior de la jerarquía de SNOMED CT se encuentra el concepto raíz (*SNOMED CT Concept*). Todos los conceptos descienden de este concepto raíz a través de al menos una secuencia de relaciones. Esto significa que el concepto raíz es un supertipo de todos los otros conceptos y éstos, a su vez, son subtipos de él. A medida que se desciende por las jerarquías (es decir, a medida que se agregan más relaciones por debajo de los conceptos del nivel

superior), los conceptos incluidos en ellas son cada vez más específicos. En el momento de escribir este documento, existen 19 jerarquías de nivel superior (es decir, que descienden directamente del supertipo 138875005 |SNOMED CT Concept|). En nuestro contexto, los más relevantes son **Organismo**, donde estarán los distintos microorganismos, y **Espécimen**, donde se encuentran los tipos de muestras utilizados para estudios o análisis. Otros relevantes son **Estructura corporal**, donde están las entidades anatómicas, **Sustancia**, **Producto farmacéutico/biológico**, **Hallazgo clínico**, **Técnicas o Calificador**. Este último contiene entidades comunes de resultado como “Positivo”, “Negativo”, “Resistente” o “Sensible”.

Una cuestión importante en SNOMED es asegurarse de seleccionar el concepto correspondiente a la jerarquía correcta. Por ejemplo, el concepto 73452002 [absceso de pulmón (trastorno)] hace referencia a un absceso de pulmón **como enfermedad** o afección. Si lo que se quiere es representar un absceso de pulmón enviado como espécimen para estudio, debe utilizarse 29011000087100 [espécimen de absceso de pulmón (espécimen)].

La jerarquía de SNOMED es múltiple, lo que quiere decir que un concepto puede tener más de un padre. Por ejemplo, el concepto anterior 29011000087100 [espécimen de absceso de pulmón (espécimen)] tiene como padres 127458004 [espécimen de pulmón (espécimen)] y 29011000087100 [espécimen de absceso (espécimen)].

Las relaciones en SNOMED no solo se construyen en vertical (jerarquías), sino que también se pueden relacionar entre sí mediante atributos, del tipo “es un” o “tiene”. Eso genera una compleja malla de interrelaciones. Este grafo permite crear filtros o consultas altamente semánticas. Podemos ver un ejemplo en el siguiente diagrama de relaciones:

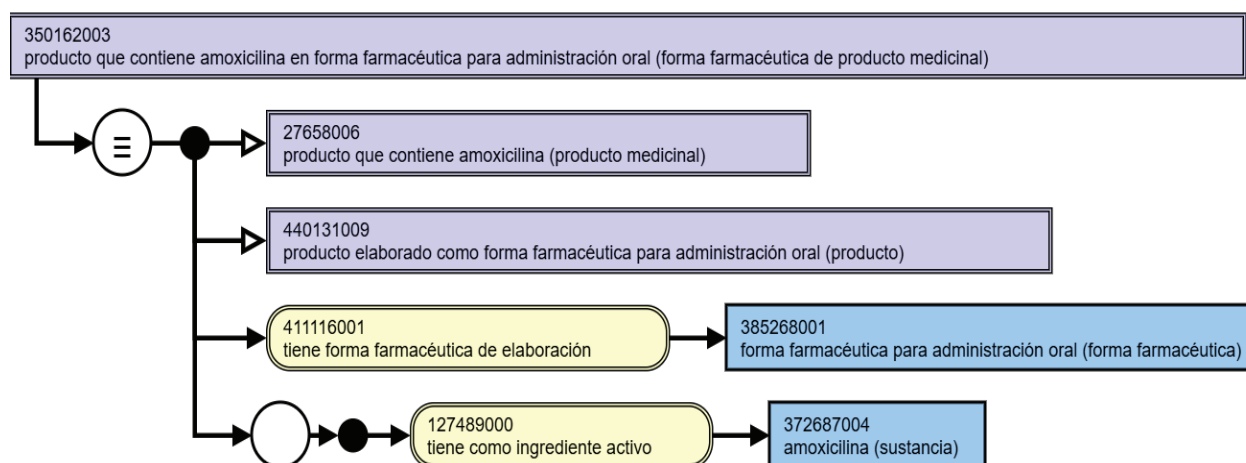


Figura 4: Ejemplo de diagrama de concepto SNOMED

3.2. EDICIONES Y CUESTIONES DE LICENCIA, EPIDEMIOLOGÍA

La versión internacional de SNOMED es sostenida por SNOMED International, pero el propio diseño permite su extensibilidad y versionado. Por ello, SNOMED cuenta con una red de **Centros de Referencia Nacionales**, que construyen sus propias versiones basadas en la internacional y sus propias extensiones para otros usos. Esto puede resultar confuso, ya que existen multitud de ediciones y versiones a las que se puede acceder. Todas ellas se actualizan periódicamente con la versión internacional. Puede ocurrir que un concepto recientemente liberado en la versión internacional no se encuentre aún en las versiones nacionales, aunque acabará incorporándose en unos meses. Por el contrario, conceptos específicos de las

versiones nacionales pueden no ser integrados en la versión internacional.

Para navegar por los conceptos SNOMED puede usarse el navegador disponible en <https://browser.ihtsdo-tools.org/>. Por defecto, el navegador solo despliega conceptos activos, pero puede cambiarse la política de filtros en el selector correspondiente. Igual que LOINC, los conceptos retirados se marcan como inactivos, pero siempre queda su registro histórico.

En España, existe un Centro de Referencia Nacional de SNOMED CT sostenido por el Ministerio de Sanidad que mantiene una versión nacional, sincronizada con la internacional, pero con traducciones al español, y además una serie de extensiones nacionales para conceptos que no existen en la internacional o usos específicos. Puede accederse a su navegador específico a través de <https://snomedsns.es/>. La característica principal de este navegador es que permite explorar de manera unificada tanto los contenidos de la Edición Internacional publicados por SNOMED International, como los contenidos de la Extensión para España del SNS y de la Extensión para España de Medicamentos, publicados por el Centro Nacional de Referencia (CNR) de SNOMED CT para España.

SNOMED presenta una licencia de uso más restringida que la de LOINC. El uso de SNOMED CT está limitado al cumplimiento de dicha licencia. En España, al formar parte de la red de Centros de Referencia, se dispone de licencia nacional de uso para fines no comerciales.

3. 3. USOS AVANZADOS DE SNOMED

3.3.1. Precoordinación y poscoordinación

Una característica avanzada de SNOMED es la posibilidad de **poscoordinar conceptos**. Para entender esto, previamente debemos entender qué es un concepto **precoordinado**.

Como se ha visto anteriormente, SNOMED es una compleja malla de relaciones. Esto implica que muchos conceptos SNOMED son, en realidad, la suma de otros conceptos más elementales asociados mediante atributos de relación. Estos conceptos que, ya tienen un código asignado que los identifica, se denominan conceptos **precoordinados**.

SNOMED permite modelar conceptos que no existen previamente combinando los conceptos que sí existen. Esto se conoce como **poscoordinación**. Por ejemplo, el formato poscoordinado de 29011000087100 |Especimen de absceso de pulmón (especimen)| puede modelarse como

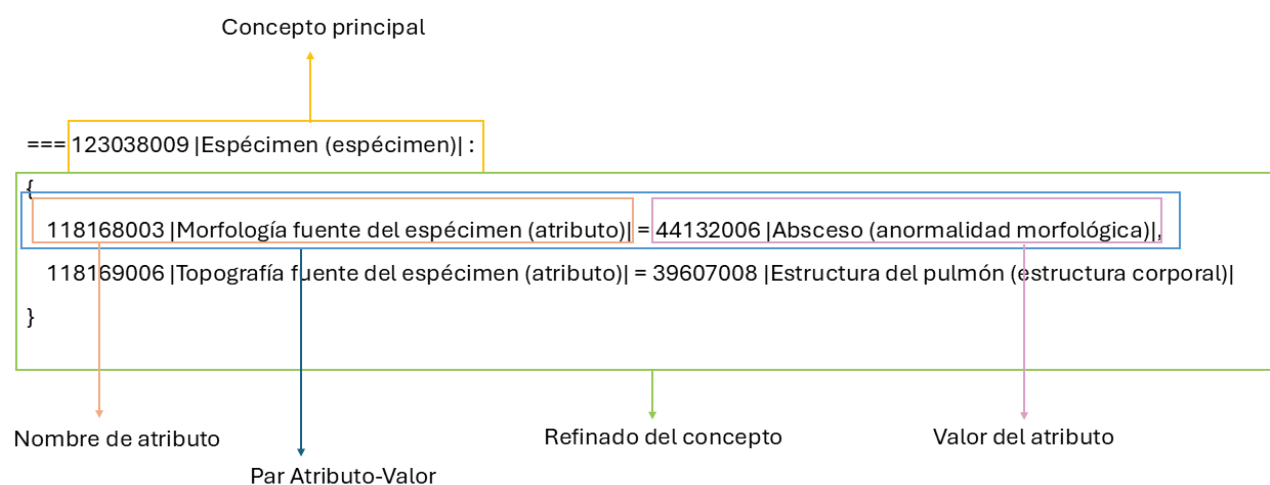


Figura 5: Ejemplo de poscoordinación de un término SNOMED

Esto permite que un *software* suficientemente detallado pueda crear conceptos no dados de alta previamente para necesidades concretas, haciendo SNOMED CT enormemente extensible.

Si posteriormente el concepto terminará precoordínandose, podría detectarse fácilmente a través del diagrama de relaciones.

3.3.2. ECL- Expression Constraint Language

Otra característica interesante de SNOMED es la presencia del Expression Constraint Language (ECL), un lenguaje de consultas que permite realizar selecciones complejas de conceptos utilizando una serie de operadores.

Por ejemplo, si quisiéramos seleccionar todos los conceptos SNOMED que representarían la selección “Productos con cefalosporinas que no sean de 4ª generación”, por ejemplo, para modelar una regla relacionada con las betalactamasas de tipo AmpC, podría hacerse mediante la expresión ECL:

< 372729009 [Cephalosporin (product)] MINUS < 418473006 [Fourth generation cephalosporin (product)]
El operador < devuelve todos los conceptos descendientes del concepto “Cefalosporina (product)”, y el operador MINUS, en conjunción con el mismo operador <, retira de esa selección todos los descendientes del concepto “Cefalosporina de 4ª generación (product)”. Esto convierte a las expresiones ECL en una herramienta muy útil para obtener información de la compleja ontología de SNOMED de forma semántica, con aplicaciones potenciales en sistemas expertos, reglas clínicas, validación semántica o *software* de apoyo a la decisión.

3. 4. SNOMED EN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA

Aunque los usos de SNOMED en microbiología clínica pueden ser muy amplios y extendidos, vamos a centrarnos en los 3 bloques principales y más directos. Esto implica la representación de **especímenes, microorganismos y resultados**.

3.4.1. Especímenes

Entendemos como espécimen al tipo de sustancia (obtenida de un paciente o no) enviada para su estudio en el laboratorio. Aunque en el habla habitual solemos referirnos a esto como (tipo de) muestra, en el argot de la codificación se prefiere el término espécimen para evitar ambigüedades y confusiones, ya que muestra suele hacer referencia a la entidad concreta que se envía para analizar y no tanto a la descripción de su naturaleza.

El estándar más usado para codificar los especímenes es SNOMED CT, que proporciona un marco formal y estructurado para codificar estos especímenes, permitiendo su representación de forma **consistente, computable y reutilizable**. La terminología LOINC de estandarización de procedimientos ya incluye en muchas situaciones esa información, dentro de la parte “Sistema”, sin embargo, la enorme variedad de especímenes en Microbiología hace que LOINC no cubra todo el nivel de granularidad necesario. Además, LOINC precoordina todo en un único código, lo que, como ya se ha visto, forzaría al uso de códigos de técnica específicos por muestra. Por ello, se requiere codificar esta información en otro campo que permita el nivel de granularidad requerido. Siguiendo las propias recomendaciones de LOINC, el mejor estándar para la codificación de esta información es SNOMED CT.

Es habitual que los SIL y HIS restrinjan la codificación de especímenes a dos campos, generalmente referenciados como tipo de muestra/material y localización. Estas dos dimensiones, combinadas, expresan la tipología del espécimen. En algunos sistemas esto se representa mediante un único código precoordinado; en otros, como dos atributos independientes. Aunque esta separación permite granularidad, también es limitada, como se verá más adelante. En SNOMED CT, los especímenes se organizan bajo la jerarquía **"Specimen (specimen) – Concepto raíz: 123038009**, y a partir de este nodo principal, se despliegan múltiples subcategorías que permiten representar diferentes tipos de especímenes según una serie de características o “Atributos” que en el caso de los conceptos de especímenes son estos:

- **Sustancia del espécimen:** especifica el tipo de sustancia que conforma el espécimen, por ej. tejido biológico, orina, sangre, etc.
- **Topografía de la fuente del espécimen:** especifica el lugar del cuerpo del cual se obtiene un espécimen, por ej. pulmón, oído.
- **Procedimiento para la obtención del espécimen:** identifica el procedimiento mediante el cual se obtiene un espécimen, por ej. biopsia, broncoscopia, etc.
- **Morfología de la fuente del espécimen:** especifica la anomalía morfológica de la que se obtiene un espécimen, por ej. absceso, herida, etc.
- **Identidad de la fuente del espécimen:** especifica el tipo de individuo, grupo o lugar físico del que se obtiene el espécimen; por ej. recién nacido, donante, etc.

Los códigos SNOMED precoordinados son combinaciones de estos atributos. Eso no quiere decir que siempre sean necesarias todas las dimensiones. Por ejemplo, en muchas ocasiones no se va a detallar el procedimiento de obtención. Igualmente, la identidad fuente del espécimen solo se vuelve necesario en contextos muy concretos (recién nacidos, donantes, necropsias...).

Igualmente, la complejidad de la obtención de muestras y la gran variedad de posibles configuraciones vuelve difícil encontrar el equilibrio entre detalle y funcionalidad. Aunque siempre se prefiere optar por sistemas detallados y correctamente codificados, la configuración de especímenes debe hacerse bajo principios pragmáticos que no abrumen al peticionario con listados inmensos entre los que seleccionar. El diseño de la interfaz del gestor de peticiones, puede tener un papel muy relevante a la hora de equilibrar la estrategia.

Abscesos

Los especímenes clasificados como abscesos corresponden a material procedente de cavidades patológicas con acumulación de pus. Puede haber abscesos en cualquier localización anatómica del cuerpo. Lo recomendable es configurar los más frecuentes y para ello, debe procurarse que todas las codificaciones de abscesos tengan el atributo morfología del sitio de origen del espécimen y que apunte hacia absceso. Es recomendable codificar los diferentes abscesos que es relevante diferenciarlos clínicamente. De lo contrario, cuando no se puede precisar bien la topografía o corresponde a algo poco frecuente, se puede utilizar un concepto genérico “Absceso” sin localización que corresponde a código 119371008 [especimen obtenido de un absceso (especimen)].

Tejidos y biopsias

Las muestras de tejidos pueden proceder de cualquier estructura anatómica. Es habitual utilizar términos como “tejido” y “biopsia” indistintamente, sin embargo, en SNOMED CT no son equivalentes y es necesario discriminar entre el atributo biopsia (procedimiento) y el atributo tejido (sustancia). Esto nos va a generar va-riabilidad en cómo codificar las muestras mediante SNOMED. Podemos tener las siguientes circunstancias:

1. Especimen de tejido obtenido de {estructura corporal} mediante biopsia
2. Especimen de tejido obtenido de {estructura corporal}
3. Especimen obtenido de {estructura corporal} mediante biopsia

Como norma general, en caso de que exista más de una posible concordancia, se elegirá de forma preferente el formato 1. Entre las opciones 2 y 3, se elegirá de forma preferente el formato 2.

Líquidos biológicos

Entendemos como líquidos biológicos aquellas muestras obtenidas de líquidos fisiológicos o patológicos de localizaciones habitualmente estériles. En general, este grupo debería tener una casuística menos variada que los anteriores. En algunos casos, pueden tener particularidades relacionadas con el atributo procedimiento de obtención, como puede ser 446861007 |, espécimen de líquido cefalorraquídeo obtenido a través de derivación ventrículo-peritoneal|. Igualmente, existe un código genérico que dada la trascendencia clínica de este tipo de especímenes debe limitarse su uso: 258442002 | espécimen obtenido de líquido.

Sangre

El uso de muestras de sangre es habitual para muchas técnicas diagnósticas. A grandes rasgos, se trabaja con la **sangre completa**, que estaría representada por 258580003 | espécimen de sangre entera | y con sus dos fracciones acelulares: el plasma 119305000 | espécimen de plasma sanguíneo | y el suero 119364003 | espécimen de suero |.

En el caso de muestras de sangre obtenidas para hemocultivo, puede necesitarse la especificación de la vía de obtención, aunque actualmente SNOMED carece de códigos específicos.

Orina

La orina es una de las muestras más frecuentes en Microbiología. Además del concepto tipo 122575003 muestra de orina (especimen), se disponen de especificaciones adicionales relacionadas con el procedimiento de recolección. Este nivel de especificidad es importante porque el método de recolección influye en la interpretación del resultado. A continuación, se muestran varios ejemplos de varios descendientes del concepto tipo:

446306009 | espécimen de orina obtenido de bolsa recolectora de orina.

442173007 | espécimen de orina obtenido de catéter de nefrostomía.

447488002 | espécimen de orina obtenido por punción suprapúbica.

447589008 | espécimen de orina obtenido por cateterización simple de vejiga.

Dispositivos

El envío de dispositivos médicos para estudios y control de esterilidad es habitual, aunque SNOMED International tiene una definición poco desarrollada en este aspecto. Sin embargo, puede encontrarse en la actualidad algunos de estos conceptos en la extensión española de SNOMED:

76081000122109 | broncoscopio enviado como espécimen.

76041000122100 | colonoscopio enviado como espécimen.

8561000122101 | punta de catéter vascular enviada como espécimen.

76091000122107 | Puerta de acceso venoso implantable enviado como espécimen.

Otros conceptos disponibles en SNOMED Internacional son:

472944004 | catéter peritoneal enviado como espécimen.

472940008 | catéter ventricular intracraneal enviado como espécimen.

473417006 | derivación de marcapasos cardíaco enviada como espécimen.

También se dispone del concepto genérico 472919007 | dispositivo enviado como espécimen.

Hay que tener en cuenta que, tal y como están expresados, estos conceptos parecen implicar que se envía el dispositivo completo como espécimen, lo que no es cierto para algunos casos, en los que se envían lavados o frotis de sus superficies. Actualmente no existe en SNOMED definición suficiente para estas situaciones

Muestras fetales

Debido a que las muestras que se obtienen del feto se asignan en el SIL a la identificación de la madre, y para evitar errores de asignación de resultados en la historia clínica de la madre como si fueran propios, se disponen de conceptos SNOMED específicos de feto, como pueden ser:

737357006 | muestra de sangre fetal.

431234000 | espécimen obtenido de feto mediante biopsia.

3.4.2. Microorganismos

Como especialidad centrada en el diagnóstico etiológico de enfermedad infecciosa, los microorganismos juegan un papel clave en la codificación en Microbiología Clínica.

La codificación de microorganismos, con su profundidad jerárquica, en muchas ocasiones asimétrica y poliaxial (podemos clasificar taxonómicamente pero también, por ejemplo, por criterios morfológicos o de tinción) encaja muy bien con el paradigma general de SNOMED.

Los microorganismos, en este contexto, aparecerán esencialmente como resultados a pruebas, generalmente de tipo cultivo, aunque también pueden ser resultados de tinciones o de pruebas moleculares identificativas basadas en secuenciación.

Es importante resaltar una cuestión que puede confundir. En este apartado nos referimos a los microorganismos como **resultados**, lo que quiere decir que usamos pruebas que tienen una propiedad de identificación. En muchas ocasiones, nos encontramos con pruebas que detectan un elemento del microorganismo (ADN, Antígenos) y que reciben resultados del tipo Positivo/Negativo. Al ser pruebas, en estos casos el código a usar es un código LOINC y sus resultados son los calificadores. No son casos de aplicación de la codificación de microorganismos de SNOMED. La ontología LOINC/SNOMED (ver más adelante) funcionaría como nexo de unión entre estos elementos.

SNOMED CT ofrece un sistema jerárquico y estructurado para representar agentes infecciosos de forma precisa, lo cual es esencial para la vigilancia epidemiológica y la interoperabilidad entre sistemas de información en salud.

En SNOMED CT, los microorganismos se encuentran bajo la jerarquía de conceptos denominada “**organismo**”, que incluye todas las formas de vida biológicas, desde bacterias hasta virus, hongos y parásitos. Esta jerarquía permite identificar de manera clara, tanto especies específicas como categorías taxonómicas más amplias. Debido a la gran amplitud de este catálogo, se recomienda acotar su uso a las necesidades de cada entorno, entendiendo que esta parte de la definición debe ser especialmente flexible y ampliable. Los conceptos están estructurados mediante una taxonomía que se alinea, en gran parte, con la clasificación biológica reconocida internacionalmente, como la taxonomía del NCBI. Cada concepto de microorganismo tiene un código numérico único, pero puede tener varias descripciones sinónimas, lo que permite adaptarse a los cambios en las definiciones de microorganismos según indicaciones de los comités taxonómicos. Dentro de estas descripciones sinónimas, SNOMED CT señala una de ellas como preferido. Por ejemplo, si entramos en el navegador de SNOMED Internacional (<https://browser.ihtsdotools.org/?>), y escribimos un concepto aún muy común “*Candida krusei*”:

The screenshot shows the SNOMED CT International browser interface. At the top, there are tabs for 'Jerarquía', 'Búsqueda', 'Favoritos', and 'Conjunto de referencias'. The 'Búsqueda' tab is active. Below the tabs, there is a search bar with the text 'candida krusei' and a 'Buscador' button. To the left of the search bar, there are several filter options: 'Modo de búsqueda: Modo de búsqueda de términos parciales', 'Status: Solo componentes activos', 'Descripción type: Todos', and 'Language: Todos'. There is also a checkbox for 'Group by concept' which is checked. Below the filters, there is a section for 'Filter results by Language' with 'english' selected. At the bottom, there is a section for 'Filter results by Semantic Tag'. The search results are displayed in a table with 6 matches found in 0.573 seconds. The first result, 'Candida krusei', is highlighted with a red box and is identified as 'Pichia kudriavzevii (organism)'. Other results include 'Candida krusei DNA', 'Candida krusei var. vaniseteriana', 'Candida inconspicua or Candida krusei', 'Candida inconspicua or Candida krusei or Candida lambica', and 'Blastoconisomyces capitatus or Candida krusei or Prototheca zopfi'.

Concepto	Descripción
Candida krusei	Pichia kudriavzevii (organism)
Candida krusei DNA	Deoxyribonucleic acid of Candida krusei (substance)
Candida krusei var. vaniseteriana	Pichia membranifaciens (organism)
Candida inconspicua or Candida krusei	Pichia kudriavzevii or Candida inconspicua (finding)
Candida inconspicua or Candida krusei or Candida lambica	Pichia kudriavzevii or Candida inconspicua or Candida lambica (finding)
Blastoconisomyces capitatus or Candida krusei or Prototheca zopfi	Magnusiomyces capitatus or Prototheca zopfi or Pichia kudriavzevii (finding)

Figura 6: Navegador de SNOMED CT Internacional

Al seleccionar el concepto referido a la jerarquía (*organism*), nos proporcionará el código SNOMED y una lista de términos equivalentes.

The screenshot shows the SNOMED CT interface for the concept 'Pichia kudriavzevii (organism)'. At the top, there are navigation buttons: 'Editar International Edition', 'Versión 2025-01-31', 'Perspectiva: Full', 'Conectores', and 'Sobre' with a language dropdown set to Spanish. Below this is a tabbed interface with 'Detalles del Concepto' selected. The main content area is divided into sections: 'Ancestros' (ancestors) showing 'Género Pichia (organism)', 'Pichia kudriavzevii (organism)' (selected) with its SCTID (9452000) and a list of synonyms in Spanish and English, and 'Descendientes (0)' (descendants) which are none. A red box highlights the 'Detalles' tab, with an arrow pointing to it and a text box stating 'En detalles se incluye la información del término preferido'. Another text box below the main concept entry says 'No hay atributos'.

Figura 7: Concepto de SNOMED CT con los diferentes sinónimos

La codificación SNOMED de microorganismos tiene varias particularidades que hay que tener en cuenta: Es habitual que los microorganismos sean redefinidos por indicación de los comités taxonómicos. Estas redefiniciones pueden ir desde cambios en el nombre oficial (el más sencillo de gestionar), hasta agrupaciones de diversas especies en una (existente o nueva) o el desglose de una especie a nuevas. Estas modificaciones suponen un reto constante para el mantenimiento de la definición de microorganismos en el SIL con implicaciones en el manejo y uso secundario de los datos generados.

Con frecuencia, sobre todo en bacterias, se informan una serie de características adicionales de interés en vigilancia epidemiológica, como los mecanismos de resistencia, serogrupos, serotipos, secuenciotipos o producción de toxinas.

En determinados contextos, se ha planteado la codificación en un único código SNOMED para cada microorganismo con cada posible metadato (por ej. *Escherichia coli* productor de carbapenemasa OXA-48). Dada la gran combinatoria que se puede establecer, esta estrategia no es robusta ni escalable. Una aproximación que permite un mayor nivel de flexibilidad y mantiene la codificación estandarizada, es que el SIL incluya campos que permitan almacenar códigos SNOMED menos específicos que contengan esta información adicional. Para ejemplificarlo, imaginemos que identificamos en el laboratorio preliminarmente un aislamiento de *Klebsiella pneumoniae* en el cultivo (56415008 |*Klebsiella pneumoniae* (organismo)|). Tras la realización del antibiograma, se caracteriza a la bacteria como productora de BLEE. En ese caso, se le asocia un metadato codificado en SNOMED como: 409799006 | bacterias productoras de betalactamasa de amplio espectro (organismo)|. Tras terminar el estudio, se ve además que la bacteria también produce OXA-48. En esta situación se añade un nuevo metadato codificado como 773734006 | bacterias productoras de carbapenemasa OXA-48 (organismo)|. Para esta aproximación, se requiere de la codificación de varios términos dentro de la jerarquía 734350003 | bacterias productoras de carbapenemasa (organismo)|.

El laboratorio también puede registrar en el SIL, las pruebas complementarias que permiten detectar estas características adicionales a partir del aislamiento de cultivo, de manera que facilite una contabilidad analítica para calcular los costes de una manera más ajustada. Estos procedimientos secundarios, aunque no se informen como tales en los informes de resultados, también se pueden codificar mediante LOINC. Un ejemplo sería 102120-3 | Carbapenemase [Type] in Isolate by Immunoassay.

Es importante resaltar que la codificación SNOMED de muchos de estos atributos es todavía poco sistemática, y en muchas ocasiones se ha diseñado para solucionar necesidades concretas. Muchos de los mecanismos reseñados deberían ser elementos del tipo “Gen” o “Proteína” y encontrarse bajo el grupo semántico de “sustancia”. Sin embargo, se encuentran codificados bajo la jerarquía de microorganismo como “bacteria productora de...” en el mejor de los casos y en el peor ligado a un microorganismo concreto. Por ejemplo, tenemos el concepto 707768008 [*Enterococcus faecium* genotype vanA (organism)], pero no tenemos el concepto VanA como operón o ligado a un nivel menos específico, lo que nos limitaría para codificarlo en el caso de detección en un *S. aureus* que adquiriera dicho operón, por ejemplo. Su diagrama tampoco apunta adecuadamente a un atributo como “productor de” “vanA”, lo que es una carencia del modelo semántico. Esperamos que en próximos años se trabaje y se mejoren estas limitaciones.

3.4.3. Resultados

Hemos hablado de los microorganismos como resultados, pero no hemos abordado aún la codificación general de resultados. Tan importante como codificar las **preguntas** es codificar sus **respuestas**. Los resultados de tipo numérico no requieren de ninguna codificación, ya que son valores universales por sí mismos. Igualmente, resultados como Titulaciones no dejan de ser representaciones numéricas, aunque se expresen como texto en muchas ocasiones.

Sin embargo, los resultados categóricos sí requieren ser codificados. En ese sentido, tanto LOINC como SNOMED ofrecen codificaciones de resultado. Ya hemos visto que, para los microorganismos, SNOMED es el estándar preferido. Desde el año 2013, fruto de los acuerdos de colaboración entre LOINC y SNOMED, se dispone de mapeos cruzados y mantenidos de los principales resultados categóricos. Por coherencia, se debe preferir la codificación SNOMED para todos estos resultados, aunque la presencia de dichos mapeos permite pasar fácilmente de un concepto a otro. Además, es la recomendación oficial de LOINC. En contextos en los que la licencia SNOMED pueda no permitir su uso, LOINC es una buena alternativa.

En SNOMED, muchos de estos valores se encuentran bajo la jerarquía de Calificadores, con el padre 362981000 [calificador (calificador)]

Dentro de estos calificadores, nos encontramos con los calificadores de presencia, como 10828004 [positivo (calificador)] o 260373001 [detectado (calificador)], que se encuentran dentro del padre 260411009 [hallazgos indicativos de **presencia** (calificador)]. Igualmente, tenemos los indicadores de **ausencia**, de la jerarquía 272519000 [ausencia de un hallazgo (calificador)] como 260385009 [negativo (calificador)] o 260415000 [no detectado (calificador)]

Igualmente, existe un juego de resultados de valores inciertos, bajo la jerarquía de 106230009 [calificador de certeza del diagnóstico (calificador)]. Por ejemplo 64957009 [incierto (calificador)] o 42425007 [equivoco (calificador)]. Igualmente existen calificadores de no realización como 262008008 [no realizado (califica-dor)]. En este sentido, la jerarquía no está tan clara, ya que por ejemplo 373880007 [espécimen rechazado / no procesado (hallazgo)] se encuentra bajo la jerarquía de Hallazgos clínicos.

Otro juego de resultados de enorme relevancia en Microbiología Clínica son los calificadores de sensibilidad a antimicrobianos. Desde la versión del 30 de septiembre de 2024, SNOMED añadió una categoría específica, 1306540001 [Comité Europeo de Antibiógramas categoría 2019 (calificador)] que contiene como subelementos:

- 1306581009 [Comité Europeo de Antibiógramas categoría 2019 **Resistente (calificador)**]
- 1306583007 [Comité Europeo de Antibiógramas categoría 2019 **Sensible, mayor exposición (calificador)**]
- 1306577009 [Comité Europeo de Antibiógramas categoría 2019 **Sensible, régimen de dosificación estándar (calificador)**]

Estos códigos permiten identificar de forma inequívoca las clasificaciones EUCAST. Disponer de codificaciones separadas para los distintos esquemas de puntos de corte puede ser una forma de tener claramente diferenciado qué se interpreta con cada norma, pero la implementación de esto no es banal y presenta retos importantes en la práctica. Debe intentarse, al menos diferenciar claramente la categoría **Intermedia** de CLSI de la categoría **Sensible a mayor exposición** de EUCAST.

4. LA ONTOLOGÍA LOINC-SNOMED

A raíz de las colaboraciones surgidas entre el Instituto Regenstrief (propietario de LOINC) y SNOMED International desde 2022, recientemente se ha liberado una **ontología común** LOINC-SNOMED. Dicha ontología modela LOINC dentro de la jerarquía SNOMED, lo que permite tener la estructura de seis ejes de LOINC dentro de árboles de jerarquías SNOMED. La puesta a punto de esta ontología común es un gran avance para la interoperabilidad de sistemas, ya que vuelve estos dos estándares mucho más integrables que antes. Se puede consultar en <https://loincsnomed.org/>.

5. OTROS ESTÁNDARES O VOCABULARIOS ÚTILES

5. 1. TAXONOMÍA NCBI

La base de datos taxonómica del NCBI constituye una herramienta de enorme utilidad para el intercambio de datos sanitarios. Consiste en una base de datos específicamente diseñada para modelar la taxonomía de organismos, lo que lo vuelve una herramienta más específica que SNOMED que puede complementarla. El NCBI asocia a cada taxón un identificador único, y clasifica la sinonimia de una manera más detallada. Además, contiene información específica sobre rango taxonómico y todo su linaje. Aunque en los contextos de intercambio de datos, SNOMED es el estándar utilizado, los códigos del NCBI se utilizan con mucha frecuencia en aplicaciones bioinformáticas y relacionadas con la secuenciación masiva. Son fáciles de mapear contra los SNOMED, aunque no siempre se pueden encontrar sincronizadas las reclasificaciones.

5. 2. ATC

El sistema de clasificación de fármacos ATC (Anatomical Therapeutic Chemistry) es una clasificación de fármacos muy utilizada en Farmacia para la clasificación de los medicamentos. Cada fármaco se encuentra dentro de un grupo ATC, y su código conserva la jerarquía. Así, tenemos el grupo J (Antimicrobianos de uso sistémico), y dentro de él, nos encontramos con el J0 (Antibacterianos de uso sistémico), el J01D (otros betalactámicos), el J01DD (cefalosporinas de tercera generación) y J01DD01 – Cefotaxima.

Aunque ATC es de mucha utilidad en farmacia, su estructura no siempre se amolda bien con usos más específicos, debido a varias cuestiones:

- ATC mantiene una jerarquía simétrica (todo tiene el mismo número de elementos padre) mientras que las clasificaciones de antibióticos son asimétricas (cada familia tiene distinto número de subniveles).
- ATC carece de clasificaciones intermedias que pueden ser necesarias (por ejemplo, carece del concepto “Cefalosporina”, saltando directamente de “Otros betalactámicos” a los grupos por generación).
- Debido a su estructura anatómico-terapéutica, algunos fármacos pueden estar duplicados. Por ejemplo, la tetraciclina se encuentra con el código J01AA07, en la categoría de usos sistémicos y con el código D06AA04, en la categoría de fármacos dermatológicos.

Por esa razón, se prefiere el uso de LOINC o SNOMED, según el contexto.

5. 3. UMLS

El *Unified Medical Language System* es un vocabulario publicado y mantenido por los NIH (National Institutes of Health) que intenta poner en común muchas terminologías habituales en Sanidad. El UMLS le da un código único a cada concepto (CUI- Concept Unique Identifier), que a la vez relaciona con códigos de otros vocabularios, como puede ser LOINC, SNOMED o la taxonomía del NCBI. Es una buena herramienta para comprobar mapeos cruzados, validar semántica y dispone de una buena *API Rest* para usuarios avanzados.

5. 4. UCUM

UCUM, acrónimo de *Unified Code for Units of Measure* es un Sistema estandarizado para la representación de unidades de medida, creado y mantenido por el **Instituto Regenstrief**. UCUM funciona un poco diferente, ya que no es tanto un catálogo de códigos externos a asociar, sino una notación para referenciar unidades de medida de una forma estándar y homogénea. Aunque se puede asociar la notación de unidades de forma interna para la interoperabilidad, no es una característica que siempre esté presente en los SIL, lo que es una limitación para su implementación, ya que UCUM está en inglés y no se traduce.

Es importante resaltar que, aunque hemos visto que algunos códigos LOINC hacen referencia a las unidades de medida, estas referencias siempre son genéricas (del tipo masa/volumen). Aunque en ocasiones puedan coincidir, porque solo haya una unidad compatible, como puede ser que los LOINC de propiedad *Titer* tengan como unidad el UCUM {titer}, lo habitual es especificar las unidades en un campo específico del SIL y no directamente en la prueba codificada.

6. BIBLIOGRAFÍA

1. International Health Terminology Standards Development Organisation (SNOMED International). SNOMED CT Starter Guide [Internet]. 2025. Disponible en: <https://docs.snomed.org/snomed-ct-practical-guides/snomed-ct-starter-guide>
2. Abhyankar S, Zabriskie M, Baorto D, Vreeman D. Guide for Using LOINC Microbiology Terms. Version 1.1. Indianapolis (IN): Regenstrief Institute, Inc.; 2019. Disponible en: <https://loinc.org>
3. Regenstrief Institute. Major parts of a LOINC term [Internet]. Indianapolis (IN): Regenstrief Institute; 2023 ago 15 [citado 2025 nov 2]. Disponible en: <https://loinc.org/kb/users-guide/major-parts-of-a-loinc-term/>
4. SNOMED International. Practical Guide to Postcoordination [Internet]. 2025. Disponible en: <https://docs.snomed.org/snomed-ct-practical-guides/snomed-ct-postcoordination-guide>
5. Vreeman DJ. Which LOINC name should I use for what? [Internet]. 2016 jun 21 [citado 2025 nov 5]. Disponible en: <https://danielvreeman.com/blog/2016/06/21/loinc-name-use/>
6. Prolisphere. Difference Between HL7 and ASTM [Internet]. 2025 [citado 2025 nov 5]. Disponible en: <https://www.prolisphere.com/difference-between-hl7-and-astm/>
7. National Library of Medicine. Health Data Standards and Terminologies: A Tutorial [Internet]. Bethesda (MD): U.S. National Library of Medicine; [citado 2025 nov 5]. Disponible en: <https://www.nlm.nih.gov/oet/ed/healthdatastandards/03-600.html>
8. The Unified Code for Units of Measure (UCUM) [Internet]. [citado 2025 nov 5]. Disponible en: <https://ucum.org/about>
9. Bodenreider O. The Unified Medical Language System (UMLS): integrating biomedical terminology. *Nucleic Acids Res.* 2004 Jan 1;32(Database issue):D267-70. doi: 10.1093/nar/gkh061. PMID: 14681409; PMCID: PMC308795.
10. Organización Mundial de la Salud. Anatomical Therapeutic Chemical (ATC) Classification [Internet]. 2025 [citado 2025 nov 5]. Disponible en: <https://www.who.int/tools/atc-ddd-toolkit/atc-classification>

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 1 de 12

PNT-COD-1

Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC

ELABORADO		REVISADO Y APROBADO	
Nombre / Firma	Fecha	Nombre / Firma	Fecha

EDICIÓN	FECHA	ALCANCE DE LAS MODIFICACIONES
01		Edición inicial

COPIA REGISTRADA N°.....ASIGNADA A.....

Este documento es propiedad del Servicio de Microbiología del Hospital/Centro.....
La información en él contenida no podrá reproducirse total ni parcialmente sin autorización escrita del Responsable de su elaboración. Las copias no registradas no se mantienen actualizadas a sus destinatarios.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición Nº 01	Página 2 de 12

1. PROPÓSITO Y ALCANCE

Describir el proceso de elaboración y revisión de los catálogos de Microbiología de la SEIMC. Estos catálogos se organizan en **especímenes, procedimientos, resultados, microorganismos** y las **características** o propiedades de los microorganismos. Se detalla la estructura de los catálogos, criterios de selección y el sistema de codificación utilizado.

2. FUNDAMENTO

El proceso de digitalización de la información clínica constituye una necesidad urgente en la actualidad, siendo un elemento clave para mejorar la calidad y seguridad en la atención médica. La digitalización permite un acceso rápido, seguro y eficiente a los datos clínicos, favoreciendo diagnósticos más precisos y accesibles desde diferentes plataformas informáticas. Así mismo, optimiza los procesos administrativos, reduce errores, y favorece tanto la investigación como la vigilancia epidemiológica. La adopción de herramientas digitales no solo moderniza la práctica clínica, sino que también permite extraer y filtrar la ingente cantidad de información de forma eficiente para una atención personalizada y centrada en el paciente. Para ello, un aspecto clave es la interoperabilidad de la información para garantizar que los distintos sistemas y plataformas puedan comunicarse entre sí, permitiendo el intercambio seguro y eficiente de datos entre instituciones y niveles asistenciales. El fomento de la interoperabilidad mejora la continuidad asistencial del paciente y favorece una adecuada toma de decisiones clínicas. En este sentido, se requiere que el significado de la información sea equivalente entre los diferentes sistemas, es decir, hablar con un mismo lenguaje (interoperabilidad semántica). Esto se consigue mediante el uso de estándares semánticos internacionales como LOINC (*Logical Observation Identifiers Names and Codes*) o SNOMED-CT (*Systematized Nomenclature of Medicine-Clinical Terms*).

Los servicios de Microbiología indudablemente no pueden ni deben estar fuera de la revolución digital en curso. Los profesionales deben incorporar a su bagaje de conocimientos conceptos básicos sobre ontologías, vocabularios, modelos de datos normalizados y estándares internacionales de salud digital como HL7 FHIR (*Health Level 7 Fast Healthcare Interoperability Resources*) LOINC, SNOMED-CT. Los profesionales actuales deben estar familiarizados con los sistemas de información de laboratorio (SIL), los sistemas de historia clínica electrónica (HIS), con las herramientas de análisis de datos y con los principios fundamentales sobre cómo se transmite e integra la información entre sistemas. Es altamente recomendable que, en cada laboratorio, especialmente los de mayor tamaño, exista al menos un especialista en Microbiología Clínica con formación específica en salud digital. Sólo así será posible abordar el reto organizativo que supone colaborar con informáticos clínicos, bioinformáticos, ingenieros y gestores de datos para definir modelos de información comunes y garantizar la trazabilidad y calidad de los datos. Por tanto, los servicios de Microbiología deben promover una formación continuada y reglada en salud digital, interoperabilidad y terminologías clínicas, así como participar activamente en redes autonómicas o nacionales de interoperabilidad en salud.

Consciente de la necesidad de disponer de un Catálogo de Microbiología común, basado en estándares comunes de codificación, la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC) aprobó en 2023 este objetivo como proyecto faro y acción estratégica, con el fin de servir de apoyo a los laboratorios de Microbiología de nuestro país. Disponer de un catálogo bien estructurado permitirá dar respuesta a las siguientes necesidades:

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición Nº 01	Página 3 de 12

1. La licitación de Sistemas Informáticos de Laboratorio (SIL) es cada vez más frecuente en los sistemas autonómicos de salud, que tienden a implementar un SIL único para todos los laboratorios. En este contexto, el Catálogo SEIMC facilitará una configuración más ágil y homogénea de los diferentes SIL, al apoyarse en estándares comunes de codificación y estructura.

2. La codificación normalizada de las pruebas de microbiología, microorganismos, especímenes, resultados, etc. no sólo es demandada por la propia especialidad de microbiología, sino también por organismos oficiales estatales, como el Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES), Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE), el PRAN, la AEMPS o el Ministerio de Sanidad, y autonómicos a través de sus respectivas consejerías de salud, que requieren el uso de una semántica común.

3. Disponer de un catálogo bien estructurado, permitirá la cuantificación de las cargas de trabajo y de los costes de los laboratorios de Microbiología, mediante métricas (URV u otras), que podrán integrarse en los SIL asociadas a cada una de las pruebas microbiológicas definidas en el catálogo.

Para afrontar estos retos, el Grupo de Estudio para la Gestión en Microbiología Clínica (GEGMIC), de acuerdo con la Junta Directiva de la SEIMC, constituyó en 2023 un grupo coordinador interautonómico de catálogos, con la labor principal de confeccionar y validar un Catálogo común y normalizado de Microbiología Clínica, disponible en la página web de la SEIMC. El presente documento tiene como finalidad establecer unas guías para la elaboración, mantenimiento y actualización del Catálogo SEIMC.

Un hito destacado de los catálogos SEIMC es su aceptación en 2025 como catálogos de referencia para su inclusión en el Servidor de Terminologías de Referencia del Sistema Nacional de Salud (strSNS), instalado en el Ministerio de Sanidad. El objetivo de esta plataforma es facilitar la distribución, gestión y consulta de recursos de normalización clínica, para su uso por parte de las comunidades autónomas y de otras entidades del SNS. Este proyecto se enmarca en los objetivos del Ministerio de Sanidad orientados a estandarizar y normalizar las terminologías de uso habitual en el ámbito del SNS. Entre los contenidos más relevantes del servidor de terminologías se encuentra el portal de SNOMED CT, que incluye la edición internacional (*International Edition*), la edición en español (*Spanish Edition*) y las extensiones nacionales (*Extensión para España del SNS* y *Extensión para España de Medicamentos*). Así mismo, el servidor ofrece otros recursos de normalización, como los recursos semánticos para proyectos europeos (*Master ValueSet Catalogue* y *Master Translation/Transcoding Catalogue*), así como estándares nacionales y otros recursos de referencia para la clasificación de enfermedades (CIE-10-ES, CIE-O-3), la normalización de medicamentos (Nomenclátor de Prescripción y ATC), imagen médica (SERAM y SEMNIM), pruebas diagnósticas (LOINC), y vacunas (SIVAIN), entre otros.

Entre las funcionalidades principales del Servidor de Terminologías de Referencia del Sistema Nacional de Salud podemos destacar:

- Descarga directa de contenidos actualizados
- Suscripción a recursos con aviso de actualización
- Servicios REST y FHIR para la consulta e integración de los recursos disponibles en los sistemas de información
- Buscador terminológico, que facilita la búsqueda por texto libre o código exacto en el conjunto de todos los recursos semánticos del strSNS

El strSNS se establece como el nodo central a través del cual las distintas entidades autorizadas pueden sincronizar sus recursos o realizar consultas específicas sobre los recursos alojados. Para el desarrollo de esta herramienta, se han empleado tecnologías adaptadas a las estructuras de datos que es necesario gestionar. Entre ellas podemos destacar el uso de bases de datos no relacionales (NoSQL) que optimizan el

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 4 de 12

almacenamiento de grandes volúmenes de información y permiten realizar consultas de manera más eficiente.

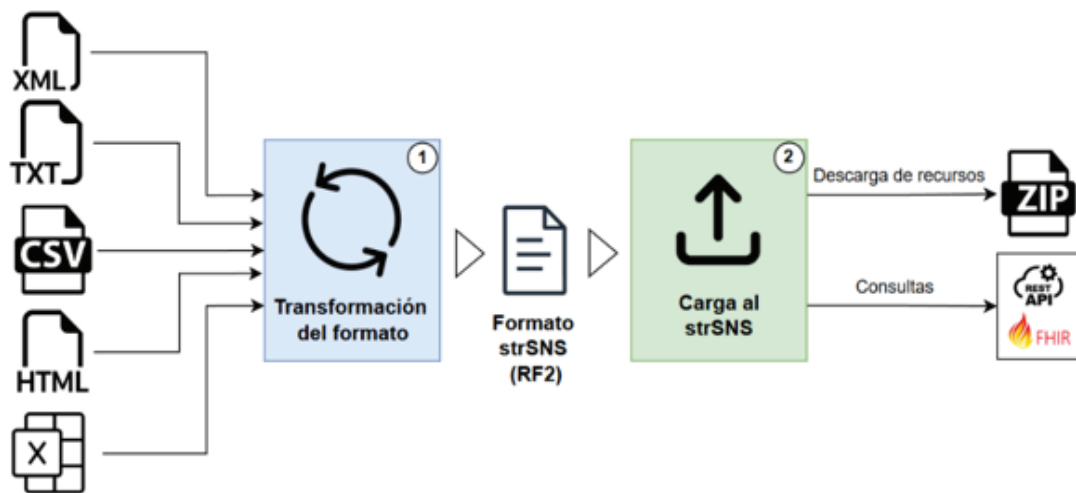


Figura 1: Proceso de normalización y carga de recursos para su consulta en el strSNS

Para compartir estos recursos, primero se transforman sus formatos originales, como XML, CSV, TXT, HTML o Excel, al estándar RF2 (TSV) con codificación UTF-8. Este proceso, representado en el bloque de *Transformación del formato* (1) en la Figura 1, garantiza una presentación homogénea y estandarizada. Posteriormente, en la etapa de *Carga al strSNS* (2), los recursos transformados se incorporan a la base de datos del servidor. Una vez integrados, quedan disponibles para su descarga en formato comprimido o para consulta mediante API REST y FHIR.

3. DOCUMENTOS DE CONSULTA

- Guía de usuario de LOINC. Disponible en <https://loinc.org/kb/users-guide/>
- Guía de usuario del navegador internacional de SNOMED CT. Disponible en <https://docs.snomed.org/snomed-ct-user-guides/snomed-ct-browser-guide>.

4. ESTRUCTURA Y MATERIALES

4.1. REPOSITORIO WEB DE LA SEIMC

Sitio de acceso libre y gratuito donde se disponen diferentes catálogos que pueden descargarse en formato excel:

- Catálogo de Pruebas o Procedimientos (codificación LOINC).
- Catálogo de Muestras o especímenes (codificación SNOMED CT).
- Catálogo de Microorganismos (codificación SNOMED CT).
- Catálogo de Características de Microorganismos (codificación SNOMED CT).
- Catálogo de resultados de los procedimientos (codificación SNOMED CT).

Disponible en: <https://seimc.org/servicios/catalogos-de-microbiologia-clinica-seimc/>.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 5 de 12

4.2. COORDINADOR DE CATÁLOGOS SEIMC

Persona o grupo de personas responsables de la elaboración y continua revisión de los catálogos. Son nombrados por la Junta Directiva de la SEIMC con la misión de entregar dos ediciones anuales de los Catálogos.

4.3. GRUPO INTERAUTONÓMICO DE CATÁLOGO

Grupo de trabajo con representación de todas las CCAAs, y los sistemas informáticos de laboratorio utilizados en nuestro país. Los primeros miembros de este grupo fueron seleccionados por la junta directiva de GEGMIC, tras consulta con las diferentes sociedades autonómicas de Microbiología, buscando perfiles profesionales acordes con el objetivo de la codificación de la información que emana de un laboratorio de Microbiología. Este grupo tiene la función de revisar los borradores de catálogos, y servir de enlace a todos los laboratorios de Microbiología en su respectiva comunidad autónoma.

4.4. OTRAS TÉCNICAS RÁPIDAS

Página del Instituto Regenstrief (Indianapolis, USA). De acceso gratuito aunque requiere registrarse como usuario. Disponible en <https://loinc.org/search/>

4.5. BUSCADOR INTERNACIONAL DE CÓDIGOS SNOMED CT

En esta web, gratuita y de acceso libre, se encuentran estos sitios de interés. Disponible en <https://browser.ihtsdotools.org/>:

- Edición Internacional.
- Edición Internacional en español.
- Extensión para España del Sistema Nacional de Salud. (<https://snomedsns.es>).

5. PROCEDIMIENTO

5.1. ESTRUCTURA Y NORMAS DEL CATÁLOGO DE PROCEDIMIENTOS

La estructura del catálogo SEIMC de Procedimientos o pruebas consta de 11 columnas, de las cuales las columnas C-I se obtienen de la web de LOINC internacional:

A. Clasificación. Agrupa los procedimientos en grandes categorías para facilitar su búsqueda: Anticuerpos, Antígenos, Cultivos, Microscopía o tinciones, Diagnóstico molecular, y Sensibilidad antimicrobiana. Las pruebas de detección de genes de resistencia se agrupan dentro de Diagnóstico molecular, y no en el de Sensibilidad antimicrobiana.

B. Procedimiento. Descripción en idioma castellano propuesta por el Coordinador para el Catálogo SEIMC, por ej. "Treponema pallidum, Anticuerpos por inmunoensayo". Los diferentes usuarios pueden usar diferentes descriptivos en los respectivos SIL, atendiendo a las nomenclaturas e idiomas con las que están familiarizadas en su centro.

C. Código LOINC. Código numérico único para cada procedimiento.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 6 de 12

- D. Nombre común largo LOINC. Descripción oficial en idioma inglés, por ej. “*Treponema pallidum* Ab [Presence] in Serum by Immunoassay”.
- E. Componente. Corresponde a la sustancia o entidad que es observada o medida. Se expresará en idioma castellano, siguiendo el ejemplo anterior el componente sería “*Treponema pallidum*, Anticuerpos”.
- F. Propiedad. Hace referencia al atributo o característica del componente o analito que pretendemos medir. Lo expresamos en idioma castellano, y en el ejemplo anterior sería “Presencia”.
- G. Sistema. Sustancia, matriz o muestra analizada. Siguiendo el mismo ejemplo, sería “Suero”.
- H. Escala. Hace referencia a cómo expresamos el resultado. En el catálogo lo expresamos mediante abreviaturas en inglés como se refleja en el catálogo LOINC internacional. En el ejemplo anterior sería “Ord” de ordinal, al ser un resultado de tipo “Positivo/Negativo”.
- I. Método. Se refleja el método en castellano, y no siempre es necesario para definir el código LOINC. Lo expresamos en castellano y en el ejemplo citado sería “Inmunoensayo”
- J. Fecha incorporación. Fecha de la edición en la que se ha incorporado el registro. Debe estar en formato aaaammdd sin separadores, por ej. 20250601 que se refiere a la edición de 01 de Enero de 2025.
- K. Fecha actualización. Cuando hay un cambio para un mismo concepto en alguno de los ejes de la tabla. Como en el caso anterior, el formato de la fecha debe ser aaaammdd.
- L. Estado. Marca cada registro como Activo, En retirada o retirado.

Para la selección e incorporación de los códigos al catálogo SEIMC se han seguido las siguientes normas o criterios:

- Sólo se incluirán los procedimientos que se apliquen directamente a la muestra, y de los cuales se emiten resultados de interés clínico o epidemiológico. No se incluyen, al menos en las fases actuales, procedimientos que se apliquen a aislados o cepas.

Siempre que sea posible, para un mismo procedimiento se incluye el código LOINC correspondiente a muestra genérica (sistema XXX). Esta regla es especialmente relevante para las tinciones, el diagnóstico molecular y la detección de antígenos. Sólo se incluyen códigos específicos asociados a la muestra cuando ésta es necesaria para interpretar el resultado. Ejemplos:

44357-2 | Galactomannan Ag [Units/volume] in Serum or Plasma by Immunoassay.
76075-1 | Galactomannan Ag [Units/volume] in Bronchoalveolar lavage.

- Cultivos: estos procedimientos tienen la particularidad de que la tipología de muestra influye en las características del procedimiento y los resultados esperados, por lo que se asignan códigos diferenciados según la muestra o grupo de muestras.

Ejemplos:

6460-0 | Bacteria identified in Sputum by Culture.
630-4 | Bacteria identified in Urine by Culture.

Aunque en el Catálogo SEIMC se ha incluido un procedimiento genérico de cultivo (6463-4 | Bacteria identified in Specimen by Culture), se desaconseja su uso en el SIL, porque no permite asociar unos costes analíticos, tiempos de respuesta o diccionarios específicos de resultados a cada procedimiento. Cada procedimiento de cultivo con diferencias relevantes debe disponer de su propio código diferenciado.

Cultivos específicos de microorganismo: no se incluirán códigos diferentes según el tipo de muestra/sistema salvo que implique cambios relevantes en el procedimiento. Ejemplos:

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 7 de 12

88585-5 | Legionella sp identified in Lower respiratory specimen by Organism specific culture.
87957-7 | Legionella sp identified in Water by Organism specific culture.

- Cultivos cuantitativos: en aquellas circunstancias en las que es necesario informar no solo una identificación si no también una cuantificación del crecimiento, se incorporarán los códigos específicos para informar dicha cuantificación. Por ejemplo:

10665-8 | Fungus colony count [# /volume] in Specimen by Environmental culture.
20695-3 | Bacteria [# /volume] in Mother's milk.
30121-8 | Colony count [# /volume] in Dialysis fluid.

Detección de antígenos: aquellas determinaciones de detección de antígenos susceptibles de realizarse tanto por analizadores convencionales (trabajo en lotes) o como prueba rápida (modo point of care), se incorporan códigos LOINC diferenciados. Ejemplo:

31843-6 | Helicobacter pylori Ag [Presence] in Stool.
80373-4 | Helicobacter pylori Ag [Presence] in Stool by Rapid immunoassay.

-Pruebas (paneles) multiplex: se priorizará la inclusión de los códigos para las detecciones individuales dentro del panel, al ser los más relevantes para el intercambio y el análisis de datos.
-Pruebas de inmunodiagnóstico (Método): para un mismo componente o analito, se incluyen códigos diferenciados por cada tipo de método (por ej. inmunofluorescencia, hemaglutinación, inmunoblot, etc.).
-Pruebas de inmunodiagnóstico (Sistema): en caso de disponer códigos LOINC diferentes para sistema [Suero] o [Suero / Plasma], se incorpora el correspondiente a [Suero / Plasma]. Para aquellas determinaciones de serología que también se realizan en otras muestras, como LCR, se incorporan códigos LOINC específicos.

Ejemplo:

83080-2 Borrelia burgdorferi IgG Ab [Presence] in Cerebral spinal fluid by Immunoassay.
31146-4 Reagin Ab [Titer] in Cerebral spinal fluid by VDRL.

-Pruebas de inmunodiagnóstico (Escala y propiedad): Siempre que sea posible, en las pruebas de inmunoensayo convencionales (ELISA, quimioluminiscencia) se incorporan códigos LOINC tanto para valores cualitativos (escala Ordinal) como cuantitativos (escala Qn).

Por Ejemplo:

91080-2 | Zika virus IgG Ab [Presence] in Serum or Plasma by Immunoassay.
97870-0 | Zika virus IgG Ab [Units/volume] in Serum or Plasma by Immunoassay.

- **Pruebas de inmunodiagnóstico:** En técnicas de serología que típicamente se titulan los resultados positivos (por ej. inmunofluorescencia, hemaglutinación, neutralización, etc.), se prioriza el código correspondiente a la Propiedad [Título]. Por ejemplo, en LOINC internacional se disponen de estos códigos para el procedimiento de hemaglutinación de anticuerpos de Fasciola:

56924-4 | Fasciola hepatica Ab [Titer] in Serum by Hemagglutination.
63443-6 | Fasciola hepatica Ab [Presence] in Serum by Hemagglutination.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 8 de 12

Para el catálogo SEIMC, seleccionamos el primero (Título), ya que en este tipo de técnicas se espera que se titulen en caso de resultados positivos. Con ello se intenta un catálogo homogéneo, evitando duplicidades innecesarias. En caso de usuarios que sólo informarán la prueba en modo Presencia/Ausencia, deberá usarse el código alternativo.

-Diagnóstico molecular: Incluir en el catálogo SEIMC los procedimientos de amplificación que se detecte tanto por sonda o sin sonda, si ambos están disponibles. Por ejemplo:

97936-9 | Candida auris DNA [Presence] in Specimen by NAA with probe detection
95765-4 | Candida auris DNA [Presence] in Specimen by NAA with non-probe detection

-Sensibilidad antimicrobiana: se incluyen códigos genéricos de un determinado antimicrobiano, así como el código específico según el método de sensibilidad. Por ejemplo:

18906-8 | Ciprofloxacin [Susceptibility]
185-9 | Ciprofloxacin [Susceptibility] by Minimum inhibitory concentration (MIC)
186-7 | Ciprofloxacin [Susceptibility] by Disk diffusion (KB)
7002-9 | Ciprofloxacin [Susceptibility] by Gradient strip

-Sensibilidad antimicrobiana: si bien en la actualidad no hay muchos códigos disponibles para la interpretación de la sensibilidad antimicrobiana según el tipo de infección, se irán incorporando códigos específicos según el síndrome clínico relacionado. Por ejemplo: 52128-6 | Cefotaxime [Susceptibility] for meningitis.

5.2. ESTRUCTURA Y NORMAS DEL CATÁLOGOS DE ESPECÍMENES

La estructura del Catálogo SEIMC de Especímenes es sencilla y únicamente recogerá la descripción en idioma castellano, el código SNOMED y las fechas de incorporación y actualización en formato aaaammdd. A partir de la versión 5 incluye también la columna Estado. Se incluirán las muestras completamente pre-coordinadas a un único código, lo que no es incompatible con que en los respectivos SIL existan elementos de la base de datos para construir dimensiones, como el tipo de sustancia y la localización anatómica o la 8

El catálogo incluye no sólo muestras clínicas, sino también otro tipo de muestras analizadas en Microbiología como productos de farmacia, dispositivos médicos, muestras ambientales, etc. Cuando la muestra se refiere a un componente del cuerpo humano de procedencia distinta al paciente al que se asigna el resultado en el SIL, deberá tener códigos SNOMED diferentes para evitar confusión en el historial clínico.

Por ejemplo, las muestras fetales como: 737357006 | muestra de sangre fetal.

5.3. ESTRUCTURA Y NORMAS DEL CATÁLOGO DE MICROORGANISMOS

El Catálogo SEIMC de Microorganismos, basado en SNOMED CT, sigue una estructura similar a la de especímenes, aunque incluye una columna adicional de "Observaciones". Esta columna se utiliza para orientar al sobre equivalencias de nomenclaturas, especialmente en aquellos microorganismos cuya clasificación o denominación cambia con frecuencia, permitiendo una correcta interpretación y facilitando la transición

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 9 de 12

entre nomenclaturas antiguas y actuales.

En el catálogo no se incluyen nombres de serogrupos o serovariedades con la excepción de los serovares Paratyphi y Typhi de *Salmonella enterica* por sus implicaciones clínicas particulares.

5.4. ESTRUCTURA Y NORMAS DEL CATÁLOGO DE CARACTERÍSTICAS DE MICROORGANISMOS

Es un catálogo complementario al de los nombres de microorganismos, pero referidos a características adicionales de los mismos. Aunque agrupados en el mismo árbol jerárquico de los microorganismos en SNOMED CT, se ha preferido mostrarlo de forma diferenciada para explicitar mejor que son conceptos que acompañan a los microorganismos, y por tanto su información debería estar en campos separados aunque relacionados, en la mensajería.

En este catálogo se recogen conceptos como atributos de resistencia antimicrobiana, por ej. “Bacteria productora de beta-lactamasa de espectro extendido (organismo)” o “Bacteria panresistente (organismo)”. Aunque SNOMED CT recoge conceptos de microorganismo con atributo de resistencia, por ej. “*E. coli* productora de beta-lactamasa de espectro extendido”, no se incluyen en el catálogo SEIMC por no ser operativo ni recomendado su uso. La opción más recomendada es separar los conceptos de nombre de microorganismo y sus características adicionales.

Otros conceptos que se recogen en este catálogo son por ejemplo serotipos de *Streptococcus pneumoniae*, serogrupos de *Salmonella*, patotipos de *E. coli*, etc.

5.5. PROCEDIMIENTO DE ALTAS, BAJAS Y REVISIONES

Los catálogos de la SEIMC se renuevan dos veces al año en torno a los meses de junio y diciembre, y las versiones sucesivas se denominarán conforme a las fechas de edición en formato *aaaammdd*, (Ejemplos: 20240601 o 20241201), que se refieren a las versiones de junio y diciembre del año 2024. En cada versión de los catálogos se registrarán los cambios efectuados con respecto a la anterior versión en hoja aparte. En las hojas de los catálogos de las versiones en curso, se marcarán en color amarillo los cambios con respecto a la versión anterior, para facilitar al usuario una lectura ágil de los cambios registrados. En la hoja de registro de cambios del catálogo, se guardará el historial de todos los cambios efectuados en versiones anteriores, y se visualizará en orden cronológico inverso (en primer lugar los cambios recientes).

Cualquier usuario podrá proponer altas o cambios en los conceptos de cualquier catálogo, y para ello puede escribir en el formulario disponible en la web de la SEIMC. Estas propuestas serán remitidas por la Secretaría de SEIMC a la Coordinación del Catálogo, la cual responderá al proponente y podrá solicitar información adicional si procediera. Al menos antes de cada versión semestral, el Coordinador deberá enviar todas las propuestas recibidas al Grupo Interautonómico, que será el encargado de su revisión y validación. A su vez, los miembros del Grupo Interautonómico, podrán proponer cambios en representación de sus respectivas comunidades autónomas.

Si se acepta la incorporación de nuevos conceptos en el Catálogo, y no se encuentran disponibles en las páginas web de LOINC y SNOMED CT, el Coordinador cursará solicitudes de alta:

- En el caso de conceptos SNOMED-CT (microorganismos, especímenes, resultados), se solicitará al Centro

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 10 de 12

Nacional de Referencia de SNOMED CT para España (Área de Semántica Clínica, Subdirección General de Información Sanitaria, Ministerio de Sanidad); buzón de correo: semanticaSNS@sanidad.gob.es.

• En el caso de conceptos LOINC (procedimientos) se solicitará a través de la web de LOINC del Instituto Regenstrief a través del formulario disponible en <https://loinc.org/submissions/request/>. Los datos de la subida pueden precargarse en el fichero excel del *basic submission* template disponible en la propia web del formulario. Dicho excel contiene los siguientes campos:

- o Reference #: En este recuadro se proporciona un número de identificación de referencia único para cada término que se solicite. Estos números de referencia se transmitirán junto con los LOINC propuestos a los que hacen referencia. El personal del Instituto podrá utilizar estos números para comunicarse con el Coordinador en relación con consultas específicas de la solicitud, y se le devolverán junto con los LOINC solicitados una vez finalizado el proceso de envío. Ejemplo: SEIMC-LN-0001.
- o Local observation code: Código provisional que identifica la prueba en el Catálogo SEIMC. Ejemplo: SEIMC-LN-0001.
- o Local observation name: Nombre en idioma castellano de la prueba en el Catálogo SEIMC. Ejemplo: Astrovirus, Antígeno por inmunoensayo rápido.
- o Observation description: La descripción debe indicar qué se mide, cómo se realiza y cómo se utiliza clínicamente (p. ej., qué afecciones diagnosticada, monitoriza o detecta, etc.). Ejemplo: Astrovirus Ag [Presence] in Stool by Rapid immunoassay.
- o Reference Info/URL: Se aporta URL, citas o enlaces a cualquier información adicional que se tenga sobre la prueba. El proceso de aprobación de las solicitudes incluye una investigación y un análisis detallados. Proporcionar información de referencia pertinente facilita el proceso y reduce la posibilidad de errores. Ejemplo: <https://www.certest.es/wp-content/uploads/2019/02/IU-AT8V.pdf>
- o Component: Eje componente o analito de la prueba. Ejemplo: Astrovirus Ag.
- o Property: Eje Propiedad del código LOINC. Ejemplo: PrThr (*Presence Threshold*, presencia o ausencia).
- o Timing: Eje del tiempo o tiempos en que se analiza la prueba. Ejemplo: Pt (puntual).
- o System: Eje del sistema o tipo de muestra que se analiza. Ejemplo: Stool.
- o Scale: Eje escala del resultado. Ejemplo: Ord (ordinal)
- o Method: Eje método de la prueba. Ejemplo: IA.Rapid.
- o Answers: Lista de las respuestas que se suelen reportar en la prueba que se solicita. Ejemplo: Positivo, Negativo
- o Units: Unidad de medida para los resultados de las pruebas cuantitativas.
- o Formula: Fórmula en formato legible para humanos para calcular el valor de cualquier medida que se base en una fórmula algebraica o de otro tipo, excepto aquellas en las que el componente expresa la fórmula. Poco usado en Microbiología Clínica.

Una vez realizada la solicitud, queda registrada en la cola pública de envíos, donde puede revisarse su estado. La cola puede consultarse en <https://loinc.org/submissions/queue/>. Es importante tener en cuenta que el tiempo de respuesta de LOINC puede superar fácilmente el cuatrimestre. Antes de la incorporación de cada versión de los catálogos a la web de la SEIMC, se deben enviar los mismos al Área de Semántica Clínica para la auditoría de contenido, que pueden detectar errores o proponer sugerencias de correcciones. En tal caso, el Coordinador del Catálogo deberá enviar nuevamente las versiones corregidas al Área de Semántica para la comprobación y aprobación final. Una vez finalizado el proceso de revisión, los catálogos estarán disponibles en la web de la SEIMC y en el Servidor de Terminologías de Referencia del SNS (strSNS) del Ministerio de Sanidad.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 11 de 12

6. RESPONSABILIDADES

- Coordinador de Catálogos:
 - o Recibir, valorar y responder a las propuestas de modificaciones de catálogos por parte de los usuarios de los mismos.
 - o Enviar las nuevas versiones de los catálogos al grupo interautonómico SEIMC, para su aprobación definitiva.
 - o Enviar las nuevas versiones de los catálogos al Área de Semántica Clínica (Subdirección General de Información Sanitaria, Ministerio de Sanidad) para la auditoría de su contenido, previamente a la subida de las versiones finales a la web de la SEIMC y al Servidor Terminológico de Referencia del SNS (strSNS).
 - o Solicitar nuevos códigos y conceptos SNOMED CT o LOINC.
- Grupo interautonómico de catálogos SEIMC:
 - o Aprobación de las sugerencias de incorporaciones, bajas o modificaciones de los diferentes catálogos propuestos por el Coordinador de Catálogos.
 - o Difusión y comunicación de los catálogos a los laboratorios de Microbiología en su respectivo ámbito autonómico.
- Secretaría SEIMC:
 - o Mantenimiento del recurso web donde se ubican los Catálogos SEIMC.
 - o Derivación al Coordinador de Catálogos de las propuestas de modificaciones.
 - o Subida de nuevas versiones de los catálogos en la web de la SEIMC.
- Junta directiva GEGMIC:
 - o Apoyo al Coordinador de Catálogo.
 - o Mantenimiento del grupo interautonómico de catálogos.
- Junta Directiva SEIMC:
 - o Elección del Coordinador de Catálogos SEIMC.
 - o Apoyo financiero del mantenimiento de los Catálogos SEIMC.
- Centro Nacional de Referencia de SNOMED CT para España (Área de Semántica Clínica de la Subdirección General de Información Sanitaria, Ministerio de Sanidad):
 - o Auditoría de contenido de los catálogos SEIMC.
 - o Alta de nuevos códigos de SNOMED CT (extensión española SNOMED CT)

7. ANOTACIONES

- Este documento describe el proceso de elaboración de los catálogos SEIMC, y se explican los criterios que se han seguido a la hora de seleccionar los códigos, con la intención de ofrecer una herramienta accesible a usuarios menos familiarizados con la estandarización de la semántica.
- En sucesivas versiones del Catálogo, se irá adquiriendo complejidad conforme haya una mayor participación de los usuarios. Entre los objetivos futuros, se incluye un catálogo de textos de resultados normalizados mediante esquema SNOMED. Tan importante es codificar las pruebas como las respuestas a las mismas.

Servicio / Unidad de Microbiología Hospital.....	Catálogos de Microbiología Clínica SEIMC	PNT-COD-1	
		Edición N° 01	Página 12 de 12

8. LIMITACIONES

- Aunque actualmente los catálogos SEIMC se disponen en formato Excel, conforme los mismos van aumentando el número de registros, se aumenta el riesgo de errores en la transcripción de la información en las sucesivas revisiones. Se aconseja que en el futuro se disponga de herramientas seguras de gestión de bases de datos, preferiblemente sincronizadas automáticamente con las fuentes originales de las que se nutren los catálogos.

- En el momento actual, la cartera de servicios de los laboratorios de Microbiología está en continuo crecimiento, especialmente en el campo de la Microbiología Molecular y la Secuenciación Masiva. Es previsible que, en algunas ocasiones, no existan códigos LOINC adecuados para ciertos procedimientos nuevos. En estos casos, se recomienda utilizar códigos provisionales hasta disponer del código estándar definitivo.

- Para evitar pérdida del historial de una misma prueba en un SIL que puede sufrir cambios de código, es altamente recomendable que los diferentes SIL dispongan de más de un campo de codificación en la configuración de cada prueba, un código permanente que garantice la trazabilidad y el historial interno de la prueba, y otro variable, que recoja el código oficial y estándar necesario para la interoperabilidad.

- Los cambios de nomenclatura de los microorganismos son frecuentes y, en teoría, no deberían afectar a su código numérico, que debería permanecer inalterable. Sin embargo, como en el caso anterior, SNOMED CT propone cambios de código para un mismo microorganismo. Por ello, también es deseable que los diferentes SIL puedan permitir estos cambios sin alterar el historial de un microorganismo.

- El Catálogo SEIMC no incluye procedimientos intermedios aplicados a microorganismos, pero no se descarta que en el futuro se incluya para facilitar una comparación de los costes de las distintas pruebas realizadas en un laboratorio.

9. BIBLIOGRAFÍA

1. García Martínez J, González Praetorius A, Ocete Mochón MD, Viñuelas Bayón J. 2021. 72. Sistemas informáticos en el laboratorio de Microbiología. González-Praetorius A (coordinador). Procedimientos en Microbiología Clínica. Cercenado Mansilla E, Cantón Moreno R (editores). Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC). 2021.
2. BOE-A-2023-15551: Real Decreto 572/2023, de 4 de julio, por el que se modifica el Real Decreto 1093/2010, de 3 de septiembre, por el que se aprueba el conjunto mínimo de datos de los informes clínicos en el Sistema Nacional de Salud. Boletín Oficial del Estado núm. 159, de 5 de julio de 2023, páginas 93313 a 93378.
3. Ministerio de Sanidad (s.f.). Servidor de Terminologías de Referencia del Sistema Nacional de Salud. <https://www.sanidad.gob.es/areas/saludDigital/interoperabilidadSemantica/factoriaRecursos/servTerm.htm>