Global Science Publishing

血流感染病原体快速检测技术研究进展

谢春芳
襄阳市襄州区第二人民医院，湖北襄阳
DOI:10.62836/medicine.v3i5.1446

摘要：血流感染（*bloodstream infection*，*BSI*）病情进展快，严重者可发展为脓毒症、感染性休克及多器官功能障碍。及时明确病原体并获得抗菌药物敏感性信息，是优化经验性治疗和尽早实施目标性抗感染治疗的重要依据。血培养目前仍是血流感染病原学诊断的基础，但受病原体载量、采血量、抗菌药物使用及微生物生长特性等因素影响，从标本采集到完成鉴定和药敏试验往往需要较长时间。近年来，基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱、多重*PCR*、快速表型药敏、*T2*磁共振、宏基因组高通量测序及纳米孔测序等技术逐渐用于血流感染诊断，可在不同环节缩短病原体鉴定或药敏结果的获得时间。不同技术在病原谱覆盖范围、耐药信息获取能力、检测成本及实验室条件要求等方面各有特点，现阶段仍难以完全替代血培养。本文对血流感染快速病原学诊断的主要技术、临床应用及局限进行综述，并讨论不同检测方法的适用场景及其与抗菌药物管理的衔接。

关键词：血流感染；血培养；快速诊断；*MALDI-TOF MS*；多重*PCR*；药敏试验；宏基因组测序

Advances in Rapid Diagnostic Technologies for Pathogens Causing Bloodstream Infections

Chunfang Xie
The Second People's Hospital of Xiangzhou District, Xiangyang, Hubei

Abstract: Bloodstream infection (BSI) can progress rapidly and, in severe cases, may lead to sepsis, septic shock, and multiple organ dysfunction. Timely identification of the causative pathogen and acquisition of reliable antimicrobial susceptibility information are essential for optimizing empirical therapy and facilitating an early transition to targeted antimicrobial treatment. Blood culture remains the cornerstone of etiological diagnosis of BSI; however, its performance is influenced by factors such as pathogen load, blood volume collected, prior antimicrobial exposure, and microbial growth characteristics. In addition, the conventional workflow from specimen collection to pathogen identification and antimicrobial susceptibility testing is often time-consuming. In recent years, several rapid diagnostic technologies, including matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, multiplex polymerase chain reaction, rapid phenotypic antimicrobial susceptibility testing, T2 magnetic resonance, metagenomic next-generation sequencing, and nanopore sequencing, have increasingly been applied to the diagnosis of BSI, shortening the time required to obtain pathogen identification or susceptibility results at different stages of the diagnostic process. These

*作者简介：谢春芳（1977-），女，中共党员，微生物检验技术中级，湖北省襄阳市襄州区第二人民医院党支部书记，研究方向：临床检验。

technologies differ in pathogen coverage, ability to provide antimicrobial resistance information, cost, and laboratory requirements, and none can currently fully replace blood culture. This review summarizes the major rapid diagnostic technologies for BSI, their clinical applications and limitations, and discusses their appropriate use in different clinical settings as well as their integration with antimicrobial stewardship.

Keywords: bloodstream infection; blood culture; rapid diagnosis; MALDI-TOF MS; multiplex PCR; antimicrobial susceptibility testing; metagenomic sequencing

1 引言

血流感染是病原微生物进入血液循环后引起的一类严重感染性疾病，常见病原体以细菌和真菌为主。部分患者病情可迅速进展为脓毒症和感染性休克，因此尽早明确感染病原体并据此调整抗感染方案，是临床诊疗中的重要环节。2021年国际脓毒症与感染性休克管理指南指出，对于高度疑似脓毒症或感染性休克的患者，应尽早启动抗感染治疗；在不明显延误治疗的前提下，宜于抗菌药物使用前留取适当的微生物培养标本[1]。这意味着临床治疗不能因等待病原学结果而延误，同时也对微生物实验室的检测时效提出了更高要求。

血培养目前仍是血流感染病原学诊断的基础，可获得具有活性的病原微生物，并进一步完成菌种鉴定、抗菌药物敏感性试验及必要的耐药机制分析[2]。但血培养结果易受采血量、抗菌药物暴露及病原体生长特性等因素影响，传统流程还需经历培养阳性、分离培养、鉴定和药敏等环节，从采血到获得完整结果往往需要较长时间[3]。

目前血流感染快速诊断主要沿两条技术路线发展：一类是在血培养报警阳性后缩短后续鉴定和药敏时间，包括MALDI-TOF MS、多重PCR和快速表型药敏；另一类则尝试绕过培养增菌环节，直接从全血或血浆中获取病原学信息，如T2磁共振、直接分子检测及宏基因组测序等[4]。不同技术提供的信息并不相同，在临床微生物实验室中的应用也各有侧重。

2 血培养在血流感染快速诊断中的基础作用

尽管快速检测技术不断发展，血培养目前仍难以被完全替代。除获得活菌外，阳性培养物还可用于进一步的菌种确认、表型药敏及耐药机制研究，而部分快速检测只能提供预设病原体或有限耐药信息。因此，现阶段快速检测更多是对血培养流程的补充和优化。

血培养的诊断效能首先受到分析前质量影响。采血时机、采血量、培养瓶数量、皮肤消毒、标本运输及采血前抗菌药物使用均可影响病原体检出。成人菌血症患者外周血中的病原体浓度通常较低，在合理范围内增加采血量有助于提高检出率[3]。另一方面，采血操作不规范可导致皮肤定植菌污染，增加结果解释难度及不必要的抗菌药物使用。因此，在引入快速检测技术的同时，规范血培养采集、运输和分析前质量控制仍是提高血流感染病原学诊断质量的基础。

3 MALDI-TOF MS在阳性血培养快速鉴定中的应用

3.1 技术特点及检测性能

基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱（matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry，MALDI-TOF MS）通过获取微生物蛋白质质谱特征并与数据库参考谱图进行比对，实现微生物鉴定。与传统生化鉴定相比，该技术检测速度快、操作相对简便，已广泛用于临床细菌和真菌

鉴定。

常规MALDI-TOF MS通常需要从固体培养基获得单菌落后再进行检测。若直接以阳性血培养液为检测起点，通过离心、裂解、洗涤等方法去除血细胞及培养基成分并富集菌体，可进一步减少分离培养所需时间。

Ruiz-Aragón等[5]纳入32项研究进行系统评价和Meta分析，结果显示，阳性血培养液直接MALDI-TOF MS对革兰阴性菌的种水平正确鉴定率总体高于革兰阳性菌，合并正确鉴定率分别约为92%和72%。Dai等[6]对2032份阳性血培养标本进行研究，采用离心联合裂解方法进行前处理后，总体鉴定率为87.6%，其中革兰阴性菌的鉴定效果优于革兰阳性菌和真菌。

与固定靶标的多重PCR相比，MALDI-TOF MS并不局限于预先设定的少数病原体，其检测能力主要取决于数据库覆盖情况及是否能够获得足够的目标蛋白信号。因此，对部分不在常规分子检测面板中的细菌具有一定补充价值。

3.2 局限性

MALDI-TOF MS主要解决病原体鉴定问题，目前仍不能常规替代表型药敏试验。虽然部分研究尝试通过特异性质谱峰或抗菌药物水解产物识别耐药机制，但尚未成为多数临床微生物实验室的常规方法。

多菌种感染也是直接MALDI-TOF MS应用中的难点。不同菌种蛋白质谱相互叠加时，高丰度菌信号可能掩盖低丰度菌，影响鉴定准确性；部分革兰阳性菌和酵母菌的直接鉴定成功率也相对较低。因此，阳性血培养直接MALDI-TOF MS更适合作为传统培养流程中的快速鉴定手段，后续仍需保留分离培养和规范药敏试验。

4 多重分子检测技术

4.1 阳性血培养多重PCR

多重PCR是血流感染快速病原学诊断中应用较为成熟的分子检测技术之一，可在一次检测中同时识别多种细菌、真菌及部分耐药相关基因。临床应用中，这类方法多以阳性血培养液为标本，在培养瓶报警后直接进行核酸检测，可缩短后续病原体鉴定时间。

BIOFIRE Blood Culture Identification 2（BCID2）是目前较有代表性的商品化平台，可检测多种常见革兰阳性菌、革兰阴性菌、酵母菌及部分耐药基因。Rhoads等[7]开展的多中心研究纳入1074份阳性血培养样本，BCID2对其检测范围内细菌和酵母菌靶标的总体敏感度为98.9%，特异度为99.6%。Peri等[8]进行的系统评价和Meta分析也显示，BCID2对面板覆盖的多数常见血流感染病原体具有较好的检测性能。除BCID2外，ePlex等商品化平台也可快速检测阳性血培养中的常见病原体及部分耐药基因[9]。

多重PCR除提供病原体信息外，还可检出部分耐药相关基因，如mecA/mecC、vanA/vanB及部分碳青霉烯酶基因，为早期耐药风险判断和经验性抗菌药物调整提供参考。但此类检测结果的临床意义仍需结合具体菌种和后续表型药敏进行解释。

4.2 多重PCR检测结果的临床转化

快速分子检测缩短的是病原学结果的获得时间，而其能否进一步改善抗菌药物使用和患者结局，还取决于结果报告及临床处置是否及时。如果实验室能够在较短时间内完成检测，但结果不能及时传递至临床，或缺乏相应的抗菌药物调整措施，快速检测所带来的时间优势将受到限制。Banerjee等[10]开展的随机对照试验显示，在阳性血培养快速多重PCR基础上配合标准化结果解释，可减少部分血培养污染相关的抗菌药物使用，并促进广谱抗菌药物的合理调整。Timbrook等[11]纳入31项研究、共5920例患者进行Meta分析后发现，快速分子诊断与抗菌药物管理联合应用时，其对临床结局的改善更加明显。Peri等[12]于2024年开展的网络Meta分析进一步比较了快速诊断和抗菌药物管理在血流感染中的作用，同样支持将快速检测结果与抗菌药物管理措施结合应用。因此，临床微生物实验室引入多重PCR后，工作重点不应仅停留在缩短检测时间，还应建立与之配套的结果报告和解释流程。

4.3 耐药基因检测不能替代表型药敏试验

多重PCR能够快速检出部分耐药相关基因，但基因检测结果与实际耐药表型并非始终完全一致。细菌耐药可由多种机制共同介导，包括药物灭活酶产生、靶位改变、膜通透性下降和外排泵表达增加等，而商品化分子检测面板通常只能覆盖其中一部分已知耐药基因。对于面板未包含的耐药机制、新出现的基因变异以及由多种机制共同形成的耐药表型，单纯依靠分子检测可能无法准确判断。此外，耐药基因的存在主要提示某种耐药机制的可能性，并不能直接提供抗菌药物的最低抑菌浓度，也无法完整预测菌株对所有相关药物的敏感性。例如，同一耐药基因在不同菌种和不同遗传背景中的临床解释可能存在差异，因此检测结果仍需结合病原体鉴定、表型药敏试验以及相应的药敏解释标准进行综合判断。

5 快速抗菌药物敏感性试验

快速病原体鉴定能够缩短血流感染病原学诊断时间，但临床抗感染治疗的进一步优化仍依赖及时、可靠的药物敏感性信息。特别是在多重耐药菌感染增加的背景下，仅根据菌种推测药物敏感性存在明显局限。快速抗菌药物敏感性试验（rapid antimicrobial susceptibility testing，RAST）通过缩短传统药敏试验的孵育和判读时间，使部分患者能够更早获得表型药敏结果。

5.1 EUCAST RAST

欧洲抗菌药物敏感性试验委员会（European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing，EUCAST）建立了直接以阳性血培养液进行纸片扩散法快速药敏试验的标准化方法。对于适用的菌种和抗菌药物组合，可分别在孵育4、6或8 h后测量抑菌圈，并依据相应时间点的RAST折点进行解释。

Jonasson等[13]研究显示，部分常见血流感染病原菌可在血培养阳性后4～8h获得可解释的药敏分类结果。随后在55家欧洲实验室进行的多中心验证也显示，该方法具有较好的实验室间重复性和分类一致性[14]。

EUCAST RAST可利用常规纸片扩散法所需的基本设备开展，不需要额外配置复杂的自动化检测系统。对于已经具备常规培养和药敏条件的实验室，通过规范接种、孵育和判读流程即可缩短部分药敏结果的报告时间，因此具有较好的可实施性。

5.2 自动化快速表型药敏技术

近年来，基于显微成像、微流控、细胞形态变化及早期生长监测等原理的自动化快速表型药敏技术逐渐用于血流感染诊断。Accelerate Pheno系统可直接以阳性血培养液为起始标本进行病原体鉴定和快速表型药敏。

Banerjee等[15]开展的RAPIDS-GN随机对照试验显示，快速鉴定联合快速表型药敏可明显缩短革兰阴性菌血流感染患者病原体鉴定和药敏结果的获得时间，并使抗菌药物调整提前，但部分临床结局指标未显示显著差异。该结果提示，检测时间缩短有助于提前调整抗菌药物，但患者最终结局仍受到感染严重程度、初始治疗及后续临床处置等多种因素影响。

针对阳性血培养的快速前处理技术也在逐渐应用。以FAST系统为例，可在较短时间内从阳性血培养液中分离并浓缩微生物，制备“液体菌落”（Liquid Colony™），处理后的菌液可直接用于MALDI-TOF MS鉴定及自动化表型药敏，从而减少传统平板分离培养所需时间[16]。这类方法能够与实验室现有质谱和自动化药敏平台衔接，对原有检测体系的改动相对较小。

6 直接从全血检测病原体

依赖阳性血培养的快速检测虽然能够缩短后续鉴定和药敏时间，但仍需等待病原微生物在培养瓶中增殖至可检测水平。为进一步缩短病原学诊断时间，部分技术尝试直接以全血或血浆为检测对象，在不经过培养增菌的情况下识别病原体。这一策略的主要困难在于血流感染患者外周血中的病原体载量通常较低，而标本中人源DNA、血细胞成分

及其他可能影响核酸扩增的物质含量较高。对于核酸检测而言，低丰度病原体信号容易受到宿主背景干扰；与此同时，试剂、耗材及实验环境中微量微生物核酸也可能影响结果解释。因此，直接从血液检测病原体不仅要求较高的分析灵敏度，还需要严格控制背景污染及非特异性信号。近年来，多种商业化直接分子检测平台被用于血流感染诊断，但不同技术之间的检测性能差异较大。Rapszky等[4]于2025年发表的系统评价和Meta分析纳入多种商业化快速分子检测方法。按患者水平进行分析时，合并敏感度约为65.9%，合并特异度约为85.8%，且不同检测平台之间存在明显异质性。研究结果表明，现有直接血液分子检测的敏感度尚不足以支持其单独替代血培养。基于目前的证据，直接全血分子检测更适合作为常规血培养的补充。

7 T2磁共振技术

T2磁共振（T2 magnetic resonance，T2MR）是一类将靶标核酸扩增与磁共振信号检测相结合的病原体检测技术，可直接以全血为检测标本，无需等待血培养阳性。目前在血流感染领域研究较多的主要包括T2Candida和T2Bacteria。 Mylonakis等[17]开展多中心临床试验，对T2Candida检测念珠菌血症的性能进行了评价。结果显示，该方法可直接从全血中检测常见念珠菌，并具有较好的敏感度和特异度，同时可明显缩短病原体检出时间。对于采血前已经接受抗真菌治疗的患者，传统培养的检出率可能受到影响，此时直接从血液中检测病原体核酸可提供一定的补充诊断信息。T2Bacteria主要用于检测部分临床常见细菌性血流感染病原体。Nguyen等[18]开展的诊断准确性研究表明，该方法能够在较短时间内直接从全血中识别其检测范围内的部分常见病原菌，从而减少等待血培养增菌所需的时间。

8 宏基因组高通量测序

8.1 mNGS的技术特点及应用

宏基因组高通量测序（metagenomic next-generation sequencing，mNGS）是一种非靶向病原体检测方法。与依赖预设靶标的PCR检测不同，mNGS无需在检测前限定具体病原体，可通过对标本中的核酸进行高通量测序，并将获得的非人源序列与微生物数据库进行比对，实现对细菌、真菌、病毒及寄生虫等多类病原体的同步筛查。血浆微生物游离DNA（microbial cell-free DNA，mcfDNA）测序是目前mNGS在血流感染及系统性感染诊断中的重要应用形式之一。Blauwkamp等[19]对基于血浆mcfDNA的病原体检测方法进行了分析和临床验证，结果显示，该技术可在单次检测中覆盖较广的病原体范围。对于传统培养阴性、疑似难培养病原体感染、采样前已接受抗感染治疗或免疫功能低下的患者，mNGS可作为常规微生物学检测的补充，为部分疑难感染提供额外的病原学信息。

8.2 mNGS结果的临床解释及局限

较广的病原体覆盖范围是mNGS的重要特点，但同时也增加了结果解释的复杂性。检测到微生物核酸并不一定能够直接证明其为当前感染的致病病原体。部分阳性结果可能与短暂菌血症、定植微生物、环境或试剂污染以及既往感染后残留的核酸有关，因此需要结合患者的临床背景进行判断。Hogan等[20]对5家医疗机构血浆mNGS的实际应用情况进行回顾性分析，结果显示，虽然部分检测能够提供新的病原学信息，但能够明确改变患者诊断或治疗方案的病例比例有限。Niles等[21]进行的系统评价和Meta分析也指出，血浆cf-mNGS与综合参考标准之间的一致性仍存在一定局限，目前尚不足以将其作为独立确认或排除感染的检测手段。2025年的真实世界研究进一步表明，mcfDNA测序在部分特定临床情境下可提供有价值的诊断信息，但并非所有阳性结果都会进一步改变患者管理[22]。

9 纳米孔测序及其他新兴技术

纳米孔测序通过记录DNA或RNA分子通过纳米孔时产生的电流变化进行序列识别，可在测序过程中同步完成数据读取和分析。与传统二代测序相

比，该技术具有实时测序、长读长以及设备相对便携等特点，近年来开始用于感染性疾病的快速病原学检测。Han等[23]对基于病原体特异性引物的纳米孔靶向测序方法进行了前瞻性评价，共纳入387份血液标本。研究结果显示，在该研究人群和检测条件下，纳米孔靶向测序的病原体检出能力优于常规血培养，并可同时获得部分耐药相关遗传信息。由于测序数据能够在检测过程中持续产生，纳米孔技术在缩短病原体识别时间以及同步分析部分耐药相关基因方面具有一定应用潜力。不过，纳米孔测序用于血流感染诊断仍面临多方面限制。血液标本中宿主核酸含量远高于病原体核酸，而血流感染患者的病原体载量通常较低，因此样本前处理、宿主核酸去除和病原体富集效率会直接影响检测性能。此外，背景污染、低丰度序列的判定、测序准确性、微生物数据库质量以及生物信息分析流程尚需进一步标准化。对于检出的耐药相关基因，也需要结合菌种鉴定和表型药敏结果进行解释，不能直接等同于临床耐药表型。除纳米孔测序外，微流控、数字PCR、单细胞成像、拉曼光谱以及人工智能辅助微生物生长分析等技术也在血流感染快速诊断领域受到关注。这些方法分别从病原体富集、核酸定量、单细胞表型识别或早期生长监测等环节缩短检测时间，但目前多数仍处于技术验证或有限临床应用阶段。其检测性能、结果标准化、成本效益及真实临床获益仍需通过更大规模、多中心研究进一步评价。

10 不同快速检测技术的合理选择与流程整合

血流感染快速检测技术的选择应结合临床需求和实验室条件。不同医疗机构在血培养标本量、重症患者构成、耐药菌流行特点、仪器配置及专业人员能力等方面存在差异，并不存在适用于所有实验室的统一检测组合。

对于已经配置MALDI-TOF MS的实验室，可优先优化阳性血培养快速鉴定，并结合RAST缩短部分药敏结果的获得时间。血流感染标本量较大、重症患者较多或耐药菌问题较突出的医疗机构，可进一步考虑阳性血培养多重PCR。mNGS、T2MR等培养非依赖技术则更适合作为传统检测阴性或疑难感染病例的补充。

从实验室流程看，血培养报警阳性后可首先结合革兰染色结果及时报告临床，随后根据病原体初步特征及实验室条件选择MALDI-TOF MS、多重PCR等快速鉴定方法，并在适用情况下同步开展快速表型药敏或耐药基因检测，最终通过分离培养和标准药敏完成确认。对于血培养阴性但临床仍高度怀疑感染的患者，可根据感染部位、宿主状态及既往抗感染治疗情况选择培养非依赖检测方法。

因此，快速检测体系建设的重点并非单纯增加检测项目，而是使不同技术与现有血培养、鉴定、药敏及结果报告流程有效衔接。

11 快速诊断与抗菌药物管理

血流感染快速诊断技术的价值不仅体现在检测周转时间缩短，更重要的是能否促使有效抗感染治疗提前实施。与单纯关注分析时间相比，从标本采集到获得有效治疗、从血培养阳性到抗菌药物调整，以及从经验性治疗转向目标性治疗所需的时间，更能反映快速检测的实际临床价值。

Timbrook等[11]的Meta分析显示，快速分子诊断与抗菌药物管理联合应用时，对患者临床结局的改善更为明显。Peri等[12]开展的网络Meta分析也提示，快速检测结果只有在及时报告、准确解释并用于治疗方案调整后，其时间优势才能更充分地转化为临床获益。

因此，临床微生物实验室开展快速检测后，应建立与之配套的结果报告和解释机制。对于具有明确临床意义的病原体或重要耐药标志，应及时向临床反馈。

快速诊断技术的发展也使临床微生物实验室的工作逐渐由单纯提供病原体鉴定和药敏结果，延伸至结果解释、耐药风险提示及临床沟通。快速检测与抗菌药物管理的有效衔接，是其真正服务于血流感染早期治疗的重要环节。

12 当前存在的问题

尽管血流感染快速检测技术不断发展，其临床应用仍存在一些共性问题。首先，不同方法在检测速度和病原体覆盖范围之间各有取舍。靶向PCR检测速度较快、结果相对容易解释，但受预设靶标限制；mNGS覆盖范围较广，却对样本前处理、生物信息分析和结果解释提出更高要求，同时检测成本也相对较高。目前尚难由单一方法同时兼顾检测速度、病原谱覆盖和结果解释的便利性。其次，耐药基因检测仍不能完全替代表型药敏。尤其对于革兰阴性菌，耐药表型可能由β-内酰胺酶产生、膜通透性改变、外排泵表达及靶位改变等多种机制共同决定，仅依靠有限耐药基因难以完整预测实际药敏结果。

快速检测技术的实际应用还受到成本和实验室条件限制。对于标本量较大的医疗机构，快速分子检测或自动化快速药敏可能具有较高的使用效率；而在标本量较少的实验室，则可能面临设备利用率不足和单次检测成本较高的问题。因此，新技术的引入需要结合本单位患者构成、标本量及临床需求进行评估。

此外，分析前质量和结果解释仍是影响快速检测临床价值的重要因素。采血量不足、采血时机不当、采血前使用抗菌药物及标本污染均可能降低后续检测的诊断价值；病原体鉴定、耐药基因、表型药敏和测序结果又分别提供不同层面的信息，需要结合感染部位、宿主状态、既往微生物学结果及抗菌药物使用情况进行综合判断。因此，快速检测技术的发展不仅需要进一步提高分析性能，也需要加强分析前质量控制和结果解释的标准化。

13 总结与展望

血流感染病原学诊断正在由传统的“培养—鉴定—药敏”模式向多种技术互补的方向发展。血培养能够获得活菌，并为后续鉴定和表型药敏提供基础，目前仍是血流感染诊断的重要方法。快速质谱鉴定、多重分子检测和快速药敏可缩短阳性血培养后的报告时间，而培养非依赖检测和测序技术则为部分疑难或培养阴性病例提供了新的病原学检测手段。

快速检测的临床价值并不单纯取决于检测时间，还取决于结果能否及时反馈并用于抗菌药物调整。未来血流感染快速诊断更可能形成培养与培养非依赖技术并存、基因型与表型结果互补的模式。临床微生物实验室应根据患者构成、病原谱及耐药流行特点合理配置检测技术，并加强分析前质量控制、结果解释及临床沟通，从而提高快速检测在血流感染早期诊疗中的实际价值。

参考文献

[1] Evans L, Rhodes A, Alhazzani W, et al. Surviving Sepsis Campaign: International Guidelines for Management of Sepsis and Septic Shock 2021 [J]. Critical care medicine, 2021, 49(11): e1063-e1143.

[2] Opota O, Croxatto A, Prod’hom G, et al. Blood culture-based diagnosis of bacteraemia: state of the art [J]. Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, 2015, 21(4): 313-22.

[3] Lamy B, Dargère S, Arendrup M C, et al. How to Optimize the Use of Blood Cultures for the Diagnosis of Bloodstream Infections? A State-of-the Art [J]. Frontiers in microbiology, 2016, 7: 697.

[4] Rapszky G A, Do To U N, Kiss V E, et al. Rapid molecular assays versus blood culture for bloodstream infections: a systematic review and meta-analysis [J]. EClinicalMedicine, 2025, 79: 103028.

[5] Ruiz-aragón J, Ballestero-téllez M, Gutiérrez-gutiérrez B, et al. Direct bacterial identification from positive blood cultures using matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight (MALDI-TOF) mass spectrometry: A systematic review and meta-analysis [J]. Enfermedades infecciosas y microbiologia clinica (English ed), 2018, 36(8): 484-92.

[6] Dai Y, Xu X, Yan X, et al. Evaluation of a Rapid and Simplified Protocol for Direct Identification of Microorganisms From Positive Blood Cultures by Using Matrix Assisted Laser

Desorption Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) [J]. Frontiers in cellular and infection microbiology, 2021, 11: 632679.

[7] Rhoads D D, Pournaras S, Leber A, et al. Multicenter Evaluation of the BIOFIRE Blood Culture Identification 2 Panel for Detection of Bacteria, Yeasts, and Antimicrobial Resistance Genes in Positive Blood Culture Samples [J]. Journal of clinical microbiology, 2023, 61(6): e0189122.

[8] Peri A M, Ling W, Furuya-kanamori L, et al. Performance of BioFire Blood Culture Identification 2 Panel (BCID2) for the detection of bloodstream pathogens and their associated resistance markers: a systematic review and meta-analysis of diagnostic test accuracy studies [J]. BMC infectious diseases, 2022, 22(1): 794.

[9] Huang T D, Melnik E, Bogaerts P, et al. Evaluation of the ePlex Blood Culture Identification Panels for Detection of Pathogens in Bloodstream Infections [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2019, 57(2): e01597-18.

[10] Banerjee R, Teng C B, Cunningham S A, et al. Randomized Trial of Rapid Multiplex Polymerase Chain Reaction-Based Blood Culture Identification and Susceptibility Testing [J]. Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2015, 61(7): 1071-80.

[11] Timbrook T T, Morton J B, Mcconeghy K W, et al. The Effect of Molecular Rapid Diagnostic Testing on Clinical Outcomes in Bloodstream Infections: A Systematic Review and Meta-analysis [J]. Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2017, 64(1): 15-23.

[12] Peri A M, Chatfield M D, Ling W, et al. Rapid Diagnostic Tests and Antimicrobial Stewardship Programs for the Management of Bloodstream Infection: What Is Their Relative Contribution to Improving Clinical Outcomes? A Systematic Review and Network Meta-analysis [J]. Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2024, 79(2): 502-15.

[13] Jonasson E, Matuschek E, Kahlmeter G. The EUCAST rapid disc diffusion method for antimicrobial susceptibility testing directly from positive blood culture bottles [J]. The Journal of antimicrobial chemotherapy, 2020, 75(4): 968-78.

[14] Åkerlund A, Jonasson E, Matuschek E, et al. EUCAST rapid antimicrobial susceptibility testing (RAST) in blood cultures: validation in 55 European laboratories [J]. The Journal of antimicrobial chemotherapy, 8-3230 :(11)75 ,2020.

[15] Banerjee R, Komarow L, Virk A, et al. Randomized Trial Evaluating Clinical Impact of RAPid IDentification and Susceptibility Testing for Gram-negative Bacteremia: RAPIDS-GN [J]. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2021, 73(1): e39-e46.

[16] Maddalena C, Giuseppe M, Perez M, et al. Evaluation of the liquid colony for identification and antimicrobial susceptibility testing directly from positive blood cultures [J]. Annals of clinical microbiology and antimicrobials, 2023, 22(1): 72.

[17] Mylonakis E, Clancy C J, Ostrosky-zeichner L, et al. T2 magnetic resonance assay for the rapid diagnosis of candidemia in whole blood: a clinical trial [J]. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2015, 60(6): 892-9.

[18] Nguyen M H, Clancy C J, Pasculle A W, et al. Performance of the T2Bacteria Panel for Diagnosing Bloodstream Infections: A Diagnostic Accuracy Study [J]. Annals of internal medicine, 2019, 170(12): 845-52.

[19] Blauwkamp T A, Thair S, Rosen M J, et al. Analytical and clinical validation of a microbial cell-free DNA sequencing test for infectious disease [J]. Nature microbiology, 2019, 4(4): 663-74.

[20] Hogan C A, Yang S, Garner O B, et al. Clinical Impact of Metagenomic Next-Generation Sequencing of Plasma Cell-Free DNA for the Diagnosis of Infectious Diseases: A Multicenter Retrospective Cohort Study [J]. Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America, 2021, 72(2): 239-45.

[21] Niles D T, Lee R A, Lamb G S, et al. Plasma cell-free metagenomic next generation sequencing in the clinical setting for the diagnosis of infectious diseases: a systematic

review and meta-analysis [J]. Diagnostic microbiology and infectious disease, 2023, 105(1): 115838.

[22] Kaur I, Shaw B, Multani A, et al. Real-world clinical impact of plasma cell-free DNA metagenomic next-generation sequencing assay [J]. Infection control and hospital epidemiology, 2025, 46(5): 504-11.

[23] Han D, Yu F, Zhang D, et al. Molecular rapid diagnostic testing for bloodstream infections: Nanopore targeted sequencing with pathogen-specific primers [J]. The Journal of infection, 2024, 88(6): 106166.

Copyright © 2026 by author(s) and Global Science Publishing Inc.
This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).
http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/

Open Access