

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.15.019

## 数字 PCR 应用于大规模呼吸系统疾病流行监测的可行性研究\*

王 涵<sup>1</sup>, 焦文波<sup>1</sup>, 宋伶俐<sup>2</sup>, 齐 翀<sup>3△</sup>1. 长春中医药大学附属医院检验科, 吉林长春 130021; 2. 北华大学附属医院, 吉林吉林 132000;  
3. 吉林大学第一医院转化医学研究院, 吉林长春 130021

**摘要:**目的 探讨数字聚合酶链反应(dPCR)应用于大规模呼吸系统疾病流行监测的可行性。方法 利用核酸体外转录 RNA 标准物质制备标准品, 分别绘制荧光定量聚合酶链反应(qPCR)和 dPCR 方法的标准曲线, 比较 2 种检测方法的线性范围, 结合临床诊断结果, 评价 qPCR 和 dPCR 方法的优劣。结果 qPCR 检测基因 1 的最低检测限(LoD)值为 17.10 copy/ $\mu$ L, 基因 2 的 LoD 值为 17.60 copy/ $\mu$ L, 标准曲线  $R^2$  分别为 0.960 7 和 0.958 1, dPCR 检测基因 1 的 LoD 值为 0.80 copy/ $\mu$ L, 基因 2 的 LoD 值为 0.40 copy/ $\mu$ L,  $R^2$  分别达到 0.999 3 和 0.999 9。结论 应用 dPCR 方法检测病原微生物感染患者的样本, 其 LoD 值高于 qPCR 方法 20 倍以上, 且 dPCR 敏感性和特异性均优于 qPCR。在进行大规模呼吸系统疾病流行监测的过程中, dPCR 有望能够较 qPCR 更加准确有效地判定样本中病原微生物载量。

**关键词:**数字聚合酶链反应; 荧光定量聚合酶链反应; 病原微生物; 标准曲线; 最低检测限  
**中图法分类号:**R183.3; R446.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-9455(2025)15-2114-05

Feasibility study on using digital PCR for large-scale detecting disease of  
respiratory system during the course of epidemic\*

WANG Han<sup>1</sup>, JIAO Wenbo<sup>1</sup>, SONG Lingli<sup>2</sup>, QI Chong<sup>3△</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Affiliated Hospital of Changchun University of Traditional Chinese Medicine, Changchun, Jilin 130021; 2. Department of Clinical Laboratory, Affiliated Hospital of Beihua University, Jilin, Jilin 132000, China; 3. Institute of Translational Medicine, the First Hospital of Jilin University, Changchun, Jilin 130021, China

**Abstract: Objective** To investigate the feasibility of applying digital polymerase chain reaction (dPCR) to large-scale epidemic surveillance of respiratory system disease. **Methods** The standard curves of both fluorescence quantitative polymerase chain reaction (qPCR) and dPCR were generated by using the nuclear acid standards, and the linear ranges of the two detection methods were compared. The advantages and disadvantages of each method were evaluated by considering clinical diagnosis results. **Results** The limit of detection (LoD) of qPCR for the gene NO. 1 was 17.10 copy/ $\mu$ L, and for the gene NO. 2, it was 17.60 copy/ $\mu$ L. The standard curve shows that  $R^2$  value was 0.960 7 and 0.958 1 respectively. The LoD of dPCR for gene NO. 1 and gene NO. 2 were 0.80 and 0.40 copy/ $\mu$ L respectively, with  $R^2$  values of 0.999 3 and 0.999 9 respectively. **Conclusion** The LoD of dPCR method for nuclear acid standards is at least 20 times higher than that of qPCR method. Additionally, dPCR demonstrates both higher sensitivity and specificity compared to qPCR. Therefore, in the process of large-scale epidemic monitoring of respiratory system disease, dPCR is expected to be more accurate and effective in determining the pathogen load in samples compared to qPCR.

**Key words:** digital polymerase chain reaction; fluorescence quantitative polymerase chain reaction; pathogen; standard curve; limit of detection

在重大传染性疾病的大规模筛查中, 通常需要对大量的样本进行检测。在固定地域内, 准确的检测结果不仅有利于流行病学调查及溯源, 也为相应政策法

规的制定实施提供可靠依据。目前针对呼吸系统疾病患者核酸样本的大规模筛查仍然使用传统的荧光定量聚合酶链反应(qPCR)方法, 其敏感性和准确性

\* 基金项目: 吉林省教育厅科学技术研究项目(JJKH20230952KJ); 吉林省科技发展计划项目(20210203084SF)。

作者简介: 王涵, 女, 副主任技师, 主要从事微生物学与分子生物学方向的研究。△ 通信作者, E-mail: qichong@jlu.edu.cn。

及检测效率都已经达到极限,且前期处理需要经过核酸提取等步骤,需要耗费大量的试剂耗材及核酸提取的仪器<sup>[1-2]</sup>。数字聚合酶链反应(dPCR)是一种核酸分子绝对定量技术,通过泊松分布校正得到目标基因的绝对拷贝数,可以提供比 qPCR 更精准的核酸定量,无需标准品,灵敏度高、特异性强、耐受抑制剂。该技术是目前最适合用于体液样本(如血液、尿液、粪便、痰液、胸腹水、脑脊液等)中痕量核酸标志物检测的方法<sup>[3-5]</sup>。qPCR 用于病原微生物核酸检测,是借助定量的方法做出定性的判断,以病毒核酸检测为例,每处理 96 份样本(包括阳性和阴性质控样本),必须经过核酸提取、反转录、扩增等步骤,需要配备试剂耗材和设备,复检样本的时间及成本将会成倍增加<sup>[6]</sup>。在呼吸系统疾病大规模筛查过程中,qPCR 已经达到了检测极限,应对大量样本的检测显得力不从心。将样本混合后检测用于群体筛查的想法最早是 1943 年由 ROBERT<sup>[7]</sup> 提出,这一方案大大减少了群体筛查过程中待检样本的数量。临床建议进行较大规模人群检测时,可采用将 5~10 份样本混检进行初筛的方法,提高检测效率,降低检测成本。建立混合检测体系需要满足 2 个基本前提,一是检测方法具有足够的敏感性,二是检测目标人群的数量庞大,且其中感染者比例不高。

dPCR 作为新兴的实验技术,已经在敏感性、准确性、时效性等方面较 qPCR 有了较大的突破。dPCR 作为下一代基因检测和核酸定量技术,不但完全兼容 qPCR 的功能,且无需对照,适当条件下可以省略核酸提取的步骤,直接检测样本,搭配相应的检测试剂盒,可以将反转录和扩增反应在同一体系内完成,操作简单,反应快速,3 h 内可获得结果<sup>[8]</sup>。dPCR 能否在大规模样本筛查过程中取代 qPCR,需要进一步验证 dPCR 性能上的优势,以及设计和优化 dPCR 的检测方案。

## 1 材料与方法

**1.1 材料 样本:**根据实验室病毒核酸检测操作规程检测待检样本,以 qPCR 的检测结果作为实验室诊断标准,收集 70 例呼吸系统疾病阳性样本,10 例样本需复查(基因 1 或基因 2 的 Ct 值为 35~40),16 例阴性样本。标准品:体外转录 RNA 标准物质(GBW09298)。试剂:dPCR 核酸检测试剂盒(批号为 20230724)、qPCR 核酸检测试剂盒(批号为 221110)。本研究通过吉林大学第一医院伦理委员会临床试验与研究审批(2020 年临审第 2020-488 号),符合豁免签署知情同意书的伦理审查要求。

## 1.2 方法

**1.2.1 确定金标准** 根据实验室核酸检测操作规程检测待检样本,以 qPCR 检测结果作为金标准,确定

阳性样本。

**1.2.2 标准品梯度稀释** 将核酸体外转录 RNA 标准物质按一定比例稀释,标准品浓度为  $5 \times 10^5$  copy/ $\mu$ L,取 10  $\mu$ L,加 40  $\mu$ L 水稀释至 50  $\mu$ L。稀释后取 20  $\mu$ L,加 180  $\mu$ L 水稀释至 200  $\mu$ L,作为样本 1,连续 8 倍梯度稀释至样本 7,将第 8 管作为阴性对照。对各梯度样本进行核酸提取,用 qPCR 检测各个稀释度的样本,绘制检测浓度与 Ct 值的相关性曲线,确定 qPCR 的线性检测范围及最低检测限(LoD)。标准品梯度稀释方案见表 1。

表 1 标准品梯度稀释方案

样本编号	标准样本	近似浓度(copy/ $\mu$ L)
1	最高浓度	10 000.00
2	8 倍稀释	1 250.00
3	8 <sup>2</sup> 倍稀释	156.00
4	8 <sup>3</sup> 倍稀释	20.00
5	8 <sup>4</sup> 倍稀释	2.50
6	8 <sup>5</sup> 倍稀释	0.30
7	8 <sup>6</sup> 倍稀释	0.04
8	阴性对照	0.00

**1.2.3 核酸体外转录 RNA 标准物稀释** 将核酸体外转录 RNA 标准物按一定比例稀释,方法同 1.2.2,进行核酸提取,用 dPCR 检测各个稀释浓度的样本,绘制 dPCR 标准品参考浓度与实际检测结果的相关性曲线,确定 dPCR 的线性检测范围及 LoD 值。

**1.2.4 dPCR 与 qPCR 检测结果比较** 利用 1.2.1 中确定的阳性样本,比较 dPCR 与 qPCR 检测结果,评价 2 种方法的灵敏度、线性范围、检测结果的对应关系。

## 2 结果

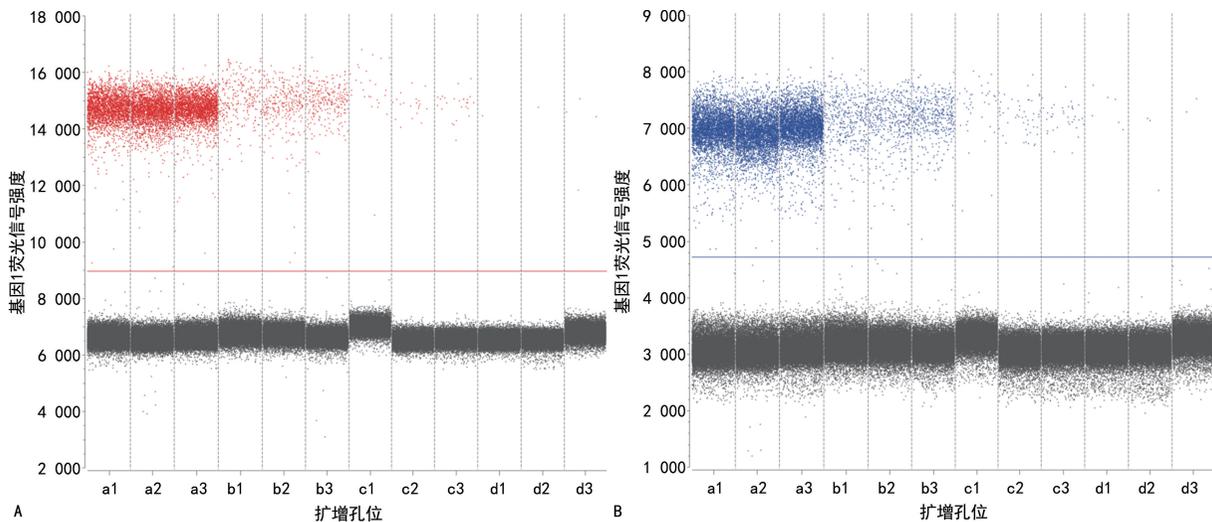
**2.1 dPCR 与 qPCR 检测灵敏度比较** dPCR 对标准品的检测结果显示,检测基因 1 和基因 2 的灵敏度可以使得标准品中参考浓度低至 0.30 copy/ $\mu$ L 时,仍然可以重复检出,见图 1;而 qPCR 对标准品的检测结果显示,当基因 1 和基因 2 的参考浓度为 10.00 copy/ $\mu$ L 时,基因 1 和基因 2 不能得到稳定扩增。

**2.2 dPCR 与 qPCR 检测线性范围比较** dPCR 检测可以将标准品各浓度梯度的样本精确定量。对其标准曲线的线性回归分析显示,基因 1 的拟合度  $R^2$  值为 0.999 3,基因 2 拟合度  $R^2$  值为 0.999 9,基因 1 的 LoD 值可达 0.80 copy/ $\mu$ L,基因 2 的 LoD 值可达 0.40 copy/ $\mu$ L。qPCR 检测需要依靠标准品首先确定相应浓度的 Ct 值,再通过 Ct 值描绘标准曲线。当标准品参考浓度低至 10.00 copy/ $\mu$ L 时,基因 1 和 2 的 Ct 值均已接近 35 个循环,根据标准品参考浓度和 Ct 值绘制的标准曲线显示,基因 2 的  $R^2$  值仅能达到

0.958 1, 基因1的  $R^2$  值为 0.960 7, 见图 2。

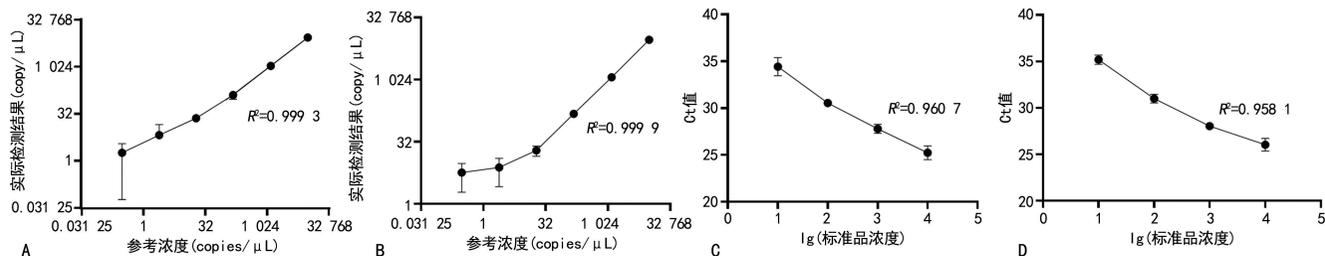
**2.3 dPCR 和 qPCR 对临床样本检测结果的对应关系** 采用 dPCR 对 1.1 中 96 例样本进行检测, 将实际检测结果与根据 qPCR 标准曲线检测的结果进行比

较, 发现 dPCR 的实际检测浓度均高于 qPCR 检测浓度, 见图 3。其中 qPCR 检测需复查的 10 例样本用 dPCR 复检结果显示, 基因 1 浓度为 4.24~19.12 copy/ $\mu$ L, 基因 2 浓度为 7.46~94.46 copy/ $\mu$ L, 见表 2。



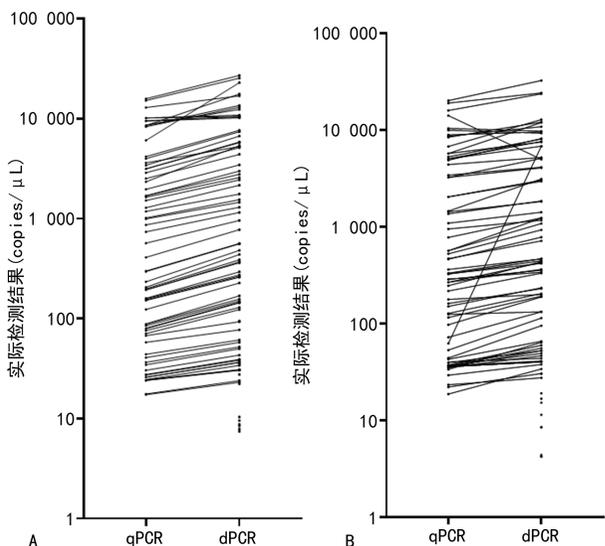
注: A 为 dPCR 对基因 1(从左到右  $1.00 \times 10^3$ 、 $1.00 \times 10^2$ 、 $1.00 \times 10^1$ 、 $1.00 \times 10^0$ , 各 3 个复孔) 的检测结果; B 为 dPCR 对基因 2(从左到右  $1.00 \times 10^3$ 、 $1.00 \times 10^2$ 、 $1.00 \times 10^1$ 、 $1.00 \times 10^0$ , 各 3 个复孔) 的检测结果。

图 1 dPCR 对基因 1 和基因 2 标准品的检测结果



注: A 为 dPCR 检测基因 1 的标准曲线; B 为 dPCR 检测基因 2 的标准曲线; C 为 qPCR 检测基因 1 的标准曲线; D 为 qPCR 检测基因 2 的标准曲线。

图 2 dPCR 与 qPCR 检测的线性范围



A 为 dPCR 和 qPCR 对基因 1 检测结果对比; B 为 dPCR 和 qPCR 对基因 2 检测结果对比。

图 3 dPCR 和 qPCR 对临床样本检测结果的对应关系

表 2 复检样本 qPCR 和 dPCR 检测结果

复检样本	基因 2		基因 1	
	qPCR Ct 值	dPCR (copy/ $\mu$ L)	qPCR Ct 值	dPCR (copy/ $\mu$ L)
1	35.39	94.46	36.69	15.28
2	35.46	9.56	34.97	8.48
3	35.50	8.76	—	4.24
4	36.21	8.46	38.24	8.56
5	36.62	7.86	35.29	30.24
6	36.77	7.46	37.54	11.44
7	36.83	22.20	37.77	16.80
8	37.33	27.62	38.65	4.24
9	37.85	34.96	—	4.40
10	37.93	10.36	35.42	19.12

注: — 表示阴性结果。

### 3 讨论

**3.1 dPCR 检测病原微生物相对于传统方法的优势** 多种病原微生物入侵呼吸道均可引起呼吸道感染,容易合并多种并发症,具有强传染性,易引起爆发性流行,早期的检测对临床诊疗具有十分重要的意义。传统的检测方法如培养法、免疫分析和常规聚合酶链反应技术,虽然广泛应用,但存在检测周期长、灵敏度低、易受污染等问题。特别是在处理低浓度样本或需要快速诊断时,传统方法的局限性更为明显。因此,开发高灵敏度、特异度的检测技术一直是研究的热点。dPCR 技术由于其高灵敏度和绝对定量的特性,为解决这些问题提供了新的可能。核酸检测方法具有较强的特异性和敏感性,在病原微生物早期感染中的效能明显优于血清学检测。dPCR 混合液中核酸分子被随机分配到独立单元,降低了抑制剂干扰,提高了检测病原微生物载量低样本的灵敏度和阳性率<sup>[9]</sup>,根据阴、阳微滴的数目和泊松分布原理,可以得到目标分子的绝对数量,实现真正意义上的绝对定量<sup>[10]</sup>dPCR 相对于 qPCR,具有灵敏度更高、受抑制剂影响更小、能够绝对定量等特点<sup>[11]</sup>。本研究结果显示,当样本中初始浓度  $< 10.00 \text{ copy}/\mu\text{L}$  时,根据 qPCR 计算公式  $Ct = -1/\lg(1 + Ex) \times \lg X_0 + \lg N/\lg(1 + Ex)$ ,  $X_0$  为初始模板量,  $Ex$  为扩增效率,  $N$  为荧光扩增信号达到阈值强度时扩增产物的量。基因 1 和基因 2 的扩增效率已经超出了正常扩增效率 (90%~110%) 的范围,因此尤其对于低浓度的样本, qPCR 难以做出准确判断。以上结果表明 dPCR 的线性范围远高于 qPCR,说明 dPCR 在实际应用中可以更好地反映样本中目的基因的载量。因此,在进行大规模呼吸系统疾病流行监测的过程中, dPCR 有望能够较 qPCR 更加准确有效地判定样本中的病原微生物载量,从而为疾病的预防和控制提供更为可靠的依据。

**3.2 dPCR 技术在病原微生物检测中的应用** 临床一直缺乏有效的方法检测病原微生物的载量,这就导致难以实时监测患者感染状态,使医护人员不能够准确把握最佳治疗时机,合理有效用药,又无法准确判断体内病原微生物是否被清除,从而及时调整治疗方案。基于 qPCR 原理的检测方法实际上是通过定量的方法做出定性的判断,已经成功应用于许多临床病原微生物感染的检测,如临床上对布鲁菌、结核分枝杆菌、新型冠状病毒、乙型肝炎病毒等病原微生物的检测,可以高效准确地获得样本中的病原微生物载量信息<sup>[12-14]</sup>,而 dPCR 作为一种核酸分子绝对定量技术,对临床病原微生物感染水平的检测更具优势。通过进一步的技术验证和临床应用研究, dPCR 技术有望成为临床病原微生物检测的常规方法。这项技术不仅展示出高灵敏度和精准定量的特点,使其在检测

微量病原微生物时具有显著优势,还能够有效缩短诊断时间,从而及时指导临床治疗方案的制订。dPCR 通过绝对定量分析,可以精确测定样本中病原微生物的浓度,有助于监测疾病的进展和治疗效果。这种技术的可靠性已在多项研究中得到证实,并且其操作简便,结果重复性好,使得它成为实验室检测的理想选择。极大地改善感染性疾病的诊断和管理,特别是在应对突发公共卫生事件时,能够快速准确地提供病原微生物的定量信息,为疫情防控提供有力支持<sup>[15-17]</sup>。至今, dPCR 已经成功应用于多种病原微生物的检测,如细菌、病毒、寄生虫、衣原体等<sup>[18-19]</sup>,未来有望对病原微生物单纯感染乃至混合感染开发出更多检测方案,有利于临床对病原微生物载量的监测。

**3.3 dPCR 技术的应用前景与展望** 由于应用 dPCR 技术检测单个样本耗费的成本相对于 qPCR 一般要高 5~10 倍,所以在大规模筛查过程中 dPCR 一直没有得到有效的利用。据报道,低浓度的目标 DNA 分子不能通过 qPCR 扩增检测到,但是应用 dPCR 检测,单 DNA 模板出现在反应室而未被检出的可能性非常低<sup>[18]</sup>,检测结果更可靠。一方面如果验证 dPCR 将一定数目的样本混合后也能得到较好的检测结果,其消耗甚至可以优于 qPCR;另一方面, dPCR 如果可以省略样本前处理中必要的核酸提取的步骤,不但能节省各类直接和间接费用,且能够提高工作环境的生物安全性,降低环境和样本污染的几率<sup>[20]</sup>。在临床样本大规模筛查过程中,除了要保证时效,还要做到防止漏检, dPCR 的性能优势明显,应用前景广阔。在某一固定地域范围内,快速准确的检测结果不仅有利于进一步的流行病学调查及溯源,也为相应防疫政策法规实施提供了可靠依据。

面对不断出现的新兴病原微生物, dPCR 技术提供了一个强有力的检测工具。其快速、准确的检测能力对于应对突发公共卫生事件具有重要意义。dPCR 技术不仅能够高效识别已知病原微生物,还能及时探测新的变异株,这对于控制传染病的传播至关重要。此外,通过精确的定量分析, dPCR 技术可以为疾病的早期诊断和治疗提供关键信息,从而有效降低疾病的传播风险和病死率。

综上,作为一项新的技术, dPCR 在疾病预防控制领域及临床应用方面需要更多的尝试,并且不断改进和完善,为更深层次及更复杂的生命科学问题提供新的思路。

### 参考文献

- [1] CHU D K W, PAN Y, CHENG S M S, et al. Molecular diagnosis of a novel coronavirus (2019-nCoV) causing an outbreak of pneumonia[J]. Clin Chem, 2020, 66(4): 549-555.

- [2] CORMAN V M, LANDT O, KAISER M, et al. Detection of 2019 novel coronavirus (2019nCoV) by realtime RT-PCR[J]. *Euro Surveill*, 2020, 25(3):23-30.
- [3] KUYPERS J, JEROME K R. Applications of digital PCR for clinical microbiology[J]. *Clin Microbiol*, 2017, 55(6):1621-1628.
- [4] SALIPANTE S J, JEROME K R. Digital PCR: an emerging technology with broad applications in microbiology[J]. *Clin Chem*, 2020, 66(1):117-123.
- [5] MARTINA B, FRANCESCA T. Correlating qRT-PCR, dPCR and viral titration for the identification and quantification of SARS-CoV-2: a new approach for infection management[J]. *Viruses*, 2021, 13(6):1022-1034.
- [6] 王成彬, 段勇. 2019 新型冠状病毒核酸检测专家共识(2020)[J]. *中华医学杂志*, 2020, 100(11):968-973.
- [7] ROBERT D. The detection of defective members of large populations[J]. *ANN MATH*, 1943, 14(4):436-441.
- [8] 王国飞, 王雪亮. 数字 PCR 技术在感染性疾病中的应用进展[J]. *国际检验医学杂志*, 2024, 45(8):1006-1011.
- [9] 罗景燕, 许少飞, 于海洋, 等. 数字 PCR 在人巨细胞病毒核酸定量检测中的应用[J]. *分子诊断与治疗杂志*, 2024, 16(9):1618-1621.
- [10] 梁艺文, 郭前方, 梁丽君, 等. 开展人群大规模新冠核酸筛查的混合检测方法研究[J]. *华南预防医学*, 2022, 48(10):1298-1300.
- [11] TAN C R, FAN D D, WANG N, et al. Applications of digital PCR in COVID-19 pandemic[J]. *View*, 2021, 2(2):20200082.
- [12] ROTHROCK M J, HIETT K L, KIEPPER B H, et al. Quantification of zoonotic bacterial pathogens within commercial poultry processing water samples using droplet digital PCR[J]. *Microbiology*, 2020, 3(5):403-411.
- [13] GUO L, HUANG J, WANG X. Comparison of digital PCR and conventional PCR for the detection of hepatitis B virus in serum samples[J]. *J Clin Virol*, 2025, 128:104798.
- [14] CHE L H, QI C, BAO W G, et al. Monitoring the course of brucella infection with qPCR-based detection[J]. *Int J Infect Dis*, 2019, 89(1):66-71.
- [15] 张瑾, 张娟, 徐翻飞. 数字 PCR 技术及在病原微生物检测中的应用[J]. *科学通报*, 2019, 64(20):2101-2110.
- [16] 李思思, 李晶, 文婧. 全国人间传染的病原微生物实验室备案现状调查分析[J]. *中国公共卫生管理*, 2022, 38(3):321-325.
- [17] 刘晓辉, 刘芳. 解读《生物安全法》对病原微生物实验室的管理要求[J]. *口岸卫生控制*, 2021, 26(6):1-4.
- [18] DONG L, LI W, XU Q, et al. A rapid multiplex assay of human malaria parasites by digital PCR[J]. *Clin Chim Acta*, 2023, 539:70-78.
- [19] 周小匀, 周琰, 郭玮. 数字 PCR 技术及其在临床检验中的研究进展[J]. *检验医学与临床*, 2023, 20(18):2738-2743.
- [20] PAVI J, EL J, MILAVEC M. Digital PCR for direct quantification of viruses without DNA extraction[J]. *Anal Bioanal Chem*, 2015, 408(1):67-75.

(收稿日期:2024-12-14 修回日期:2025-03-23)

(上接第 2113 页)

- ergillus diseases: executive summary of the 2017 ESC-MID-ECMM-ERS guideline[J]. *Clin Microbiol Infect*, 2018, 24 (Suppl 1):e1-e38.
- [10] CADENA J, THOMPSON G R, PATTERSON T F. aspergillosis: epidemiology, diagnosis, and treatment[J]. *Infect Dis Clin North Am*, 2021, 35(2):415-434.
- [11] JANSSENS I, LAMBRECHT B N, VAN B E. Aspergillus and the lung[J]. *Semin Respir Crit Care Med*, 2024, 45(1):3-20.
- [12] LINDER K A, KAUFFMAN C A, ZHOU S W, et al. Performance of the (1,3)-beta-d-glucan assay on bronchoalveolar lavage fluid for the diagnosis of invasive pulmonary aspergillosis[J]. *Mycopathologia*, 2020, 185(5):925-929.
- [13] SUN X, SONG L, YANG W J, et al. Nanopore sequencing and its clinical applications[J]. *Methods Mol Biol*, 2020, 2204:13-32.
- [14] ŽMIEŃKO A, SATYR A. Nanopore Sequencing and its application in biology[J]. *Postepy biochemii*, 2020, 66(3):193-204.
- [15] SHEKA D, ALABI N, GORDON P M K. Oxford nanopore sequencing in clinical microbiology and infection diagnostics[J]. *Brief Bioinform*, 2021, 22(5):bbaa403.
- [16] ATHANASOPOULOU K, BOTI M A, ADAMOPOULOS P G, et al. Third-generation sequencing: the spearhead towards the radical transformation of modern genomics[J]. *Life (Basel)*, 2021, 12(1):30.
- [17] CHAPMAN R, JONES L, D'ANGELO A, et al. Nanopore-based metagenomic sequencing in respiratory tract infection: a developing diagnostic platform[J]. *Lung*, 2023, 201(2):171-179.
- [18] MONAGHAN T F, RAHMAN S N, AGUDELO C W, et al. Foundational statistical principles in medical research: sensitivity, specificity, positive predictive value, and negative predictive value[J]. *Medicina (Kaunas, Lithuania)*, 2021, 57(5):503.
- [19] 王东江, GUO J. 侵袭性真菌感染实验室诊断研究进展[J]. *检验医学*, 2023, 38(2):179-185.
- [20] THEEL E S, DOERN C D.  $\beta$ -D-glucan testing is important for diagnosis of invasive fungal infections[J]. *J Clin Microbiol*, 2013, 51(11):3478-3483.
- [21] TRAN T, BEAL S G. Application of the 1,3- $\beta$ -D-Glucan (fungitell) assay in the diagnosis of invasive fungal infections[J]. *Arch Pathol Lab Med*, 2016, 140(2):181-185.

(收稿日期:2024-11-18 修回日期:2025-04-16)