

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2022.01.009

Autof MS 1000 质谱鉴定系统对临床分离病原菌的鉴定能力评价^{*}

陆 丹,周雪婷,陈雨婷,魏 望,曹宇杰,薛 魁[△]
徐州医科大学附属邳州市人民医院检验科,江苏邳州 221300

摘 要:**目的** 分析 Autof MS 1000 质谱鉴定系统和 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统对临床分离病原菌鉴定的一致性和准确率,评价 Autof MS 1000 质谱鉴定系统对病原菌的鉴定能力。**方法** 收集该院 2020 年 9 月至 2021 年 5 月分离自临床的非重复菌株共 190 株,分别采用 Autof MS 1000 质谱鉴定系统和 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统两种细菌鉴定仪进行鉴定,鉴定结果不一致或未鉴定出结果的菌株以 16SrDNA 或真菌 ITS 区测序结果为准,分析比较两种仪器鉴定结果的一致性和准确率。**结果** 190 株临床分离株中,在种水平上鉴定一致的有 166 株(87.4%),不一致的有 24 株(12.6%)。鉴定结果不一致的菌株经 16SrDNA 或真菌 ITS 区测序确认,Autof MS 1000 质谱鉴定系统准确率为 70.8%(17/24),明显高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统准确率[45.8%(11/24)],差异有统计学意义($P<0.05$)。Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定总准确率为 93.2%(177/190),略高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定总准确率[90.0%(171/190)],但差异无统计学意义($P>0.05$),其中 Autof MS 1000 质谱鉴定系统革兰阳性需氧菌鉴定准确率为 94.8%(55/58),略高于革兰阴性需氧菌鉴定准确率(89.2%,83/93)。厌氧菌鉴定准确率为 100.0%(6/6);酵母样真菌鉴定准确率为 100.0%(33/33)。**结论** 对于临床少见菌,Autof MS 1000 质谱鉴定系统较 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统具有更高的准确率,且快速、经济,适合用于临床分离病原菌的常规鉴定。

关键词:质谱鉴定系统; 感染; 病原菌

中图法分类号:R446.5

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2022)01-0031-05

Evaluation of identification ability of clinical pathogens with Autof MS 1000 mass spectrometry identification system^{*}

LU Dan,ZHOU Xueting,CHEN Yuting,WEI Wang,CAO Yujie,XUE Kui[△]
Department of Clinical Laboratory,Pizhou People's Hospital,Xuzhou Medical
University,Pizhou,Jiangsu 221300,China

Abstract: Objective To analyze the consistency and accuracy of Autof MS 1000 mass spectrometry identification system and VITEK 2 Compact automatic microbial analysis system in the identification of clinical pathogens, and to evaluate the identification ability of Autof MS 1000 mass spectrometry identification system for pathogens. **Methods** A total of 190 non-repetitive strains isolated from clinic in a hospital from September 2020 to May 2021 were collected and identified by Autof MS 1000 mass spectrometry identification system and VITEK 2 Compact automatic microbial analysis system, respectively. The results of 16SrDNA or fungal ITS region sequencing were taken as the standard for those strains whose identification results were inconsistent or not identified, and the consistency and accuracy of the results of the two instruments were analyzed and compared. **Results** Among the 190 strains, 166 strains (87.4%) were consistent and 24 strains (12.6%) were inconsistent at species level. 16SrDNA or fungal ITS region sequencing confirmed that the accuracy of Autof MS 1000 mass spectrometry identification system was 70.8% (17/24), which was higher than that of VITEK 2 Compact automatic microbial analysis system (45.8%, 11/24), the difference was statistically significant ($P<0.05$). The total accuracy of Autof MS 1000 mass spectrometry identification system was 93.2% (177/190), which was slightly higher than that of VITEK 2 Compact automatic microbial analysis system (90.0%, 171/

^{*} 基金项目:国家卫生健康委员会“十四五”规划全国重点课题项目(YYWS2361)。

作者简介:陆丹,女,主管技师,主要从事临床多重耐药菌感染及耐药机制研究。 [△] 通信作者,E-mail:15716706336@163.com。

本文引用格式:陆丹,周雪婷,陈雨婷,等. Autof MS 1000 质谱鉴定系统对临床分离病原菌的鉴定能力评价[J]. 检验医学与临床, 2022, 19(1):31-35.

190), the difference was not statistically significant ($P > 0.05$). Among them, the total accuracy of Autof MS 1000 mass spectrometry identification system of Gram-positive aerobic bacteria (94.8%) was slightly higher than that of Gram-negative aerobic bacteria (89.2%). The total accuracy of identifying anaerobic bacteria was 100.0% (6/6), and the total accuracy of identifying Yeast-like fungi was 100.0% (33/33). **Conclusion** Compared with VITEK 2 Compact automatic microbial analysis system, Autof MS 1000 has higher accuracy and is more rapid and economical for routine identification of clinically isolated pathogenic bacteria.

Key words: mass spectrometry identification system; infection; pathogenic bacteria

感染性疾病是临床常见疾病之一, 严重危害人类健康。对于重症感染患者, 若病情未能得到及时控制, 可导致多器官功能障碍、感染性休克甚至死亡, 而早期应用敏感抗菌药物治疗是控制病情的关键举措^[1]。除了规范抗菌药物使用之外, 病原菌的快速、有效鉴定显得尤为重要, 对患者的生存率和病死率有着重要影响^[2]。目前, 微生物实验室对临床可疑感染标本的病原菌检测多基于传统的形态学、分离培养及生化反应, 操作烦琐且周期较长; 基于分子的生物学技术不需要微生物的培养生长, 比传统方法更具优势, 但由于该技术对人员要求较高, 且成本较高, 难以在各种类型的实验室开展, 大规模应用可能受到限制^[2]。近年来, 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 技术, 以其快速、高通量、高效率、低成本的特点, 彻底改变了临床微生物实验室的微生物鉴定方法, 使临床微生物学的鉴定发生了革命性变化^[3]。Autof MS 1000 质谱鉴定系统为当今市场诸多 MALDI-TOF MS 质谱分析系统之一, 由郑州安图生物有限公司生产, 因此, 本研究旨在通过对本院临床分离菌株进行鉴定, 以评价 Autof MS 1000 质谱鉴定系统在微生物实验室的鉴定能力, 为其能否在各实验室开展提供参考。

1 材料与方法

1.1 菌株来源 收集本院 2020 年 9 月至 2021 年 5 月分离自临床的常见非重复菌株共 190 株。其中革兰阳性需氧菌 58 株, 革兰阴性需氧菌 93 株, 厌氧菌 6 株, 酵母样真菌 33 株。

1.2 仪器与试剂 Autof MS 1000 质谱鉴定系统及配套试剂购自郑州安图生物有限公司; VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统及配套鉴定卡购自法国生物梅里埃有限公司。

1.3 质控菌株 质控菌株铜绿假单胞菌 ATCC 27853、大肠埃希菌 ATCC 25922、金黄色葡萄球菌 ATCC 29213、肠球菌 ATCC 29212、白色假丝酵母菌 ATCC 14053 均由郑州安图生物有限公司提供。

1.4 方法

1.4.1 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定 对分离培养得到的纯菌落进行涂片及革兰染色, 根据菌落形态和染色结果选择相应的配套鉴定卡

上机检测, 严格按照说明书规范操作。可信度 $> 90\%$ 的唯一鉴定结果为可接受结果。

1.4.2 Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定 对分离培养得到的纯菌落使用直涂法或甲酸涂布法上机检测, 严格按照说明书规范操作。质谱鉴定结果以分数表示, 分数为 0.0~10.0 分。得分区间为 9.5~10.0 分表示该结果种水平可信; 得分区间为 9.0~<9.5 分表示该结果属水平可信, 种水平参考; 得分区间为 6.0~<9.0 分表示该结果属水平参考, 需结合其他鉴定方法验证; 得分区间为 0.0~<6.0 分表示该结果不可信。本研究 Autof MS1000 质谱鉴定系统鉴定结果可信水平 > 9.0 分为可接受结果。

1.4.3 鉴定结果分析 以实验室已有的 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定结果为参比结果, Autof MS 1000 质谱鉴定系统和 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定结果不一致的菌株、Autof MS 1000 质谱鉴定系统或 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统未鉴定出或鉴定结果不可信的菌株首先应用上述两种方法重复鉴定, 结果仍不可接受的送至北京睿博兴科生物技术有限公司进行细菌 16SrDNA 测序或真菌 ITS 区测序, 以测序结果为“金标准”^[4]。

1.5 统计学处理 采用 SPSS21.0 统计软件进行数据分析, 计数资料比较采用 χ^2 检验, $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结果

2.1 菌株分布及鉴定结果 本研究共纳入 190 株菌株, 分别分离自痰液、血液、尿液、脑脊液、胸腔积液、腹水、伤口分泌物、脓液等标本, 覆盖本院 80%~90% 常见病原菌。其中革兰阳性需氧菌 58 株, 包括葡萄球菌属 30 株, 链球菌属 15 株, 肠球菌属 7 株, 棒杆菌属 3 株, 诺卡菌属 2 株, 芽孢杆菌属 1 株; 革兰阴性需氧菌 93 株, 包括肠杆菌科细菌 50 株, 非发酵菌及其他少见革兰阴性需氧菌 43 株; 厌氧菌 6 株; 酵母样真菌 33 株。在 190 株分离株中, Autof MS 1000 质谱鉴定系统可将 180 株 (94.7%) 鉴定至种, 分数均 > 9.0 分; VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统可将 179 株 (94.2%) 鉴定至种, 可信度均 $> 90\%$ 。Autof MS 1000 质谱鉴定系统与 VITEK 2 Compact 全自动

微生物分析系统相比,在种水平上一致的有 166 株(87.4%),在属水平上一致的有 20 株(10.5%),完全不一致或未鉴定出结果的有 4 株(2.1%)。其中 58 株革兰阳性需氧菌中,种水平鉴定一致的有 51 株(87.9%),属水平鉴定一致的有 5 株(8.6%),2 株 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统未鉴定出(3.4%);93 株革兰阴性需氧菌中,种水平鉴定一致的有 80 株(86.0%),属水平鉴定一致的有 12 株(12.9%),1 株 Autof MS 1000 质谱鉴定系统与 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统均未鉴定出(1.1%);6 株厌氧菌中,种水平鉴定一致的有 4 株(66.7%),属水平鉴定一致的有 2 株(33.3%);33 株酵母样真菌中,种水平鉴定一致的有 31 株(93.9%),属水平鉴定一致的有 1 株(3.0%),1 株 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统未鉴定出(3.0%)。

2.2 结果不一致分析 本次分析的 190 株菌株中,共有 24 株(12.6%)鉴定结果在种水平上不一致。其中 20 株(10.5%)在属水平上一致,3 株(1.6%) VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统未鉴定出,1 株(0.5%) VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统及 Autof MS 1000 质谱鉴定系统均未鉴定出。见表 1。以测序结果为“金标准”,Autof MS 1000 质谱鉴定系统的准确率为 70.8%(17/24),VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统的准确率为 45.8%(11/24),差异有统计学意义($P<0.05$)。

2.3 鉴定总准确率分析 190 株菌株中,Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定总准确率[93.2%(177/190)]略高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定总准确率[90.0%(171/190)],差异无统计学意义($P>0.05$)。其中 Autof MS 1000 质谱鉴定系统革兰阳性需氧菌鉴定准确率为 94.8%(55/58),略高于革兰阴性需氧菌鉴定准确率(89.2%,83/93);厌氧菌鉴定准确率为 100.0%(6/6);酵母样真菌鉴定准确率为 100.0%(33/33)。见表 2。

表 1 两种系统鉴定结果不一致或无鉴定结果的比较分析			
16SrDNA 测序结果	株数 (<i>n</i>)	Autof MS 1000 质谱鉴定系统	VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统
科氏葡萄球菌	1	科氏葡萄球菌	溶血葡萄球菌
人葡萄球菌	1	人葡萄球菌	缓慢葡萄球菌
肺炎链球菌	2	缓症/口腔链球菌	肺炎链球菌
缓症链球菌	1	缓症/口腔链球菌	缓症链球菌
巴西诺卡菌	1	巴西诺卡菌	无鉴定结果
新诺卡菌	1	新诺卡菌	无鉴定结果
阴沟肠杆菌	5	阴沟/阿氏肠杆菌	阴沟肠杆菌复合群
阴沟肠杆菌	1	霍氏肠杆菌	阴沟肠杆菌复合群

续表 1 两种系统鉴定结果不一致或无鉴定结果的比较分析			
16SrDNA 测序结果	株数 (<i>n</i>)	Autof MS 1000 质谱鉴定系统	VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统
鲍曼不动杆菌	1	醋酸钙不动杆菌	鲍曼不动杆菌
鲍曼不动杆菌	1	医院不动杆菌	鲍曼不动杆菌
琼氏不动杆菌	1	琼氏不动杆菌	皮特不动杆菌
恶臭假单胞菌	1	恶臭假单胞菌	铜绿假单胞菌
肠炎沙门菌	1	沙门菌群	沙门菌群
流感嗜血杆菌	1	流感嗜血杆菌	副流感嗜血杆菌
卤代二氢盐单胞菌	1	无鉴定结果	无鉴定结果
迈尔放线菌	1	迈尔放线菌	龋齿放线菌
多形拟杆菌	1	多形拟杆菌	普通拟杆菌
平常假丝酵母菌	1	平常假丝酵母菌	光滑假丝酵母菌
皮瘤毛孢子菌	1	皮瘤毛孢子菌	无鉴定结果

表 2 两个系统对临床分离病原菌鉴定准确率的比较分析[%(<i>n</i> / <i>n</i>)]			
项目	Autof MS 1000 质谱鉴定系统	VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统	<i>P</i>
革兰阳性需氧菌	94.8(55/58)	93.1(54/58)	>0.05
革兰阴性需氧菌	89.2(83/93)	88.2(82/93)	>0.05
厌氧菌	100.0(6/6)	66.7(4/6)	>0.05
酵母样真菌	100.0(33/33)	94.1(31/33)	>0.05
总准确率	93.2(177/190)	90.0(171/190)	>0.05

3 讨 论

目前临床病原菌的鉴定主要依靠传统的表型鉴定及分子生物学鉴定。传统的表型鉴定包括细菌的分离培养、菌落形态及生理生化反应等,操作烦琐,周期较长且灵敏度及特异度低。此外,有些细菌较难培养,容易造成病原菌的漏检或误检,影响临床治疗。近年来,分子生物学的快速发展极大缩短了鉴定周期,其快速、特异度高、灵敏度高及准确率高等优势为临床感染性疾病的诊治提供新的思路。分子生物学鉴定包括基于核酸水平的检测,如实时荧光定量 PCR、限制性片段长度多态性分析、基因芯片、DNA 测序等,以及蛋白水平的检测,如 MALDI-TOF MS 技术^[5-6]。MALDI-TOF MS 技术能通过鉴别微生物不同质量蛋白获得蛋白指纹图谱,通过与数据库信息比对,筛选并确定相应图谱,进而得到鉴定结果,从而实现对不同细菌种、属的鉴定,快速、准确且成本低,被认为是基因测序的可替代方法^[7]。

目前法国生物梅里埃等多家公司的质谱系统已常规用于实验室病原菌的检测。近年来,国产 Autof MS 1000 质谱鉴定系统在临床工作中的优势也逐渐显现出来,本研究旨在通过对本院常见临床病原菌的

鉴定来评价该系统的鉴定能力。

本研究结果显示, Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定总准确率略高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定总准确率, 差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。其中 Autof MS 1000 质谱鉴定系统对革兰阳性需氧菌鉴定准确率略高于革兰阴性需氧菌鉴定准确率; 24 株种水平不一致或未鉴定出结果的菌株中, Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定准确率为 70.8%, 高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定的准确率 (45.8%), 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

58 株革兰阳性需氧菌中, Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定准确率略高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统。Autof MS 1000 质谱鉴定系统对葡萄球菌属、肠球菌属的鉴定准确率为 100.0%, 对肺炎链球菌、缓症链球菌及口腔链球菌的鉴定能力相对较差, 但因标本量少, 更多研究将在后续实验中继续验证。之前相关研究表明, 链球菌属鉴定准确率低的原因可能是细菌之间亲缘关系较近、同源性较高进而导致蛋白峰差异不明显的缘故^[8]。因此在临床工作中, 应结合其他辅助方法如奥普托欣敏感试验做出正确判断。2 株诺卡菌属 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统均未鉴定出结果, 而 Autof MS 1000 质谱鉴定系统则 100.0% 鉴定, 说明 Autof MS 1000 质谱鉴定系统对一些临床罕见菌的准确鉴定优势明显。

93 株革兰阴性需氧菌中, Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定准确率略高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统。Autof MS 1000 质谱鉴定系统对阴沟肠杆菌复合群及鲍曼不动杆菌不能正确鉴定至种, Autof MS 1000 质谱鉴定系统将阴沟肠杆菌鉴定为阴沟/阿氏肠杆菌和霍氏肠杆菌, 将鲍曼不动杆菌鉴定为醋酸钙不动杆菌和医院不动杆菌。分析原因可能为细菌亲缘关系近, 蛋白高度相似, Autof MS 1000 质谱鉴定系统不能准确区分至种或亚种, 必要时需辅以其他试验确认, 如通过实时荧光定量 PCR 扩增 *dnaJ* 基因可将阴沟肠杆菌复合群鉴定至种^[9]。对于 1 株沙门菌, VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统及 Autof MS 1000 质谱鉴定系统均只能鉴定至属, 需辅以血清凝集试验进一步鉴定至种或亚种。以上均是导致革兰阴性需氧菌的鉴定准确率低于革兰阳性需氧菌的原因。对于其他肠杆菌科细菌、非发酵菌及临床少见革兰阴性杆菌, Autof MS 1000 质谱鉴定系统均能正确鉴定。特别是本次鉴定的马耳他布鲁菌, 作为一种潜在的生物恐怖病原菌, 容易导致实验室获得性感染, 对人具有极强的致病力, 因此, 早期鉴定对于生物安全防护、规避风险至关重要。Autof MS 1000 质谱鉴定系统和 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统均未鉴定出卤代二氢盐单胞菌, 经分析与

数据库不完整、Autof MS 1000 质谱鉴定系统中不存在其标准图谱有关, 需要厂家及时扩展更新。但值得注意的是, 数据库中已知典型微生物的数量只占全球多样性的一小部分, 因此在严格意义上现有的数据库永远不可能是完整的。在临床微生物学中, 虽然对与人体相关微生物的认识已经达到了很高的水平, 但由于存在地区差异性 & 来源多样性等问题, 仍然需要不断研究和完善^[10]。

厌氧菌因其生长缓慢、生长条件苛刻等因而在临床鉴定中相对困难。本研究中 Autof MS 1000 质谱鉴定系统将 6 株厌氧菌均正确鉴定至种, 其准确率明显高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统, 且显著减少了标本周转时间, 优势明显。由于纳入菌株数量少不足以评价, 需在后期实验中加大标本量继续予以评估。但已有研究表明, 在鉴定已知 138 株脆弱拟杆菌的分析评价中, Autof MS 1000 质谱鉴定系统相比其他一些鉴定系统在种水平上有更高的准确率^[11]。

近期, 有研究表明, Autof MS 1000 质谱鉴定系统对其鉴定能力异常突出, 鉴定准确率明显优于 VITEK MS 质谱鉴定系统, 尤其对于一些罕见的酵母样真菌^[12]。本研究结果显示, Autof MS 1000 质谱鉴定系统对 33 株酵母样真菌的鉴定准确率高于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统鉴定准确率, 对于少见菌如平常假丝酵母菌、皮瘤毛孢子菌亦能正确鉴定, 虽然纳入菌株数量有限, 仍需进一步研究, 但 Autof MS 1000 质谱鉴定系统对酵母样真菌的鉴定价值初步体现。

本研究显示, Autof MS 1000 质谱鉴定系统与 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统的鉴定结果较为一致, 差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 但 Autof MS 1000 质谱鉴定系统鉴定时间短、操作简单、成本较低, 特别对临床罕见菌鉴定效果尤为突出, 明显优于 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统, 这与文献^[13-14]报道结果一致。同时, Autof MS 1000 质谱鉴定系统具有中国本土化的菌株蛋白指纹图谱数据库, 更适合中国用户, 适合在国内实验室推广使用。

MALDI-TOF MS 技术是近年来迅速兴起的新型微生物鉴定技术, 及时、准确地鉴定病原菌能够减少周转时间、快速提供细菌学诊断, 早期合理地进行干预治疗, 有利于减少细菌耐药、控制病情、改善预后^[15-16]。对于一些致病性强的病原菌, MALDI-TOF MS 技术能够在不到 1 h 之内知晓结果, 对于生物安全防范至关重要。尽管 MALDI-TOF MS 技术优势明显, 但因为技术的局限性, 仍存在不足之处。首先, 质谱技术对检测药物敏感性试验的方法尚未应用于常规检测^[17], 鉴定结果上报临床后, 需根据当地的细

菌耐药数据初步选择抗菌药物,最后药敏结果仍依赖传统的药敏实验。但鉴于其较高的种属符合率,可作为初级报告上报临床,满足临床早期诊断的需求^[18]。其次,细菌的正确鉴定很大程度上取决于数据库的完整性,需要不断地扩展和更新。此外,质谱技术目前只能鉴定单一菌落,关于混合感染情况下的质谱鉴定有待进一步研究。最后,一些鉴定前因素也影响质谱鉴定结果,如培养基成分、多次传代培养、培养温度、黏液型菌落、涂布菌量的多少等^[8]。因此,规范操作、排除客观因素的影响对于病原菌的正确鉴定至关重要。

总之,MALDI-TOF MS 技术是现代微生物学上的巨大变革,Autof MS 1000 质谱鉴定系统作为国产质谱系统满足临床对微生物鉴定的需求,建议在实验室推广使用。但由于本研究室质谱技术开展时间相对较短,故而纳入研究菌株数量有限,后期将加大标本量继续验证。考虑到每种方法都有其局限性,因此,多种检测方法的联合应用可为临床快速、可靠的诊断提供依据。

参考文献

- [1] BUEHLER S S, MADISON B, SNYDER S R, et al. Effectiveness of practices to increase timeliness of providing targeted therapy for inpatients with bloodstream infections; a laboratory medicine best practices systematic review and meta-analysis[J]. Clin Microbiol Rev, 2016, 29(1): 59-103.
- [2] ANGELETTI S, CICCOTZI M. Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry in clinical microbiology: an updating review[J]. Infect Genet Evol, 2019, 76(1): 1040-1045.
- [3] TSUCHIDA S, UMEMURA H, NAKAYAMA T. Current status of matrix-assisted laser desorption/ionization-time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) in clinical diagnostic microbiology[J]. Molecules, 2020, 25(20): 4775.
- [4] 中国临床微生物质谱共识专家组. 中国临床微生物质谱应用专家共识[J]. 中华医院感染学杂志, 2016, 26(10): 2149-2152.
- [5] 刘伟, 王腾蛟, 唐海琳, 等. 高通量细菌鉴定方法研究进展[J]. 微生物学通报, 2014, 41(12): 2501-2509.
- [6] HOU T Y, CHIANG N C, TENG S H. Current status of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical microbiology[J]. J Food Drug Anal, 2019, 27(2): 404-414.
- [7] VÁRADI L, LUO J L, HIBBS D E, et al. Methods for the detection and identification of pathogenic bacteria: past, present, and future[J]. Chem Soc Rev, 2017, 46(16): 4818-4832.
- [8] 木尼热·马合苏提, 向阳, 刘涛, 等. 两种细菌鉴定仪对临床分离细菌鉴定结果的对比分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2015, 25(16): 3604-3606.
- [9] PAVLOVIC M, KONRAD R, IWOB I A N, et al. A dual approach employing MALDI-TOF MS and real-time PCR for fast species identification within the Enterobacter cloacae complex[J]. FEMS Microbiol Lett, 2012, 328(1): 46-53.
- [10] ALEX V B, MARTIN W, DAVID P, et al. Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry in clinical microbiology: what are the current issues[J]. Ann Lab Med, 2017, 37(6): 475-483.
- [11] YAO W, XFCAB C, XLXA B, et al. Evaluation of VITEK MS, Clin-ToF-II MS, Autof MS 1000 and VITEK 2 ANC card for identification of Bacteroides fragilis group isolates and antimicrobial susceptibilities of these isolates in a Chinese university hospital [J]. J Microbiol Immunol, 2019, 52(3): 456-464.
- [12] YI Q L, XIAO M, FAN X, et al. Evaluation of Autof MS 1000 and Vitek MS MALDI-TOF MS system in identification of closely-related yeasts causing invasive fungal diseases [J]. Front Cell Infect Microbiol, 2021, 11(1): 628-632.
- [13] 沈玲, 白欢, 李丽, 等. AUTOF MS 1000 质谱鉴定系统对临床实验室常见菌株鉴定能力的评估[J]. 现代检验医学杂志, 2020, 35(3): 100-102.
- [14] SCHUBERT S, KOSTRZEWA M. MALDI-TOF MS in the microbiology laboratory: current trends [J]. Mole Biol, 2017, 23(1): 17-20.
- [15] OVIAO M, B RODRÍGUEZ-SÁNCHEZ. MALDI-TOF mass spectrometry in the 21st century clinical microbiology laboratory[J]. Enferm Infecc Microbiol Clin, 2021, 39(4): 192-200.
- [16] KRÁSNY L, HYNEK R, HOCHÉL I. Identification of bacteria using mass spectrometry techniques[J]. Inter J Mass Spect, 2013, 353(1): 67-79.
- [17] VRIONI G, TSAMIS C, OIKONOMIDIS G, et al. MALDI-TOF mass spectrometry technology for detecting biomarkers of antimicrobial resistance: current achievements and future perspectives [J]. Ann Transl Med, 2018, 6(12): 240.
- [18] 王军杰, 马冰, 李轶, 等. 血培养阳性菌落质谱鉴定与生化鉴定的比较[J]. 检验医学与临床, 2019, 16(21): 3081-3085.

(收稿日期: 2021-04-30 修回日期: 2021-11-29)