

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2025.18.014
文章编号: 1005-8982 (2025) 18-0083-06

临床研究·论著

降钙素原联合C反应蛋白动态监测在恶性血液病患者感染预测模型中的临床应用价值*

张飞, 吴光启, 戚玉杨, 吕芳, 杨娜, 陈丽丽

[南京鼓楼医院集团宿迁医院(徐州医科大学附属宿迁医院) 血液内科, 江苏 宿迁 223800]

摘要: **目的** 评估降钙素原(PCT)与C反应蛋白(CRP)动态监测在恶性血液病患者感染预测中的临床应用价值,并探讨其对不同病原体感染的诊断效能。**方法** 回顾性分析2020年6月—2024年6月南京鼓楼医院集团宿迁医院收治的102例恶性血液病合并感染患者作为感染组。感染组进一步分为细菌感染组(71例)、真菌感染组(18例)和病毒感染组(13例)。另取该院同期未感染的50例恶性血液病患者作为对照组。分析各组血清PCT和CRP水平差异,并通过受试者工作特征(ROC)曲线评估PCT和CRP在感染预测中的价值。**结果** 感染组血清PCT和CRP水平均高于对照组($P<0.05$)。细菌感染组血清PCT和CRP水平均高于真菌感染组和病毒感染组($P<0.05$),真菌感染组血清PCT和CRP水平均高于病毒感染组($P<0.05$)。革兰阴性菌组血清PCT和CRP水平均高于革兰阳性菌组($P<0.05$)。念珠菌组与曲霉菌组血清PCT和CRP水平比较,差异均无统计学意义($P>0.05$)。细菌感染组PCT阳性率、CRP阳性率和联合阳性率均高于真菌感染组和病毒感染组($P<0.0125$)。ROC曲线结果表明,血清PCT、CRP联合预测恶性血液病患者感染的AUC为0.947(95%CI: 0.896, 0.998),敏感性97.1%(95%CI: 0.916, 0.994),特异性94.0%(95%CI: 0.835, 0.987)。**结论** 血清PCT和CRP的表达异常与恶性血液病患者的感染风险及病原体类型紧密相关,可作为感染预测的有效生物标志物。

关键词: 恶性血液病;感染;降钙素原;C反应蛋白;预测模型;病原体

中图分类号: R733

文献标识码: A

Clinical utility of dynamic monitoring of procalcitonin combined with C-reactive protein in the infection prediction model for patients with malignant hematological diseases*

Zhang Fei, Wu Guang-qi, Qi Yu-Yang, Lv fang, Yang Na, Chen Li-li

[Department of Hematology, Nanjing Drum Tower Hospital Group Suqian Hospital (Suqian Hospital Affiliated to Xuzhou Medical University), Suqian, Jiangsu 223800, China]

Abstract: **Objective** To investigate the clinical value of dynamic monitoring of procalcitonin (PCT) combined with C-reactive protein (CRP) in the infection prediction model for patients with malignant hematological diseases and to analyze its diagnostic performance for different pathogens. **Methods** A retrospective analysis was conducted on 102 patients with malignant hematological diseases complicated by infections, who were admitted to our hospital from June 2020 to June 2024. The infection group was further divided into the bacterial infection group ($n=71$), fungal infection group ($n=18$), and viral infection group ($n=13$). Additionally, 50 patients with malignant hematological diseases without infections in our hospital during the same period were selected as the control group. The differences in serum PCT and CRP levels among the groups were analyzed, and the predictive value of PCT and

收稿日期: 2025-04-03

* 基金项目: 江苏省自然科学基金面上项目 (No: BK20221413)

[通信作者] 陈丽丽, E-mail: zhangfei060887@163.com; Tel: 19852637520

CRP for infections was evaluated using receiver operating characteristic (ROC) curves. **Results** The serum levels of PCT and CRP in the infection group were significantly higher than those in the control group ($P < 0.05$). Among infection subgroups, bacterial infections exhibited higher PCT and CRP levels than fungal and viral infections ($P < 0.05$), while fungal infections showed even higher levels of these two indicators than viral infections ($P < 0.05$). Gram-negative bacterial infections demonstrated significantly elevated PCT and CRP levels compared to Gram-positive bacterial infections ($P < 0.05$). No significant differences in serum PCT and CRP levels were found between *Candida* and *Aspergillus* infections as assessed by the t-test ($P > 0.05$). The serum PCT and CRP as well as their combined detection yielded higher positivity rates for bacterial infections than for fungal or viral infections ($P < 0.0125$). ROC curve analysis revealed that the AUC of the combination of serum PCT and CRP for predicting infections in patients with malignant hematological diseases was 0.947 (95% CI: 0.896, 0.998), with a sensitivity of 97.1% (95% CI: 0.916, 0.994) and a specificity of 94.0% (95% CI: 0.835, 0.987). **Conclusion** Abnormal serum levels of PCT and CRP are closely associated with both infection risk and pathogen type in patients with malignant hematologic diseases, rendering them effective biomarkers for infection prediction.

Keywords: malignant hematological diseases; infection; procalcitonin; C-reactive protein; prediction model; pathogen

恶性血液病患者由于疾病本身及治疗过程中免疫功能抑制,感染风险显著增加,成为其发病和死亡的主要原因之一^[1]。恶性血液病患者的感染具有起病隐匿、进展迅速、病原体复杂等特点,尤其是细菌、真菌及病毒感染的临床表现相似,早期鉴别诊断困难,导致治疗延误和预后不良^[2]。因此,建立有效的感染预测模型并实现病原体的早期鉴别,对于改善恶性血液病患者的临床结局具有重要意义。近年来,生物标志物在感染诊断和预后评估中的作用日益受到关注。降钙素原(Procalcitonin, PCT)和C反应蛋白(C-reactive protein, CRP)作为炎症和感染的重要生物标志物,在感染性疾病中表现出较高的诊断价值。PCT在细菌感染中显著升高,而在病毒感染中通常保持低水平;CRP则是一种非特异性炎症标志物,其水平在多种感染中均可能升高^[3-4]。然而,单一生物标志物的诊断效能有限,联合检测可能提高感染预测的准确性和病原体鉴别的特异性。本研究旨在探讨PCT联合CRP动态监测在恶性血液病患者感染预测模型中的临床应用价值,分析其在细菌、真菌及病毒感染中的鉴别诊断意义,为恶性血液病患者的感染管理提供科学依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料

回顾性分析2020年6月—2024年6月南京鼓楼医院集团宿迁医院收治的102例恶性血液病并发感染患者作为感染组。感染组患者符合《医院感染诊

断标准(试行)》中的诊断标准^[5]。感染组多发性骨髓瘤28例,非霍奇金恶性淋巴瘤25例,急性髓系白血病22例,急性淋巴细胞白血病18例,骨髓增生异常综合征9例;感染类型包括呼吸道感染52例,败血症30例,皮肤黏膜感染12例,泌尿道感染8例。感染组男性50例、女性52例;年龄20~82岁,平均 (52.18 ± 3.12) 岁。另取本院同期未感染的50例恶性血液病患者作为对照组,其中多发性骨髓瘤12例,非霍奇金恶性淋巴瘤10例,急性髓系白血病11例,急性淋巴细胞白血病9例,骨髓增生异常综合征8例。对照组男性22例、女性28例;年龄22~80岁,平均 (51.76 ± 2.89) 岁。两组性别构成、年龄、肿瘤类型比较,经 χ^2/t 检验,差异均无统计学意义($P > 0.05$),具有可比性。本研究经医院医学伦理委员会审查通过(No:2025-042-01)

1.2 纳入与排除标准

1.2.1 纳入标准 ①依据世界卫生组织相关指南及临床诊断标准,确诊为恶性血液病^[6-7];②年龄 ≥ 18 周岁;③预计生存期 >3 个月;④研究期间能配合完成各项检查及随访。

1.2.2 排除标准 ①合并有混合病原体感染的患者,证实存在 ≥ 2 种病原体感染;②严重肝肾功能障碍,即血清谷丙转氨酶或谷草转氨酶超过正常上限6倍,血肌酐超过正常上限5.5倍;③近3个月内接受过造血干细胞移植或实体器官移植;④正在接受免疫调节剂、大剂量糖皮质激素(地塞米松 > 40 mg/d)等可能显著影响机体免疫状态及炎症反应药物治疗;⑤合并有其他严重的非血液系统恶性肿瘤;⑥存

在严重精神障碍或认知功能障碍,无法配合研究。

1.3 方法

1.3.1 血清 PCT 和 CRP 水平检测 采集患者 5 mL 静脉血样, 3 000 r/min 离心 10 min 分离血清, 并在 -20 ℃ 条件下保存。采用化学发光法检测 PCT 水平, 使用北京热景生物技术股份有限公司生产的全自动化学发光免疫分析仪 (型号: MQ60proB) 及配套试剂 (生产许可证编号: 冀药监械生产许 20200022 号)。采用速率散射比浊法检测 CRP 水平, 使用深圳普门科技股份有限公司生产的深圳普门 PA-990pro 特定蛋白分析仪及配套试剂 (生产许可证编号: 粤食药监械生产许 20081535 号), 所有操作严格按照试剂盒说明书进行。PCT> 0.05 ng/mL, CRP>5 mg/L 为阳性判断标准。

1.3.2 病原体检测 采用微生物培养法对感染组患者的病原体进行检测, 细菌感染组通过血培养、痰培养或尿液培养等方法分离病原菌, 并利用革兰染色法将其分为革兰阳性菌组和革兰阴性菌组; 真菌感染组通过真菌培养及形态学及血清 1,3-β-D 葡聚糖试验和半乳甘露聚糖试验鉴定进一步分为念珠菌组和曲霉菌组; 病毒感染组则通过聚合酶链反应检测病毒核酸以明确病原体类型。所有检测严格按照临床微生物学操作规范进行, 以确保结果的准确性和可靠性。

1.4 统计学方法

数据分析采用 SPSS 27.0 和 R 3.4.3 统计软件。计量资料以均数标准差($\bar{x} \pm s$)表示, 比较用 *t* 检验或方差分析, 两两比较用 LSD-*t* 检验; 计数资料以构成比或率(%)表示, 比较用 χ^2 检验, 两两比较用 Bonferroni 校正后的 χ^2 检验, 检验水准为 0.012 5; 绘制受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线。*P*<0.05 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 感染组与对照组血清 PCT、CRP 水平比较

感染组与对照组血清 PCT 和 CRP 水平比较, 经 *t* 检验, 差异均有统计学意义 (*P*<0.05); 感染组血清 PCT 和 CRP 水平均高于对照组。见表 1。

2.2 不同病原体感染患者的血清 PCT、CRP 水平比较

细菌感染组、真菌感染组和病毒感染组血清

表 1 感染组与对照组血清 PCT、CRP 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	PCT/(ng/mL)	CRP/(mg/L)
感染组	102	3.79 ± 0.72	68.12 ± 8.85
对照组	50	0.08 ± 0.03	3.16 ± 1.43
<i>t</i> 值		37.699	56.555
<i>P</i> 值		0.000	0.000

PCT 和 CRP 水平比较, 经方差分析, 差异均有统计学意义 (*P*<0.05); 细菌感染组血清 PCT 和 CRP 水平均高于真菌感染组和病毒感染组 (*P*<0.05), 真菌感染组血清 PCT 和 CRP 水平均高于病毒感染组 (*P*<0.05)。见表 2。

表 2 不同病原体感染患者的血清 PCT、CRP 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	PCT/(ng/mL)	CRP/(mg/L)
细菌感染组	71	5.25 ± 0.93	83.65 ± 12.82
真菌感染组	18	0.62 ± 0.26	39.54 ± 8.19
病毒感染组	13	0.18 ± 0.04	23.39 ± 8.05
<i>F</i> 值		402.376	213.289
<i>P</i> 值		0.000	0.000

2.3 不同细菌感染患者血清 PCT、CRP 水平比较

革兰阴性菌组与革兰阳性菌组血清 PCT 和 CRP 水平比较, 经 *t* 检验, 差异均有统计学意义 (*P*<0.05); 革兰阴性菌组血清 PCT 和 CRP 水平均高于革兰阳性菌组。见表 3。

表 3 不同细菌感染患者血清 PCT、CRP 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	PCT/(ng/mL)	CRP/(mg/L)
革兰阳性菌组	20	2.49 ± 0.88	79.64 ± 12.13
革兰阴性菌组	51	6.33 ± 1.49	85.22 ± 10.29
<i>t</i> 值		11.838	2.133
<i>P</i> 值		0.000	0.000

2.4 不同真菌感染患者血清 PCT、CRP 水平比较

念珠菌组与曲霉菌组血清 PCT 和 CRP 水平比较, 经 *t* 检验, 差异均无统计学意义 (*P*>0.05)。见表 4。

2.5 血清 PCT 联合 CRP 水平检测对不同病原体感染患者的诊断价值

细菌感染组、真菌感染组、病毒感染组 PCT 阳性率、CRP 阳性率和联合阳性率比较, 经 χ^2 检验, 差异均有统计学意义 (*P*<0.05); 细菌感染组 PCT 阳性率、CRP 阳性率和联合阳性率均高于真菌感染

表 4 不同真菌感染患者血清 PCT、CRP 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	n	PCT/(ng/mL)	CRP/(mg/L)
念珠菌组	11	0.63 ± 0.32	40.41 ± 9.75
曲霉菌组	7	0.60 ± 0.31	38.23 ± 8.12
t 值		0.202	0.581
P 值		0.843	0.573

组和病毒感染组 ($P < 0.0125$)。见表 5。

2.6 血清 PCT、CRP 水平预测恶性血液病患者感染的价值

ROC 曲线结果表明, 血清 PCT、CRP 联合预测恶性血液病患者感染的曲线下面积 (area under the

表 5 不同病原体感染患者血清 PCT 阳性率、CRP 阳性率和联合阳性率比较 例(%)

组别	n	PCT 阳性	CRP 阳性	联合阳性
细菌感染组	71	65(91.55)	68(95.77)	70(98.59)
真菌感染组	18	13(72.22)	15(83.33)	16(88.89)
病毒感染组	13	9(69.23)	8(61.54)	8(61.54)
χ ² 值		7.341	14.170	21.190
P 值		0.025	0.001	0.000

curve, AUC) 为 0.947 (95% CI: 0.896, 0.998), 敏感性 97.1% (95% CI: 0.916, 0.994), 特异性 94.0% (95% CI: 0.835, 0.987)。见表 6 和图 1。

表 6 血清 PCT、CRP 水平预测恶性血液病患者感染的效能分析

指标	截断值	AUC	95% CI		敏感性/%	95% CI		特异性/%	95% CI	
			下限	上限		下限	上限		下限	上限
PCT	2.495 ng/mL	0.870	0.807	0.934	89.2	0.815	0.945	82.0	0.686	0.914
CRP	27.235 mg/L	0.897	0.833	0.961	94.1	0.876	0.978	88.0	0.757	0.955
联合		0.947	0.896	0.998	97.1	0.916	0.994	94.0	0.835	0.987

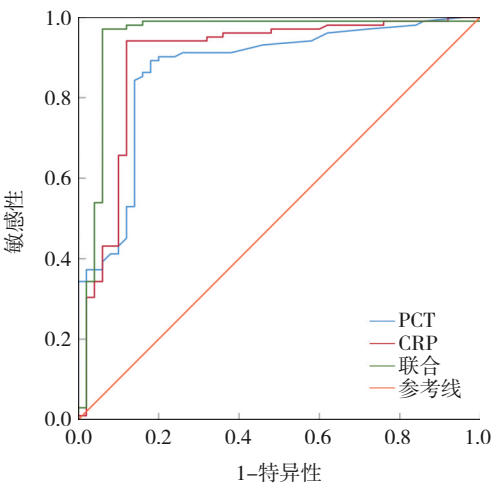


图 1 血清 PCT、CRP 水平预测恶性血液病患者感染的 ROC 曲线

3 讨论

恶性血液病患者感染风险显著增加, 尤其是细菌、真菌及病毒感染的临床表现相似, 早期鉴别诊断困难, 易导致治疗延误和预后不良, 是其死亡的主要原因之一^[8-9]。尽管临床评估和微生物培养是感染的常规诊断方法, 但其在早期诊断和病原体鉴别上存在局限性。因此, 寻找敏感且非侵入性的生物标志物对改进感染预测和病原体鉴

别至关重要。PCT 和 CRP 是感染诊断中的重要生物标志物。PCT 在细菌感染中显著升高, CRP 在细菌、真菌及病毒感染中均可升高^[10-11]。两者联合检测可提高感染预测的准确性, 并为病原体类型的早期鉴别提供重要参考。

感染组患者的血清 PCT 和 CRP 水平显著高于对照组, 这一现象主要与恶性血液病患者感染后全身性炎症反应的激活密切相关。PCT 作为一种特异性感染标志物, 其水平升高主要由细菌感染后产生的内毒素或炎症因子刺激甲状腺外组织合成释放所致^[12-13]。CRP 是一种由肝脏合成的急性期反应蛋白, 其生成主要受白细胞介素-6 (Interleukin-6, IL-6) 等炎症因子的调控。其血清水平升高与全身性炎症反应的强度密切相关, 可作为评估炎症活动程度的重要生物标志物^[14-15]。细菌感染组、真菌感染组和病毒感染组患者的血清 PCT 和 CRP 水平存在显著差异, 这一现象与不同病原体感染后炎症反应的强度和机制密切相关。细菌感染尤其是革兰阴性菌感染, 可通过释放内毒素直接激活 Toll 样受体 4 Toll 样受体 (Toll-like receptor 4, TLR4) 信号通路, 导致白细胞介素-1β (Interleukin-1β, IL-1β)、肿瘤坏死因子-α (tumor necrosis factor-α,

TNF- α) 和 IL-6 等炎症因子大量释放,从而显著刺激 PCT 和 CRP 的合成^[16-17]。真菌感染主要通过激活 TLR2 和 Dectin-1 信号通路,诱导炎症因子释放,但其强度低于细菌感染,因此 PCT 和 CRP 水平相对较低^[18-19]。病毒感染则主要通过模式识别受体激活干扰素通路,炎症因子释放较少,且病毒感染对 PCT 的诱导作用较弱,因此 PCT 和 CRP 水平最低^[20-21]。

革兰阴性菌感染患者血清 PCT 与 CRP 水平显著高于革兰阳性菌感染患者,此差异归因于两类细菌细胞壁成分的差异及其所触发的炎症反应强度的不同。革兰阴性菌的细胞壁含有脂多糖(Lipopolysaccharide, LPS),其通过结合 TLR4 激活下游信号通路,导致核转录因子- κ B 的核转位和大量促炎因子的释放^[17]。这些炎症因子不仅直接刺激肝脏合成 CRP,还通过诱导甲状腺外组织产生 PCT。相比之下,革兰阳性菌的细胞壁主要成分为肽聚糖和脂磷壁酸,其通过 TLR2 激活炎症反应,但其诱导的炎症因子释放强度低于 LPS。因此,革兰阴性菌感染患者 PCT 和 CRP 水平高于革兰阳性菌感染患者。念珠菌组与曲霉菌组患者血清 PCT 和 CRP 水平无差异,这一现象可能与真菌感染的炎症反应机制相似有关。念珠菌和曲霉菌均通过模式识别受体激活免疫反应,诱导相似的炎症因子释放谱,包括 IL-6、IL-1 β 和 TNF- α ^[18]。这些炎症因子通过相似的信号通路刺激肝脏合成 CRP,并间接诱导 PCT 的产生。真菌感染通常不伴随内毒素或外毒素的释放,其炎症反应强度主要取决于真菌负荷和宿主的免疫状态^[19-20]。在恶性血液病患者中,由于免疫功能普遍受损,念珠菌和曲霉菌感染引发的炎症反应强度相近,导致 PCT 和 CRP 水平无差异^[22-24]。

细菌感染组血清 PCT 与 CRP 联合检测的阳性率显著高于真菌感染组和病毒感染组,表明联合检测在细菌感染的早期诊断中具有更高的敏感性和特异性。基于血清 PCT 和 CRP 水平构建的 ROC 曲线分析显示,联合检测的各项指标显著优于单一指标检测。这一结果表明,PCT 和 CRP 联合检测能够更准确地预测恶性血液病患者的感染风险,尤其是在细菌感染的早期识别中具有重要临床价值。联合检测的高敏感性和特异性为临床医生提

供了更可靠的诊断工具,有助于早期干预和优化治疗方案,从而改善患者预后并降低感染相关死亡率。

综上所述,本研究的可推广性在于明确了 PCT 和 CRP 联合检测在恶性血液病患者感染预测及病原体鉴别中的临床应用价值,为临床提供了高效、非侵入性的诊断工具,尤其适用于免疫功能低下患者的早期感染识别。然而,本研究存在的局限性包括样本规模有限及未全面覆盖所有病原体类型,以及未探索不同 PCT/CRP 阈值组合的分层诊断效能,这可能限制了研究结果的普遍适用性。未来研究应扩大样本量,纳入更多病原体类型,开展多中心分层验证,并探索 PCT、CRP 与其他新型生物标志物的联合应用,以进一步提高感染预测的准确性。

参 考 文 献:

- [1] 庞如利,吴梅青,石泽延,等. 利用宏基因组高通量测序技术揭示血液病患者的感染谱[J]. 中国全科医学, 2022, 25(24): 3022-3028.
- [2] FREBEL K, ALBRING J C, WOHLGEMUTH A, et al. Comparison of antibody-based immunotherapeutics for malignant hematological disease in an experimental murine model[J]. Blood Adv, 2024, 8(8): 1934-1945.
- [3] 刘梅,唐亦舒,肖玉莲,等. 降钙素原在恶性血液病患者感染中的诊断价值[J]. 中南大学学报(医学版), 2024, 49(5): 721-729.
- [4] 方悦之,孙幸,倪军. 外周血 CD64 指数联合 C 反应蛋白检测对恶性血液病合并细菌感染的诊断价值[J]. 安徽医学, 2023, 44(6): 686-688.
- [5] 中华人民共和国卫生部. 医院感染诊断标准(试行)[J]. 中华医学杂志, 2001, 81(5): 314-320.
- [6] ARBER D A, ORAZI A, HASSERJIAN R, et al. The 2016 revision to the World Health Organization classification of myeloid neoplasms and acute leukemia[J]. Blood, 2016, 127(20): 2391-2405.
- [7] 张之南,沈悌. 血液病诊断及疗效标准[M]. 第3版. 北京: 科学出版社, 2007: 184-205.
- [8] 李付广,张晓静,谢小雷,等. 骨髓染色体联合 FISH 技术在恶性血液病诊断中的应用价值[J]. 中国实验诊断学, 2024, 28(3): 292-297.
- [9] 张衡,姜南,费世枝,等. Smad2、Smad3、TGF- β 1、PCT 对血液透析导管相关血流感染的诊断价值[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(2): 198-201.
- [10] CECCARELLI G, ALESSANDRI F, MIGLIARA G, et al. Reduced reliability of procalcitonin (PCT) as a biomarker of bacterial superinfection: concerns about PCT-driven antibiotic stewardship in critically ill COVID-19 patients-results from a

- retrospective observational study in intensive care units[J]. *J Clin Med*, 2023, 12(19): 6171.
- [11] 张哲梅, 魏莲花, 王丹妮, 等. CRP、SAA、IL-6、PCT 及 WBC 在儿童上呼吸道感染及消化道感染性疾病中的诊断价值[J]. *标记免疫分析与临床*, 2023, 30(6): 953-959.
- [12] 杨丽秋, 陈雪英, 陈艳, 等. 可溶性髓系细胞触发受体-1、降钙素原、脑钠肽联合检测对老年患者重症肺炎预后的评估价值[J]. *中国现代医学杂志*, 2023, 33(6): 82-87.
- [13] 寿晓玲, 孙飏, 王石柱, 等. 肝素结合蛋白鉴别革兰阳性和阴性细菌所致血流感染的价值[J]. *中华医院感染学杂志*, 2025, 35(1): 60-64.
- [14] CHERNY S S, BRZEZINSKI R Y, WASSERMAN A, et al. Characterizing CRP dynamics during acute infections[J]. *Infection*, 2025, 53(3): 1199-1203.
- [15] 张涛, 刘升凤, 李杰. 血清 PCT/ALB、CRP/PA 及 ST2 对尿毒症血液透析患者细菌感染的诊断价值[J]. *分子诊断与治疗杂志*, 2024, 16(11): 2198-2201.
- [16] HEINE H, ZAMYATINA A. Therapeutic targeting of TLR4 for inflammation, infection, and cancer: a perspective for disaccharide lipid a mimetics[J]. *Pharmaceuticals (Basel)*, 2022, 16(1): 23.
- [17] 葛冰磊, 陈永红, 张青松, 等. VAP 革兰阴性菌感染及 NLRP3 炎症体通路的预测价值[J]. *中华医院感染学杂志*, 2023, 33(21): 3225-3229.
- [18] WILSON A S, RANDALL K L, PETTITT J A, et al. Neutrophil extracellular traps and their histones promote Th17 cell differentiation directly via TLR2[J]. *Nat Commun*, 2022, 13(1): 528.
- [19] 杨建敏, 王怡佳, 杨惠芳, 等. 系统性红斑狼疮患者淋巴细胞亚群和 TLR9 及 TLR2 预测继发真菌感染的临床价值[J]. *中华医院感染学杂志*, 2025, 35(4): 523-527.
- [20] MATUR E, ÖZCAN M, ERGÜL EKİZ E, et al. Use of serum procalcitonin (PCT) level and PCT mRNA expression as a potential clinical biomarker in Cats with bacterial and viral infections[J]. *J Feline Med Surg*, 2022, 24(12): e595-e602.
- [21] ABEBAW D, AKELEW Y, ADUGNA A, et al. Recent updates of interferon-derived myxovirus resistance protein A as a biomarker for acute viral infection[J]. *Eur J Med Res*, 2024, 29(1): 612.
- [22] 李道新, 熊飞, 李红波, 等. 维持性血液透析患者微炎症状态及外周血 Keap1-Nrf2-ARE 表达对导管相关性血流感染的诊断价值[J]. *中华医院感染学杂志*, 2023, 33(1): 49-53.
- [23] LIU Y L, ZHANG X L, YUE T F, et al. Combination of C-reactive protein and procalcitonin in distinguishing fungal from bacterial infections early in immunocompromised children[J]. *Antibiotics (Basel)*, 2022, 11(6): 730.
- [24] LI Y D, LI M J, LIN C Y, et al. Exploring the clinical value of procalcitonin, c-reactive protein, white blood cell count, and neutrophil-to-lymphocyte ratio in the early diagnosis of bloodstream infections in children[J]. *BMC Pediatr*, 2025, 25(1): 62.

(童颖丹 编辑)

本文引用格式: 张飞, 吴光启, 戚玉杨, 等. 降钙素原联合 C 反应蛋白动态监测在恶性血液病患者感染预测模型中的临床应用价值[J]. *中国现代医学杂志*, 2025, 35(18): 83-88.

Cite this article as: ZHANG F, WU G Q, QI Y Y, et al. Clinical utility of dynamic monitoring of procalcitonin combined with C-reactive protein in the infection prediction model for patients with malignant hematological diseases[J]. *China Journal of Modern Medicine*, 2025, 35(18): 83-88.