

Tab. S1. Vergleich ausgewählter molekularer und phänotypischer Systeme zur beschleunigten Identifikation und Empfindlichkeitsprüfung von Erregern aus Blutkulturen. Abkürzungen: AST=*antibiotic susceptibility testing* (dt. Empfindlichkeitstestung); FISH=Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung; LAMP=*loop-mediated isothermal amplification* (dt. isothermes DNA-Amplifikationsverfahren). Min.=Minuten, Std.=Stunden

System	Hersteller	Technologie / Prinzip	Laufzeit ^a	Nachweisumfang	Literatur ^b
<i>molekulare/kommerzielle Systeme</i>					
BioFire FilmArray BCID / BCID2	bioMérieux (Frankreich)	Multiplex-PCR (all in one)	60–75 Min.	Bis zu 43 Erreger + 10 Resistenzgene (<i>mecA</i> , <i>bla</i> _{CTX-M} , <i>vanA/B</i>)	Berinson et al. (2012); Schumann et al. (2021); Chen et al. (2013)
Verigene BC-GN / BC-GP	Luminex Corporation (USA)	Microarray-basierte Nukleinsäurehybridisierung	2–3 Std.	Gram-positive bzw. Gram-negative Erreger + Resistenzgene	Arroyo et al. (2017); Claey's et al. (2021); Walker et al. (2016)
GenMark ePlex BCID Panel	Roche Diagnostics (Schweiz)	Cartridge-basiertes Multiplex-PCR-System	90 Min.	Ca. 30 Pathogene + Resistenzdetektion	Caspar et al. (2024); Kramme et al. (2025); Wolk et al. (2021)
T2Bacteria / T2Candida Panels	T2 Biosystems (USA)	T2-Magnetresonanz-Assay (direkt aus Vollblut)	3–5 Std.	Häufigste Sepsis-Erreger direkt aus Blut (Erregerspektrum: <i>E. faecium</i> , <i>S. aureus</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>A. baumannii</i> , <i>P. aeruginosa</i> , and <i>E. coli</i> and <i>C. albicans</i> / <i>C. tropicalis</i> , <i>C. krusei</i> / <i>C. glabrata</i> , and <i>C. parapsilosis</i>)	De Angelis et al. (2018); Lucignano et al. (2022)
Accelerate Pheno System	Accelerate Diagnostics (USA)	FISH-basierte Identifikation + mikroskopischer phänotypischer AST	5–7 Std.	Erregeridentifikation + Empfindlichkeitsprofil	Kramme et al. (2025); Chapot et al. (2021); Dare et al. (2021)
eazyplex System	Amplex Diagnostics (Deutschland)	Isothermale LAMP-Amplifikation	15–30 Min.	Pathogene & ausgewählte Resistenzgene (<i>mecA</i> , <i>bla</i> _{KPC} , <i>bla</i> _{NDM} , <i>bla</i> _{OXA-48-like} , <i>vanA/B</i>)	Bach et al. (2022); Boattini et al. (2025)

Kulturbasierte Methoden						
	Qvella FAST-System	Qvella Corporation (Kanada)	Direktnachweis (Nukleinsäure-Extraktion + PCR-ready)	2-3 Std.	Schnellisolation für nachgeschaltete PCR oder direkte MALDI-TOF	Penven et al. (2025); Sy et al. (2023)
	MALDI-TOF MS	Bruker Daltonics / bioMérieux	Massenspektrometrie-basierte Proteinprofilanalyse zur Erregeridentifikation Direkt aus der positiven Blutkulturflasche	3-4 Std.	Identifikation von Bakterien, Hefen und einigen Mykobakterien aus Kulturmateriail bzw. aus positiver Blutkultur nach Aufbereitung.	Chen et al. (2013); Buchan et al. (2012); Klein et al. (2012)
-	EUCAST-RAST + MALDI-TOF MS ID	European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST)	Disk-Diffusion-basiertes Resistenztestung und Speziesidentifikation über Massenspektrometrie	4–6 Std.	Beschleunigte phänotypische Empfindlichkeitstestung und Speziesidentifizierung aus positiver Blutkultur	Cherkaoui et al. (2022); Jasuja et al. (2021)

^a Zeitdauer nach der initialen Bebrütung der Blutkulturflaschen im Blutkulturautomaten.

^b ausgewählte Referenzen