

DOI:10.13350/j.cjpb.250409

• 论著 •

病原微生物与菌群特征在预测和诊断化脓性扁 桃体炎的价值研究

岳磊*, 刘云, 袁果, 郭宾

(南阳医学高等专科学校第一附属医院检验科, 河南南阳 473000)

【摘要】 目的 探究病原微生物与菌群特征在预测和诊断化脓性扁桃体炎中的应用价值。方法 选取148例疑似化脓性扁桃体炎患者,采集患者咽部分泌物,进行病原微生物的培养与鉴定,以综合诊断结果为判定标准,分为化脓性扁桃体炎组($n=67$)和非化脓性扁桃体炎组($n=81$),分析病原微生物与菌群特征在预测和诊断化脓性扁桃体炎中的临床价值。结果 经高通量测序分析,化脓性扁桃体炎组患者菌群Ace指数、Chao指数、Shannon指数低于非化脓性扁桃体炎组,Simpson指数高于非化脓性扁桃体炎组($P<0.05$);化脓性扁桃体炎组患者葡萄球菌属($\chi^2=6.473, P=0.011$)、嗜血杆菌属($\chi^2=15.457, P<0.001$)较非化脓性扁桃体炎组患者培养阳性率更高。化脓性扁桃体炎组患者流感嗜血杆菌、金黄色葡萄球菌、化脓性链球菌、EB病毒阳性检出率显著高于非化脓性扁桃体炎组($P<0.05$);以综合检查为判断标准,病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎的Kappa值=0.692, AUC为0.889。经Logistic回归分析,血清白细胞计数(WBC)、血小板计数(PLT)、C-反应蛋白(CRP)、单核细胞百分数(MONO)、中性粒细胞百分数(NEUT)、淋巴细胞百分数(LYM)水平高表达是诊断化脓性扁桃体炎的独立预测因子($P<0.05$)。结论 临床中通过病原微生物检测及菌群多样性分析较为准确的区分化脓性扁桃体炎。

【关键词】 化脓性扁桃体炎;病原微生物;菌群特征;诊断;预测

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2025)04-0455-05

[Journal of Pathogen Biology. 2025 Apr.;20(04):455-459.]

Clinical investigation of pathogenic microorganisms and bacterial flora characteristics for the prediction and diagnosis of suppurative tonsillitis

YUE Lei, LIU Yun, YUAN Guo, GUO Bin (Department of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Nanyang Medical College, Nanyang 473000, Henan, China)*

【Abstract】 **Objective** To investigate the application value of pathogenic microorganisms and microbial flora characteristics in the prediction and diagnosis of suppurative tonsillitis. **Methods** A total of 148 patients suspected of having suppurative tonsillitis were enrolled, and pharyngeal secretions were collected for the culture and identification of pathogenic microorganisms. Based on comprehensive diagnostic criteria, the patients were categorized into two groups: the suppurative tonsillitis group ($n=67$) and the non-suppurative tonsillitis group ($n=81$). The clinical significance of pathogenic microorganisms and microbial flora characteristics in the prediction and diagnosis of suppurative tonsillitis was evaluated. **Results** High-throughput sequencing analysis revealed that the Ace index, Chao index, and Shannon index of the suppurative tonsillitis group were significantly lower compared to the non-suppurative tonsillitis group, whereas the Simpson index was significantly higher ($P<0.05$). The culture positive rates for *Staphylococcus* ($\chi^2=6.473, P=0.011$) and *Haemophilus* ($\chi^2=15.457, P<0.001$) were significantly higher in the suppurative tonsillitis group compared to the non-suppurative tonsillitis group. Additionally, the detection rates of *Haemophilus influenzae*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, and EB virus were markedly elevated in the suppurative tonsillitis group relative to the non-suppurative tonsillitis group ($P<0.05$). Using the comprehensive examination as the reference standard, the Kappa value for the agreement between pathogenic microorganisms and flora characteristics in diagnosing suppurative tonsillitis was 0.692, with an AUC of 0.889. Logistic regression analysis revealed that elevated levels of serum white blood cell count (WBC), platelet count (PLT), C-reactive protein (CRP), monocyte percentage (MONO), neutrophil percentage (NEUT), and lymphocyte percentage (LYM) were significant independent predictors for diagnosing suppurative tonsillitis ($P<0.05$). **Conclusion** In clinical practice, suppurative tonsillitis can be more precisely differentiated through pathogenic microorganism detection and bacterial diversity analysis.

【Keywords】 suppurative tonsillitis; pathogenic microorganisms; characteristics of microbiota; diagnosis; forecasting

* **【通信作者(简介)】** 岳磊(1985-),男,河南西峡人,本科,主管技师,从事临床生化和分子生物方面工作。E-mail:wlk3064594@163.com

化脓性扁桃体炎指细菌或病毒等微生物感染引起的腭扁桃体急性化脓性炎症,具有起病急、进展快、易反复发作等特点,是社会各界关注的公共卫生问题^[1-2]。化脓性扁桃体炎是一种常呈散发性的疾病,可能是诸多因素相互作用为基础在群体中偶有暴发流行,当患者处于该病理状态下,会出现吞咽困难、高热、畏寒等一系列症状,若不及时有效的治疗随着疾病的进展,菌群特征随之变化,耐药菌随之产生,大大增加临床治疗难度^[3-4]。病原微生物是引起化脓性扁桃体炎的直接原因,近年来,随着分子生物学技术的发展,对病原微生物的检测和鉴定变得更加精确和快速,这对于早期诊断和治疗具有重要意义^[5-6]。既往研究已证实^[7-8],扁桃体炎患者的口腔和咽部菌群与健康人群存在显著差异,这些差异可能与病原微生物的定植和感染有关。但也有资料显示^[9-10],由于化脓性扁桃体炎好发于儿童时期,儿童免疫系统尚未发育完善,当处于该病理状态下,导致免疫力降低,会导致抗体产生延迟,甚至不产生抗体,这可导致患者相关抗体的筛查出现漏检,出现误诊、漏诊情况。因此,找到一种简便、快捷的化脓性扁桃体炎的诊断鉴别方式已经成为了临床研究的重点。

本研究纳入在医院进行检查的148例疑似化脓性扁桃体炎患者,评估病原微生物与菌群特征检查在化脓性扁桃体炎诊断中的应用价值,以期能为化脓性扁桃体炎的早期识别和精准治疗提供新的视角和工具。

材料与方法

1 一般资料

选取2022年1月-2023年12月148例疑似化脓性扁桃体炎患者作为研究对象,年龄3~14(7.26±1.83)岁,病程1~5 d,平均病程(3.15±0.67)d,体质指数(body mass index, BMI)(22.18±3.16) kg/m²。所有患者均因高热、咽痛、扁桃体肿大和/或脓性分泌物等症状入院就诊,自愿接受体格检查、血液检查及病原学检查等,患者家属支持。

本研究已经获得医院伦理委员会的审查和批准,符合国际伦理指南和当地法律法规的要求。

2 纳入与排除标准

2.1 纳入标准 ①年龄≥18岁,临床资料完整者;②对本研究研究目的及内容了解充分,自愿配合左右研究者;③初次发病就诊者。

2.2 排除标准 ①已确诊咽白喉、猩红热、单核细胞增多症性咽颊炎等症状相似疾病者;②合并病毒感染、肺炎、支气管炎等影响疾病者;③伴随大面积外伤(烧伤、烫伤等)诱发全身感染者;④临床相关资料及病史不全者。

3 临床相关资料收集

包括:年龄、性别、病程、症状体征(扁桃体肿大、扁桃体充血、咽部黏膜充血、淋巴结肿大、肝脾肿大、全身不适、发热、咽痛)、合并症(风湿热、急性肾炎)、扁桃体手术史、既往患病史、血清免疫球蛋白A(Immunoglobulin A, IgA)、免疫球蛋白M(Immunoglobulin M, IgM)、免疫球蛋白G(Immunoglobulin G, IgG)、白细胞计数(White blood cell Count, WBC)、血小板计数(Platelet, PLT)、C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、单核细胞百分数(Monocyte percentage, MONO)、中性粒细胞百分数(Neutrophil percentage, NEUT)、淋巴细胞百分数(Lymphocyte percentage, LYM)。

4 方法

4.1 样本收集 用口咽拭子法,采集所有患者咽部分泌物,均取3份样本,分别进行排序,其中两份分别立即送检验科进行培养鉴定和病理科进行病理组织学检查,另一份经样本处理后进行高通量测序。

4.2 病原微生物培养 经液化处理后,接种于普通琼脂、兔血琼脂以及沙氏培养基中培养,放置在恒温培养箱中进行培养。培养期间监测培养基的生长情况(菌落的形态、颜色、大小等);对于可疑菌落用血平板、巧克力琼脂和麦康凯琼脂培养基对于可疑菌落进行分离纯化,以获得纯净的微生物群体,再通过生化实验、免疫学方法、分子生物学技术对分离的微生物进行鉴定,同时对培养出的病原体进行抗生素敏感性测试。微生物及药敏鉴定采用BACT/ALERT 3D血培养分析仪和VITEK 2 COMPACT全自动细菌鉴定药敏系统。微生物培养标本的接种、分离等过程均由专业的检验科人员参照全国临床检验操作规程进行。

4.3 16S rRNA 基因高通量测序 将口咽拭子置于装有缓冲液的试管中,颠倒混匀后,取混合液1 mL,使用离心机分离上清液,取沉淀物洗涤2次后,将样本放入含有Trizol的离心管中,加入裂解缓冲液破坏细胞结构,使组织充分裂解,释放核酸,加入氯仿,剧烈震荡后离心,分离水相和有机相,吸取上层水相,加入异丙醇,混匀后静置,使核酸沉淀,离心后弃去上清液,用预冷的75%无水乙醇洗涤沉淀,二次离心后弃去上清液,将沉淀物晾干,使用DEPC水重悬核酸,提取样本中的DNA或RNA,再用NanoDrop等仪器测定核酸的浓度和纯度。将提取的DNA片段化,可通过酶切或物理方法打断DNA片段,用末端修复酶将DNA片段的末端进行修复,将DNA片段连接到测序适配体上,形成DNA适配体复合物,根据PCR试剂盒使用特异性引物序列(上游引物:5'-TATT(C/G)GC-TTAGAAAATTAA-3',下游引物:5'-GCAAGTT-

CTTCAGCTTGTTT-3') 对基因片段运用 ABI GeneAmp 9700 PCR 仪进行扩增, 保证 DNA 浓度 $\geq 10 \text{ ng}/\mu\text{L}$ 。再用 PCR 扩增技术对 DNA 适配体复合物进行扩增, 获得足够的文库量构建成适合测序平台的文库; 在测序前, 对文库进行定量, 以确定上机测序的文库浓度, 测序完成后, 对产生的大量原始数据进行质量控制、序列比对、变异检测、注释等生物信息学分析。

5 分组

统计 148 例患者综合检查的判定结果, 分为化脓性扁桃体炎组 ($n=67$) 和非化脓性扁桃体炎组 ($n=81$)。

6 统计学分析

采用 SPSS 26.0 统计学软件进行数据分析。计数资料以 $n(\%)$ 描述, 行 χ^2 检验; 计量资料以 $(\bar{x} \pm s)$ 描述, 比较采用独立样本 t 检验。采用 Kappa 一致性检验分析病原微生物与菌群特征检查结果与综合诊断结果一致性, 绘制受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线分析病原微生物与菌群特征对化脓性扁桃体炎的诊断效能。采用多因素 logistic 回归分析影响化脓性扁桃体炎发生发展的危险因素。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果

1 一般资料

化脓性扁桃体炎组患者合并风湿热占比、合并急性肾炎占比、血清 WBC、PLT、CRP、MONO、NEUT、LYM 水平高于非化脓性扁桃体炎组 ($P < 0.05$)。见表 1。

2 菌群特征 α 多样性和 β 多样性相关指数分析

化脓性扁桃体炎组患者菌群 Ace 指数、Chao 指数、Shannon 指数低于非化脓性扁桃体炎组, Simpson 指数高于非化脓性扁桃体炎组 ($P < 0.05$)。见表 2。

3 主要病原菌属分布情况

化脓性扁桃体炎组 67 例患者咽拭子细菌培养阳性的菌属占比排列: 链球菌属 (31%)、葡萄球菌属 (21%)、奈瑟菌属 (17%)、嗜血杆菌属 (12%)、埃希菌属 (11%)、棒状杆菌属 (4%) 和克雷伯菌属 (4%); 非化脓性扁桃体炎组 81 例患者咽拭子细菌培养阳性的菌属占比排列: 链球菌属 (41%)、奈瑟菌属 (21%)、葡萄球菌属 (16%)、埃希菌属 (11%)、棒状杆菌属 (5%)、嗜血杆菌属 (3%) 和不动杆菌属 (3%)。

化脓性扁桃体炎组患者葡萄球菌属 ($\chi^2 = 6.473, P = 0.011$)、嗜血杆菌属 ($\chi^2 = 15.457, P < 0.001$) 较非化脓性扁桃体炎组患者培养阳性率更高。

化脓性扁桃体炎组患者流感嗜血杆菌、金黄色葡

萄球菌、化脓性链球菌、EB 病毒阳性检出率显著高于非化脓性扁桃体炎组 ($P < 0.05$)。见表 3。

表 1 一般资料
Table 1 General Information

观察指标	化脓性 扁桃体炎组 ($n=67$)	非化脓性 扁桃体炎组 ($n=81$)	χ^2/t	P	
年龄(岁, $\bar{x} \pm s$)	7.05 \pm 1.67	7.34 \pm 1.34	1.172	0.243	
性别[$n(\%)$]	男	42(62.69)	48(59.26)	0.181	0.671
	女	25(37.31)	33(40.74)		
病程(d, $\bar{x} \pm s$)	3.14 \pm 0.61	3.20 \pm 0.57	0.617	0.538	
症状体征[$n(\%)$]	扁桃体肿大	58(85.57)	65(78.31)	1.711	0.191
	扁桃体充血	48(71.64)	55(66.27)	0.498	0.480
	咽部黏膜充血	42(62.69)	59(71.08)	1.189	0.276
	淋巴结肿大	56(84.85)	61(75.31)	2.038	0.153
	肝脾肿大	19(28.36)	26(32.10)	0.242	0.622
	全身不适	29(43.28)	41(49.40)	0.557	0.456
	发热	57(77.61)	68(78.16)	0.007	0.935
合并症[$n(\%)$]	咽痛	65(97.01)	76(93.83)	0.827	0.363
	风湿热	38(56.72)	26(32.10)	9.054	0.003
扁桃体手术史[$n(\%)$]	急性肾炎	40(59.70)	27(33.33)	10.290	0.001
	是	12(17.91)	10(12.35)	0.897	0.343
既往患病史[$n(\%)$]	否	55(82.09)	71(87.65)		
	是	27(40.30)	26(32.10)	1.073	0.300
否	40(59.70)	55(67.90)			
WBC($\times 10^9/L, \bar{x} \pm s$)	16.58 \pm 1.59	13.16 \pm 1.74	12.372	<0.001	
PLT($\times 10^9/L, \bar{x} \pm s$)	219.87 \pm 20.76	199.87 \pm 19.96	5.958	<0.001	
CRP(g/L, $\bar{x} \pm s$)	19.89 \pm 6.62	16.85 \pm 6.12	2.899	0.004	
MONO($\%, \bar{x} \pm s$)	24.36 \pm 3.16	16.16 \pm 3.47	14.896	<0.001	
NEUT($\%, \bar{x} \pm s$)	85.79 \pm 12.35	77.69 \pm 9.87	4.435	<0.001	
LYM($\%, \bar{x} \pm s$)	63.68 \pm 8.65	58.74 \pm 9.12	3.357	0.001	
ESR(mm/h, $\bar{x} \pm s$)	18.91 \pm 3.37	17.16 \pm 3.12	3.275	0.001	

表 2 菌群特征菌群 α 多样性和 β 多样性相关指数分析
Table 2 Analysis of the correlation indices between α -diversity and beta-diversity in bacterial communities

组别	Ace 指数	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
化脓性扁桃体炎组 ($n=67$)	207.26 \pm 23.35	197.64 \pm 41.37	2.27 \pm 0.67	0.25 \pm 0.07
非化脓性扁桃体炎组 ($n=81$)	241.31 \pm 25.31	231.49 \pm 40.68	3.53 \pm 0.90	0.13 \pm 0.03
t	8.435	5.000	9.487	13.963
P	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

4 诊断效能及 ROC 曲线分析

以综合检查为判断标准, 病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎的 Kappa 值 = 0.692, 病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎灵敏度 70.00%、特异度 83.82%, 准确的 76.35%, AUC 为 0.889 (95% CI: 0.725~0.928)。见图 1。

5 多因素 logistic 回归分析

将表 1 中有统计学差异的指标作为自变量 (X), 确诊为化脓性扁桃体炎为因变量 (Y): 发生记为 1、未发生记为 0, 经 Logistic 回归分析结果显示, 血清 WBC、PLT、CRP、MONO、NEUT、LYM 水平高表达是诊断化脓性扁桃体炎的独立预测因子 ($P < 0.05$)。见表 4。

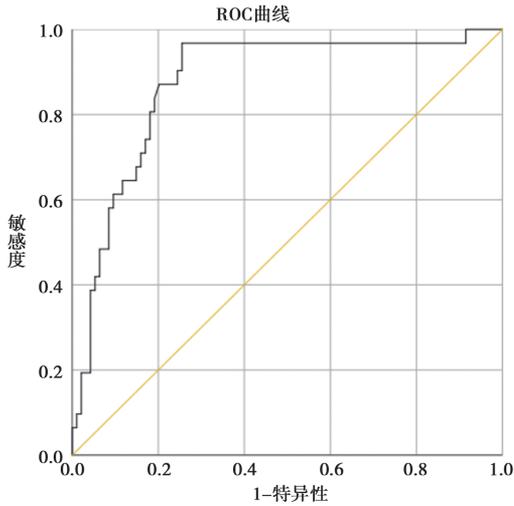


图1 病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体的 ROC 曲线
Fig.1 ROC curve analysis of pathogenic microorganisms and bacterial flora characteristics in the diagnosis of suppurative tonsillitis

表3 主要病原菌分布情况[n(%)]
Table 3 Prevalence and distribution of key pathogens

病原菌名称	化脓性 扁桃体炎组 (n=67)	非化脓性 扁桃体炎组 (n=81)	χ^2	P
革兰阴性杆菌				
流感嗜血杆菌	65(97.01)	62(76.54)	7.776	0.005
卡他不兰菌	47(70.15)	60(74.07)	0.282	0.595
革兰阳性杆菌				
金黄色葡萄球菌	63(94.03)	66(81.48)	5.160	0.023
肺炎链球菌	45(67.16)	51(62.96)	0.284	0.594
化脓性链球菌	66(98.51)	43(51.81)	40.707	<0.001
星座链球菌	33(49.25)	42(51.85)	0.099	0.753
病毒				
EB病毒	61(91.04)	55(67.90)	11.590	0.001
鼻病毒	34(50.75)	42(51.85)	0.018	0.893
流感病毒	45(67.16)	52(64.20)	0.143	0.705
腺病毒	51(76.12)	63(65.43)	2.005	0.157
单纯性疱疹病毒	26(39.39)	37(45.68)	0.587	0.444
其他类型的细菌或微生物	36(53.73)	46(56.79)	0.139	0.709

表4 多因素 Logistic 回归分析
Table 4 Multivariate logistic regression analysis was conducted

变量	β 值	SE	Wald χ^2 值	OR 值	95%CI		P 值
					下限	上限	
WBC	1.113	0.301	13.673	3.043	1.411	4.676	0.002
PLT	2.102	0.519	16.403	8.183	0.986	15.379	<0.001
CRP	1.138	0.423	7.238	3.121	1.222	4.166	0.001
MONO	1.369	0.346	15.655	3.931	1.326	3.059	<0.001
NEUT	1.771	0.468	14.320	5.877	1.247	10.506	<0.001
LYM	3.126	0.589	28.167	22.783	1.352	44.213	<0.001

讨论

近年来,随着分子生物学技术的飞速发展,病原微生物的检测方法得到了显著革新,实现病原微生物快速鉴定,为临床感染性疾病提供数据支持^[11-12]。本研究纳入 148 例疑似化脓性扁桃体炎患者为研究对象,

通过病原微生物检查、血清学检查等结果,67 例确诊为化脓性扁桃体炎,占 45.27%,提示医务人员在面对疑似化脓性扁桃体炎的患者时,需要考虑到其他可能的诊断,并进行相应的检查和评估,以确保正确诊断和治疗。

本研究结果显示,67 例化脓性扁桃体炎患者咽拭子细菌培养阳性的菌属占比排列为链球菌属、葡萄球菌属、奈瑟菌属、嗜血杆菌属、埃希菌属、棒状杆菌属和克雷伯菌属,提示化脓性扁桃体炎的主要致病菌以链球菌属为主^[13]。其中葡萄球菌属和链球菌属均为革兰阳性菌,阳性检出率高说明了革兰阳性菌在化脓性扁桃体炎中占有重要地位^[13-14];奈瑟菌属、嗜血杆菌属、埃希菌属和克雷伯菌属均为革兰阴性菌,表明革兰阴性菌也在化脓性扁桃体炎中扮演一定的角色,棒状杆菌属的出现进一步说明了咽部菌群的复杂性、多样性;上述菌属的同时出现,提示化脓性扁桃体炎可能涉及细菌和病毒的混合感染,或由外界侵入的细菌及隐藏在扁桃体隐窝内的细菌共同引起^[15]。67 例患者共检出 11 种阳性率较高主要致病菌,提示化脓性扁桃体炎的发生存在多种细菌和病毒的混合感染情况,显示了扁桃体炎病原体的多样性,细菌和病毒的同时存在可能加剧了炎症反应,增加了治疗的难度,也可能影响疾病的严重程度和病程,由于涉及多种病原体,治疗时需要综合考虑抗细菌和抗病毒治疗,增加了治疗方案的设计和选择的复杂性,些病原体的检出可能对临床诊断和治疗有重要指导意义^[16-17]。

本研究结果还显示,化脓性扁桃体炎组患者口咽拭子菌群 Ace 指数、Chao 指数、Shannon 指数低于非化脓性扁桃体炎组,Simpson 指数高于非化脓性扁桃体炎组,反映了疾病状态下微生物群落的失衡状态。其中 Ace 指数^[18]和 Chao 指数^[19]常用于评估群落中物种丰富度,低水平表明化脓性扁桃体炎组患者口咽微生物群落中物种数量较少;Shannon 指数可反映菌群种类丰富度和均匀度,低水平表明化脓性扁桃体炎组的微生物群落多样性降低,可能意味着某些物种在群落中占主导地位,而其他物种数量较少,提示化脓性扁桃体炎患者菌群物种分布的不均匀性^[20]。鉴于此,本研究探索了病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎的诊断效能,结果显示,采用病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎的灵敏度 70.00%、特异度 83.82%,准确的 76.35%,AUC 为 0.889,说明了该检查方式具有较高的诊断准确性。但以综合诊断结果为判定标准,病原微生物与菌群特征检查诊断化脓性扁桃体炎的检出情况与最终判定结果的 Kappa 值=0.692,说明病原微生物与菌群特征检查在预测化脓性扁桃体炎的发生中存在一定限制,临

床可进一步探究。另外,作者在实践中发现,血清WBC、PLT、CRP、MONO、NEUT、LYM水平高表达是诊断化脓性扁桃体炎的独立预测因子,意味着排除其他可能的混杂因素后,上述指标仍与化脓性扁桃体炎有显著的关联,为化脓性扁桃体炎的诊治提供了更多靶点,医务工作者可早期监测。

综上所述,化脓性扁桃体炎的病原微生物和菌群特征对于诊断和理解该疾病具有重要意义,特定的细菌和病毒在化脓性扁桃体炎中扮演着关键角色,而某些血清学指标可以作为独立的预测因子来辅助诊断。

【参考文献】

- [1] Smith KL, Hughes R, Myrex P. Tonsillitis and tonsilloliths: Diagnosis and management[J]. *Am Fam Physician*, 2023, 107(1):35-41.
- [2] Black DL, Sears R. Peritonsillar abscess[J]. *JAAPA*, 2024, 37(1):1-2.
- [3] Heikkinen J, Nurminen J, Velhonoja J, et al. MRI Findings in acute tonsillar infections[J]. *AJNR Am J Neuroradiol*. 2022, 43(2):286-291.
- [4] 周津之, 鲁宁. 急性化脓性扁桃体炎患儿血清淀粉样蛋白A, 白细胞介素6及降钙素原的表达及临床意义[J]. *中国耳鼻咽喉头颈外科*, 2024, 31(3):175-178.
- [5] 江宗群, 蒋海花, 杨小伍, 等. 65例B55型腺病毒肺炎临床特征分析[J]. *生命科学仪器*, 2022, 20(S1):96.
- [6] 蔡晶娟, 余春丽, 卢亚陵, 等. 病原菌检测在急性呼吸系统感染性疾病患儿中的应用价值[J]. *检验医学与临床*, 2021, 18(17):2508-2511, 2516.
- [7] 赵伟亚. 呼吸道感染儿童与健康儿童口咽部菌群差异性分析[D]. 河北医科大学, 2021.
- [8] Garcia-Callejo FJ, Alba-Garcia JR, Orozco-Nunez S, et al. Healthcare aspects of peritonsillar infection before and during the COVID-19 pandemic[J]. *Acta Otorrinolaringol Esp (Engl Ed)*, 2023, 74(2):108-115.
- [9] Bar-Yishay M, Yehoshua I, Bilitzky A, et al. Treatment outcomes of acute streptococcal tonsillitis according to antibiotic treatment. A retrospective analysis of 242,366 cases treated in the community. *Eur J Gen Pract*. 2022, 28(1):142-149.
- [10] Karaca R, Karaca S. Tonsillar actinomycosis that mimics tonsillar neoplasm[J]. *Oral Radiol*, 2022, 38(1):171-174.
- [11] 余昇昇, 陈颖, 邓可斌, 等. 肺炎支原体合并乙型流感病毒感染致急性化脓性扁桃体炎1例并文献复习[J]. *山东大学耳鼻喉眼学报*, 2023, 37(3):64-66, 82.
- [12] Valentino WL, Lafferty D, Terk A. Acute bilateral peritonsillar abscesses[J]. *Ear Nose Throat J*, 2020, 99(10):NP129-NP130.
- [13] 禹定乐, 梁云梅, 卢清华, 等. 深圳儿童酿脓链球菌分离株多基因序列分型[J]. *中华实用儿科临床杂志*, 2022, 37(4):295-298.
- [14] Klug TE, Greve T, Hentze M. Complications of peritonsillar abscess[J]. *Ann Clin Microbiol Antimicrob*, 2020, 19(1):32.
- [15] 孙梦玲, 牛勋, 杨修平, 等. EB病毒与儿童扁桃体腺样体肥大的相关研究现状[J]. *临床耳鼻咽喉头颈外科杂志*, 2021, 35(5):477-480.
- [16] Unal O, Kumbul YC, Akin V. Importance of biomarkers in streptococcal acute tonsillitis & peritonsillar abscess [J]. *Indian J Med Res*, 2024, 159(6):637-643.
- [17] 梁乐平, 赵倩倩. 急性化脓性扁桃体炎患者咽部菌群特征[J]. *中国微生态学杂志*, 2021, 33(11):1321-1325.
- [18] Ye G, Yang W, Bi Z, et al. Effects of a high-phosphorus diet on the gut microbiota in CKD rats[J]. *Ren Fail*, 2021, 43(1):1577-1587.
- [19] Lu WW, Fu TX, Wang Q, et al. The effect of total glucoside of paeony on gut microbiota in NOD mice with Sjogren's syndrome based on high-throughput sequencing of 16S rRNA gene[J]. *Chin Med*, 2020, 15:61.
- [20] 金丹, 刘伟. 慢性扁桃体炎致病菌群分析[J]. *临床军医杂志*, 2021, 49(3):316-317.

【收稿日期】 2024-11-14 【修回日期】 2025-01-30