

基于高通量测序的5种中药饮片微生物多样性研究

李文靖*, 钟燕飞, 朱欢敏, 李趣嫦

广东省药品检验所, 广东 广州

收稿日期: 2026年4月24日; 录用日期: 2026年5月22日; 发布日期: 2026年5月29日

摘要

目的: 运用16S rRNA与ITS高通量测序技术对中药饮片污染微生物种群进行分析。方法: 根据《中国药典》2025版对车前子、菊花、桑叶、茵陈及郁金5种中药饮片的控制菌进行检查, 采用质谱进行鉴定, 同时借助16S rRNA与ITS高通量测序技术进行测序, 获得细菌和真菌的物种组成、物种丰度、群落比较等信息。结果: 1) 通过质谱鉴定发现, 5种中药饮片检出肠杆菌属、克雷伯氏菌属、芽孢杆菌属及克罗诺杆菌属等条件致病菌, 车前子和桑叶各有1批次、郁金3批次检出大肠埃希菌。2) 利用16S rRNA与ITS高通量测序技术检测得出, 5种中药饮片细菌共计435属296种, 车前子和菊花优势菌属为芽孢杆菌属, 桑叶优势菌属为鞘氨醇单胞菌属, 茵陈优势菌属为欧文氏菌属, 郁金优势菌属为欧文氏菌属和肠杆菌属; 真菌共计438属680种, 郁金、车前子、菊花优势菌为帚状曲霉和热带节担菌, 桑叶、茵陈优势菌为帚状曲霉。结论: 高通量测序方法结合传统培养方法, 进行中药饮片微生物多样性研究, 对饮片污染微生物风险评估及控制具有指导意义。

关键词

中药饮片, 高通量测序, 16S rRNA, ITS

Study on Microbial Diversity of Five Traditional Chinese Medicine Decoction Pieces Based on High-Throughput Sequencing

Wenjing Li*, Yanfei Zhong, Huanmin Zhu, Quchang Li

Guangdong Institute for Drug Control, Guangzhou Guangdong

Received: April 24, 2026; accepted: May 22, 2026; published: May 29, 2026

*第一作者。

文章引用: 李文靖, 钟燕飞, 朱欢敏, 李趣嫦. 基于高通量测序的5种中药饮片微生物多样性研究[J]. 药物资讯, 2026, 15(3): 271-283. DOI: 10.12677/pi.2026.153030

Abstract

Objective: Using 16S rRNA and ITS high-throughput sequencing technology, analyze the microbial population contaminated with five TCM decoction pieces. **Methods:** According to the 2025 edition of the *Chinese Pharmacopoeia*, the control bacteria of five TCM decoction pieces, namely *Plantaginis semen*, *Chrysanthemi flos*, *Mori folium*, *Artemisiae scopariae* Herba, and *Curcumae radix*, were examined. Mass spectrometry was used for identification, and 16S rRNA and ITS high-throughput sequencing techniques were used for sequencing to obtain information on the species composition, species abundance, and community comparison of bacterial and fungal. **Results:** 1) Through mass spectrometry identification, pathogenic bacteria such as *Escherichia coli*, *Klebsiella*, *Bacillus*, and *Cronobacter* were detected in five TCM decoction pieces. *Escherichia coli* was detected in 1 batch of *Plantaginis semen*, 1 batch of *Mori folium*, and 3 batches of *Curcumae radix*. 2) 16S rRNA and ITS high-throughput sequencing detected a total of 435 genera and 296 species of bacteria in five TCM decoction pieces. Among them, *Bacillus* was the dominant genus for *Plantaginis semen* and *Chrysanthemi flos*, *Sphingomonas* was the dominant genus for *Mori folium*, *Erwinia* was the dominant genus for *Artemisiae scopariae* Herba, and *Erwinia* and *Escherichia* were the dominant genera for *Curcumae radix*. There are a total of 438 genera and 680 species of fungi. The dominant fungi in *Curcumae radix*, *Plantaginis semen*, and *Chrysanthemi flos* are *Aspergillus niger* and *Fusarium oxysporum*, while the dominant fungi in *Mori folium* and *Artemisiae scopariae* Herba are *Aspergillus niger*. **Conclusion:** The high-throughput sequencing method combined with traditional cultivation methods is used to study the microbial diversity of traditional Chinese medicine decoction pieces, which has guiding significance for the risk assessment and control of microbial contamination in decoction pieces.

Keywords

TCM Decoction Pieces, High-Throughput Sequencing, 16S rRNA, ITS

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

中药饮片是中药材经过加工炮制而成可直接用于中医临床或制剂生产使用的处方药品[1]。其来源丰富,有天然植物、动物和矿物等,但受采收、加工、储存、运输等因素的影响,微生物污染情况较为复杂。车前子、茵陈、桑叶、菊花、郁金是岭南地区常用的中药饮片,该地区常年高温多雨、湿度大,利于微生物的生长繁殖。根据广东省药品检验所 2020~2023 年对 44 种岭南地区中药饮片微生物负载的研究,以及多篇报道中药饮片微生物污染的文献[2]-[4],大部分品种能检出耐热菌,部分中药饮片除了检测出《中国药典》2020 版要求的控制菌外,还能检测出一些致病菌。此外,饮片的真菌污染情况也不容忽视,少部分饮片出现黄曲霉污染的情况[5][6]。虽然大部分饮片是通过煎煮后再服用,但产生的真菌毒素并不能完全去除,患者服用后仍存在健康风险。因此,加强中药饮片的微生物控制尤其重要。

《中国药典》2020 版收录了中药饮片微生物限度检查法。随着微生物检测技术的发展,传统的微生物检测手段只能反映部分污染微生物情况,而通过质谱、Vitek 及基因测序等技术能鉴定出除了药典规定的控制菌以外的微生物,基因测序甚至能获得通过培养无法得到的微生物信息,在药品洁净环境控制和中药质量分析方面有着越来越广泛的应用[7]。本实验通过传统微生物检测手段结合质谱技术鉴定郁金、

茵陈、车前子、桑叶、菊花 5 种中药饮片负载的微生物, 并运用 16S rRNA 与 ITS 高通量测序技术对中药饮片污染细菌和真菌种群进行分析, 较全面地掌握了五种中药饮片微生物污染情况, 能为企业进行质量控制和风险管理、制定控制措施提供依据数据支持, 提高饮片的质量和保障用药安全, 有利于促进中药行业发展。

2. 材料与方法

2.1. 样品信息

车前子、茵陈、桑叶、菊花、郁金等五种岭南常用中药饮片, 一共 31 批次, 郁金编号为 YJ01-YJ08、茵陈编号为 YC01-YC05、车前子编号为 CQZ01-CQZ06、桑叶编号为 SY01-SY07、菊花编号为 JH01-JH05。中药饮片信息具体见表 1。

Table 1. The basic situation of five TCM decoction pieces

表 1. 5 种中药饮片的基本情况

类别	中药饮片	科属	分布	化学成分
果实种子类	车前子	车前科	江西、河南、黑龙江、辽宁、河北等	京尼平苷酸、毛蕊糖苷等
全草类	茵陈	菊属 菊科	山西、陕西、河北等	绿原酸、滨蒿内酯等
叶类	桑叶	桑属 桑科	全国大部分地区, 以长江中下游及四川盆地桑区为多	芦丁等
花类	菊花	菊科	四川、云南、贵州等	绿原酸、木犀草苷、3,5-O-二咖啡酰基奎宁酸等
块根类	郁金	姜科	浙江、四川、广东、广西、云南、福建、云南等	樟脑、倍半萜烯等

2.2. 仪器与试剂

全自动快速微生物质谱鉴定系统(布鲁克 microflex LRF)、基质(布鲁克 HCCA)、Novaseq 6000 测序仪(美国 Illumina)、T100PCR 扩增仪(美国 Bio-Rad)、安捷伦 Agilent 5400 生物分析仪(安捷伦科技公司)、Qubit Fluorometric Quantification (美国 Thermo Scientific)、DYCP-32C 型琼脂糖水平电泳仪(北京市六一仪器厂)、Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 缓冲液(美国 New England Biolabs)、酶: Phusion® High-Fidelity DNA polymerase (美国 New England Biolabs)、2% agarose gels (西班牙 biowest)、PCR 产物纯化 Universal DNA 纯化回收试剂盒(天根生化科技有限公司)、建库试剂盒进行文库的构建: NEB Next® Ultra DNA Library Prep Kit (美国 Illumina)、CTAB 方法提取样本 DNA (北京诺博莱德科技有限公司)。

2.3. 培养基

胰酪大豆胨琼脂培养基(批号: 221010)、胰酪大豆胨液体培养基(批号: 221222), 沙氏葡萄糖液体培养基(批号: 220223), 麦康凯琼脂培养基(批号: 220704), 肠道菌增菌液体培养基(批号: 2206242), 均来自广东环凯微生物科技有限公司。麦康凯液体培养基(批号: 1111831), RV 沙门菌增菌液体培养基(批号: 1106591), 木糖赖氨酸脱氧胆酸盐培养基(批号: 1104921), 紫红胆盐葡萄糖琼脂培养基(批号: 1101991), 均来自北京三药科技有限公司。

3. 实验方法

3.1. 控制菌检查

根据《中国药典》2025 版四部通则 1108 “中药饮片微生物限度检查法”对 5 个品种饮片进行控制菌方法适用性试验及检查[8]。经过试验，以上品种的控制菌按“2.3.2~2.3.4”项下进行控制菌检查。

3.1.1. 供试液制备

各称取 25 g，加入胰酪大豆胨液体培养基制备成 1:10 的供试液，置摇床中振摇 15 min。

3.1.2. 大肠埃希菌检查

取 1:10 供试液 10 mL 接种至 100 mL 胰酪大豆胨液体培养基中，依法检查。培养 24 h 后接种 0.1 mL 于麦康凯液体培养基进行增菌，培养 48 h 后划线接种于麦康凯琼脂培养基，依法检查。

3.1.3. 耐胆盐革兰阴性菌检查

取 1:10 供试液，20℃~25℃培养 2 h 并作为预培养物，取相当于 0.1 g、0.01 g 和 0.001 g 供试品的预培养物或其稀释液，分别接种至 10 mL 肠道菌增菌液体培养基中，依法检查。培养 48 h 后划线接种于紫红胆盐葡萄糖琼脂培养基，依法检查。

3.1.4. 沙门菌检查

取中药饮片 10 g，接种至 100 mL 胰酪大豆胨液体培养基中检查，振摇混匀，依法检查。培养 24 h 后接种 0.1 mL 于 RV 沙门菌增菌液体培养基进行增菌，培养 48 h 后划线接种于木糖赖氨酸脱氧胆酸盐琼脂培养基，依法检查。

3.2. 菌种鉴定

取“2.1”项下控制菌检查各项下选择性培养基上的菌落，划线于 TSA 平板上进行纯化培养，再采用全自动快速微生物质谱鉴定系统进行鉴定。

3.3. 高通量测序

3.3.1. DNA 抽提和 PCR 扩增

采用 CTAB 对样本的基因组 DNA 进行提取，之后利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度，取适量的样品于离心管中，使用无菌水稀释样品至 1 ng/μl。用 341F (5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3')和 806R (5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3')引物对 16S rRNA V3-V4 可变区进行 PCR 扩增，及用 ITS-1F-F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS-1F-R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')引物对 ITS-1F 区进行 PCR 扩增。扩增反应程序：98℃ 预变性 1 min；30 个循环包括(98℃，10 s；50℃，30 s；72℃，30 s)；72℃，5 min。

3.3.2. PCR 产物的纯化和混样

根据 PCR 产物浓度进行等量混样，充分混匀后使用 1xTAE2% 浓度的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物，对目的条带使用 Universal DNA 纯化回收试剂盒进行回收。

3.3.3. 文库构建和上机测序

使用 NEB Next® Ultra DNA Library Prep Kit 文库试剂盒进行文库构建，将构建好的文库使用安捷伦 5400 进行检测和 Q-PCR 定量；待文库合格后，使用 NovaSeq 6000 进行上机测序。

3.3.4. 信息分析

使用 Qiime2 软件对所有样品的全部原始序列进行质量控制，去噪、拼接、及去嵌合体，形成操作分

类单元(Operational Taxonomic Units, OUT), 选取代表性序列, 与数据库进行比对获得物种注释信息[9]。基于 OTU 的绝对丰度及注释信息, 对每个样品在分类水平界门纲目科属种(Kingdom, Phylum, Class, Order, Family, Genus, Species)上的序列进行统计, 评估样品的物种组成、不同样品的共同物种。

3.3.5. Alpha 多样性分析

运用 qiime2 diversity 插件进行 Alpha 多样性, 一般用 chao1 指数、Shannon 指数及 Faith's Phylogenetic Diversity 指数等来评估, 并绘制 Alpha 多样性稀释曲线和 Shannon 指数曲线。

4. 结果

4.1. 菌种鉴定

5 种中药饮片菌种质谱鉴定结果如表 2 所示:

Table 2. Mass spectrometry identification results of five TCM decoction pieces

表 2. 5 种中药饮片菌种质谱鉴定结果

序列	样品	属	种
1	车前子	肠杆菌属	大肠埃希菌、阴沟肠杆菌、神户肠杆菌、布拉克氏柠檬酸杆菌
		克雷伯氏菌属	肺炎克雷伯菌、变栖克雷伯菌
		芽孢杆菌属	枯草芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌、蜡样芽孢杆菌
		克罗诺杆菌属	克罗诺杆菌
		假单胞菌属	恶臭假单胞菌、蒙太利假单胞菌
2	茵陈	肠杆菌属	阴沟肠杆菌、神户肠杆菌、布干达肠杆菌
		克雷伯氏菌属	肺炎克雷伯菌、变栖克雷伯菌
		成团泛菌属	成团泛菌
		芽孢杆菌属	枯草芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、弯曲芽孢杆菌、短小芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌、蜡样芽孢杆菌、泊茨坦短芽孢杆菌
		假单胞菌属	高丽假单胞菌
3	桑叶	肠杆菌属	大肠埃希菌、阴沟肠杆菌生癌肠杆菌、布干达肠杆菌
		克雷伯氏菌属	产酸克雷伯菌
		成团泛菌属	成团泛菌、漫游成团泛菌
		不动杆菌属	洛菲不动杆菌
		芽孢杆菌属	地衣芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌
		假单胞菌属	恶臭假单胞菌、黄褐假单胞菌
4	菊花	肠杆菌属	阴沟肠杆菌、神户肠杆菌
		克雷伯氏菌属	肺炎克雷伯菌
		芽孢杆菌属	枯草芽孢杆菌、环状芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌、短小芽孢杆菌
		克罗诺杆菌属	克罗诺杆菌

续表

5	郁金	肠杆菌属	大肠埃希菌、阴沟肠杆菌
		克雷伯氏菌属	肺炎克雷伯菌、变栖克雷伯菌、产酸克雷伯菌
		不动杆菌属	鲍曼不动杆菌
		芽孢杆菌属	弯曲芽孢杆菌、环状芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌
		克罗诺杆菌属	克罗诺杆菌
		假单胞菌属	蒙太利假单胞菌

4.2. 16S rRNA 高通量测序结果

根据实验结果统计分析,从属水平上不同中药饮片细菌的群落结构分析显示(图 1),在车前子中负载最高的为乳杆菌属(Lactobacillus)和芽孢杆菌属(Bacillus),占比分别为 6.3%、4.8%;菊花样本中负载最高的为芽孢杆菌属(Bacillus),占比为 25.1%;桑叶样本中负载最高的为鞘氨醇单胞菌属(Sphingomonas),为 11.5%;茵陈负载最高的为欧文氏菌属(Erwinia)和鞘氨醇单胞菌属(Sphingomonas),占比分别为 11.2%、5.8%;郁金样本中负载最高的为欧文氏菌属(Erwinia)和肠杆菌属(Enterobacter),占比分别为 31.1%、24.2%。未分类微生物占比在 5 种饮片占比均大于 20%。

选取绝对丰度前 20 的物种对样品从分类信息和样品间差异两个层面进行横向进行聚类分析(图 2),

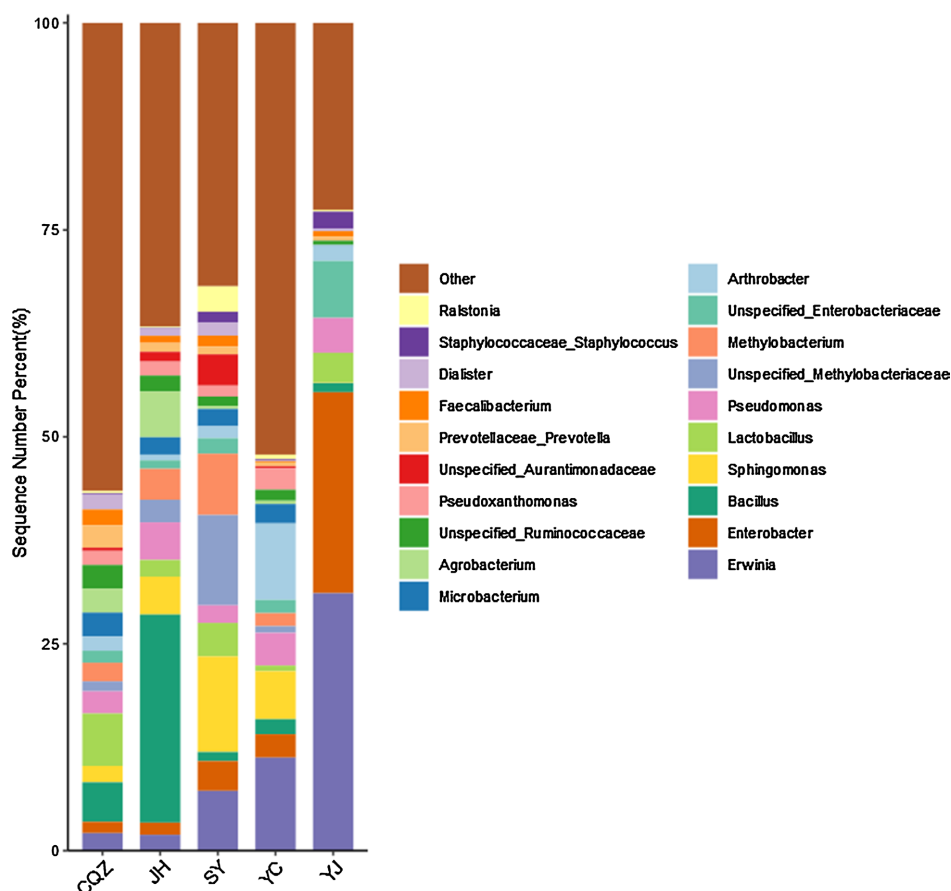


Figure 1. Relative abundance of bacteria at the genus level for five TCM decoction pieces

图 1. 5 种中药饮片属水平细菌相对丰度

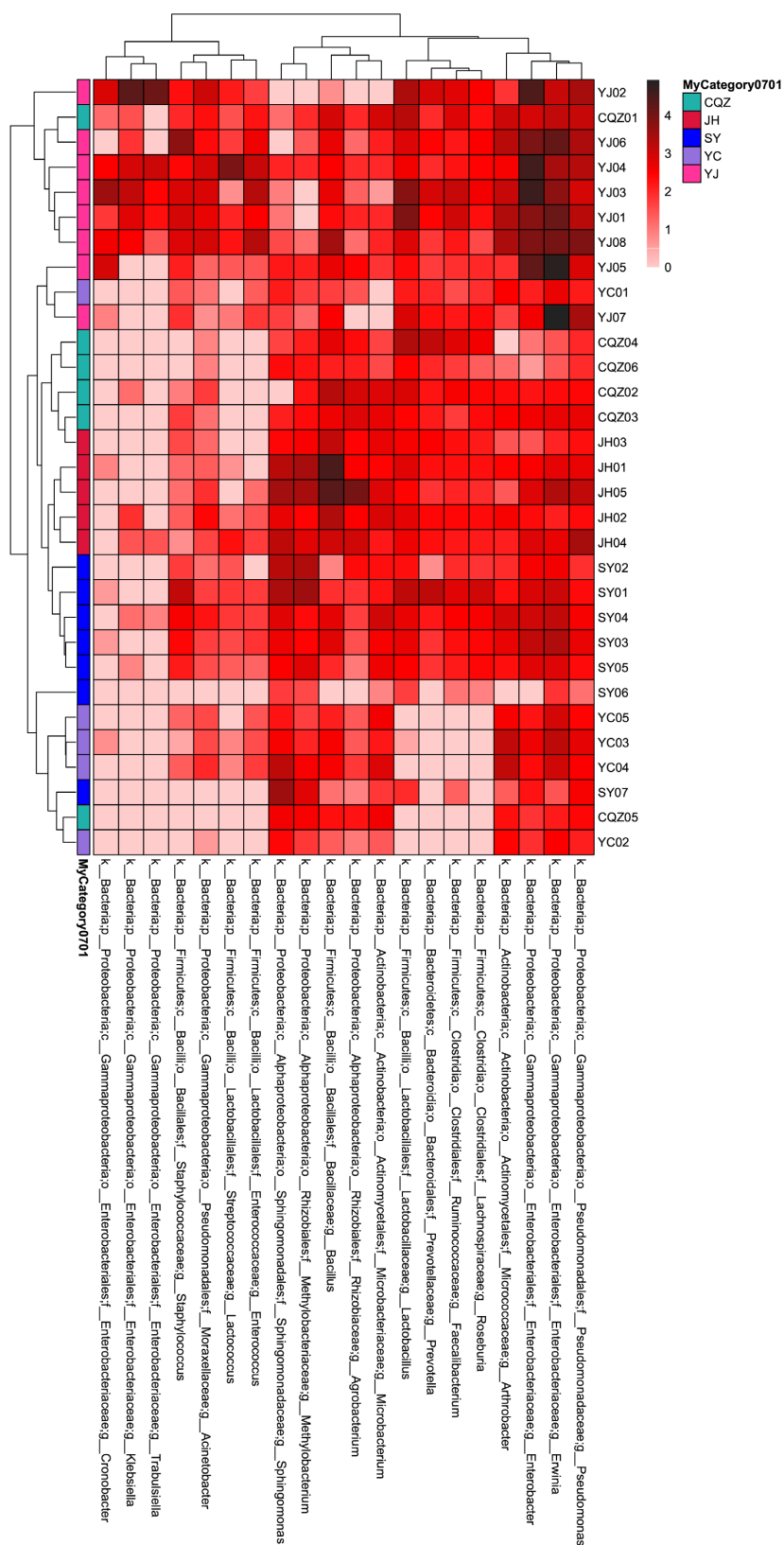


Figure 2. Heatmap of bacterial at genus level for five TCM decoction pieces
 图 2. 5 种中药饮片属水平细菌的热图

显示从属水平分类郁金香、菊花及桑叶具有明显的优势菌门一致性，茵陈、车前子不同批次的相关性不明显。根据图 3 的韦恩图显示 5 种饮片共有的特征序列一共有 177 个。chao1 指数反映物种丰富度，图 4 显示桑叶的物种丰富度最高，而菊花的物种均匀度是最高的，这也与前期微生物负载具有一定相关性。5 种饮片的 Shannon 指数曲线(图 5)趋于平坦，表明测序数据数量足够反映样品中绝大多数的细菌信息。

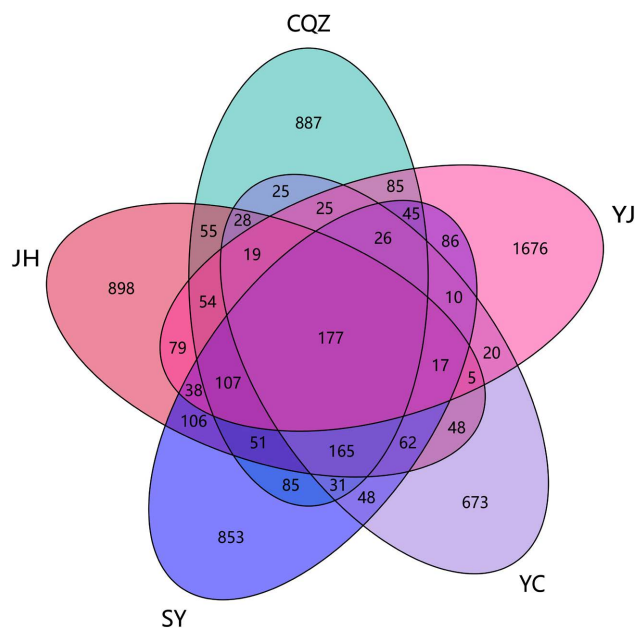


Figure 3. The Venn diagram of common or unique bacteria for five TCM decoction pieces
图 3. 5 种中药饮片共有或特有细菌韦恩图

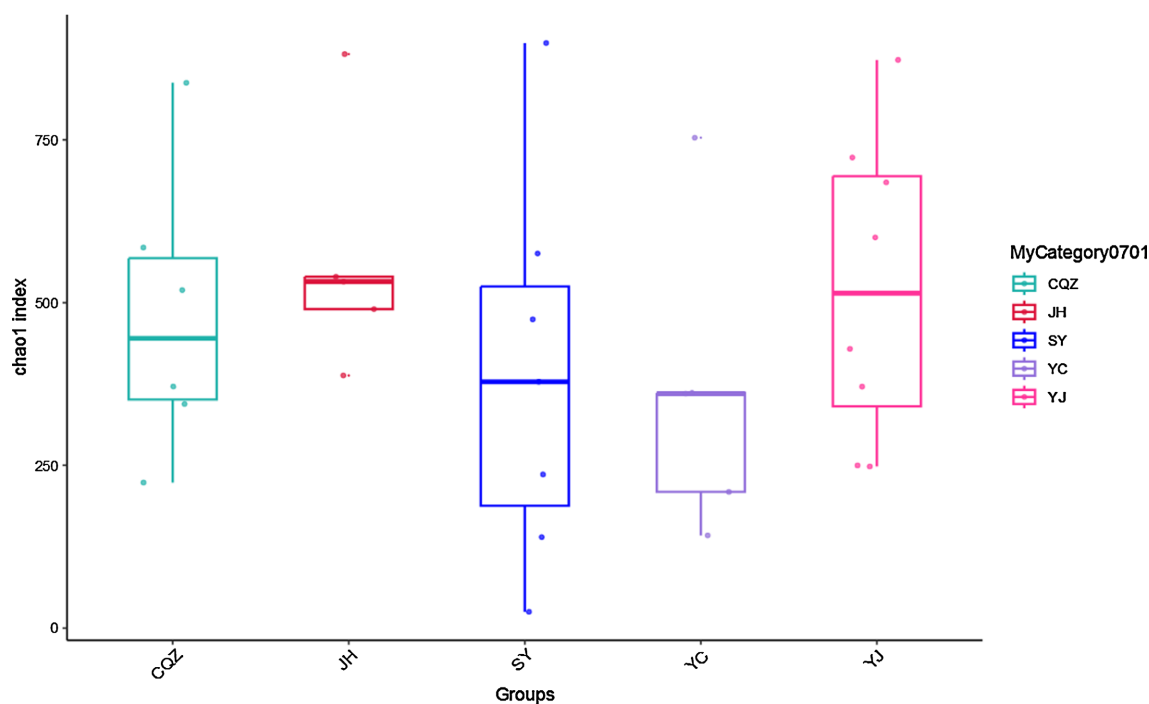


Figure 4. The box plot of chao1 index for bacteria of five TCM decoction pieces
图 4. 5 种中药饮片的细菌 chao1 指数箱型图

4.3. ITS 高通量测序结果

根据实验结果统计分析,从种水平上分析更能显示不同中药饮片真菌的群落结构(图 6),在饮片负载的帚状曲霉(*Aspergillus_penicillioides*),各饮片占比分别为郁金 22.2%、桑叶 18.6%、车前子 13.2%、茵陈 4.9%、菊花 2.3%;热带节担菌(*Wallemia_tropicalis*)各饮片占比分别为郁金 12.6%,车前子 8.1%,菊花 7.4%;线黑粉菌属(*Filobasidium_sp*)菊花占比为 7.2%,明显高于其余 4 种饮片。

通过图 7 中的聚类树可以看出,以属水平优势真菌进行聚类分析,除了桑叶外,其他 4 个品种的

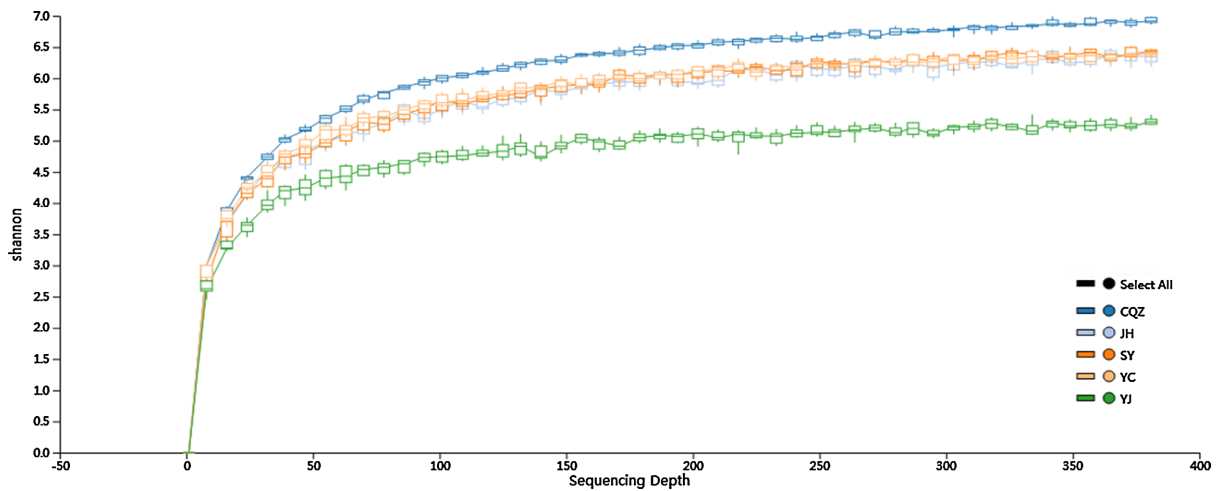


Figure 5. Shannon index curve of bacteria for five TCM decoction pieces

图 5. 5 种中药饮片的细菌 Shannon 指数曲线

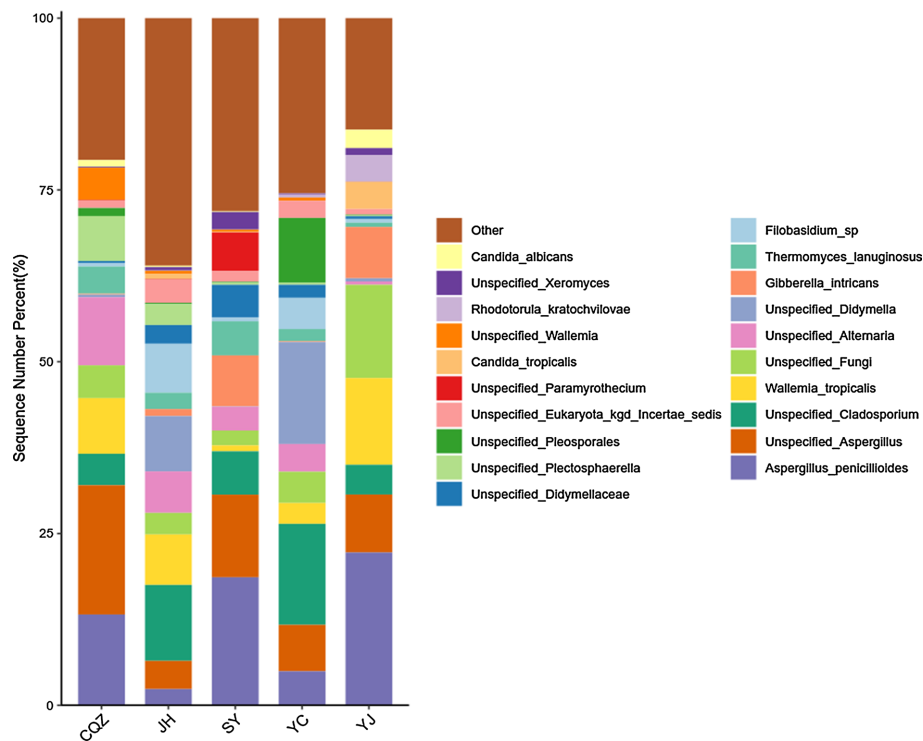


Figure 6. Relative abundance of fungal at the species level for five TCM decoction pieces

图 6. 5 种中药饮片种水平真菌相对丰度

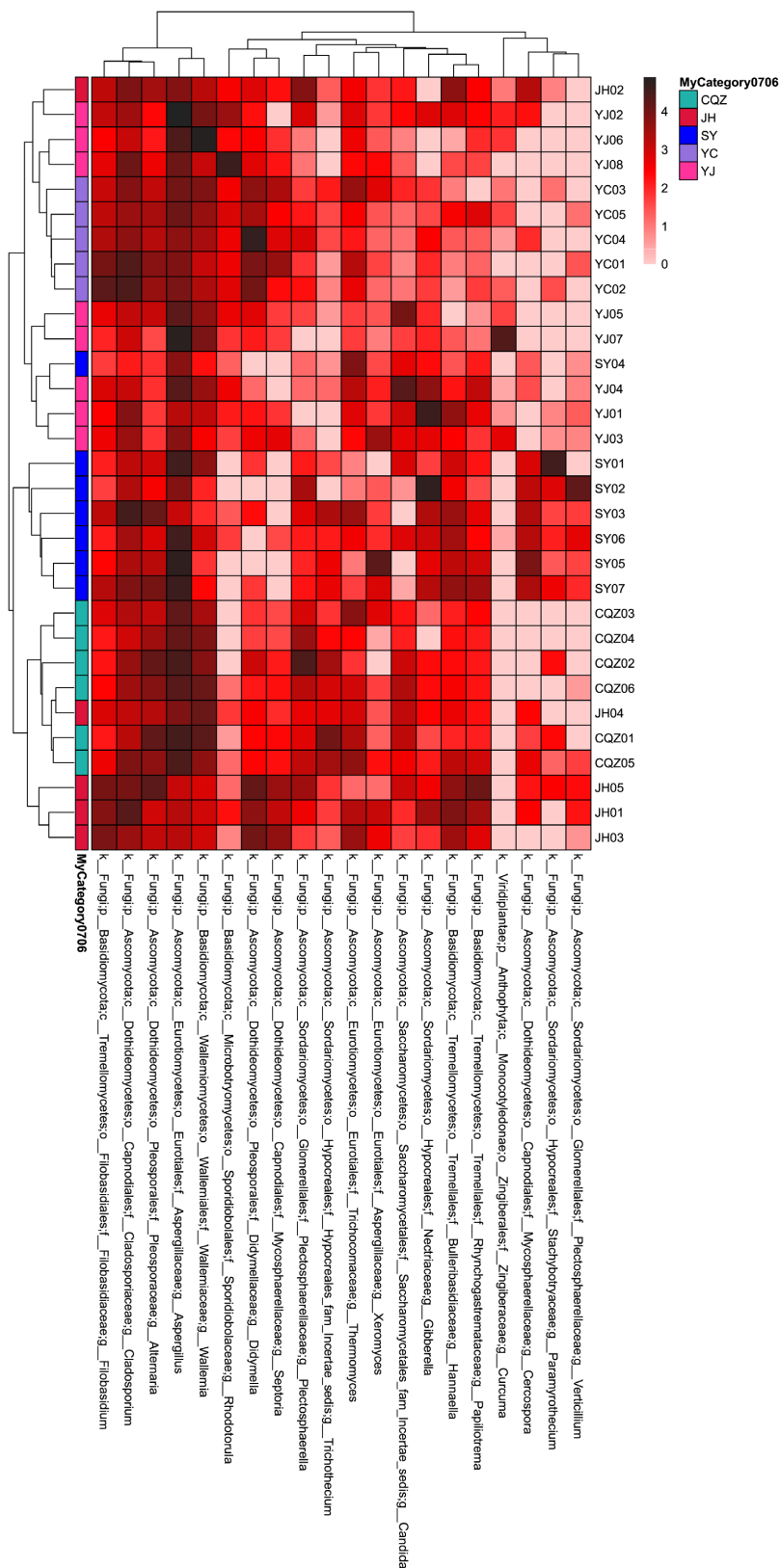


Figure 7. Heatmap of fungal at genus level for five TCM decoction pieces
 图 7. 5 种中药饮片属水平真菌的热图

饮片更具有优势菌门一致性, 图 8 显示五种饮片负载真菌共有的特征序列有 84 个, chao1 指数(图 9)看出, 茵陈的真菌物种丰富度相对较高, 而郁金的物种丰富度相对偏低, 菊花、郁金的物种均匀度相对比较高。5 种饮片的 Shannon 指数曲线(图 10)趋于平坦, 表明测序数据数量足够反映样品中绝大多数的真菌信息。

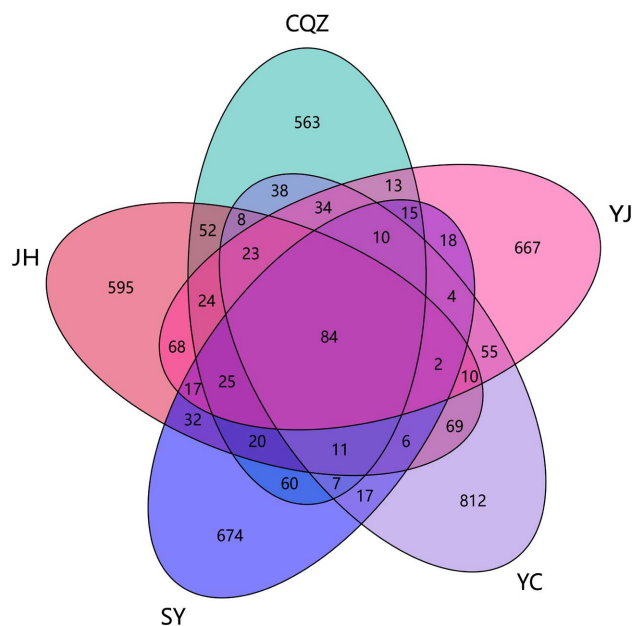


Figure 8. The Venn diagram of common or unique fungal for five TCM decoction pieces
图 8. 5 种中药饮片共有或特有真菌韦恩图

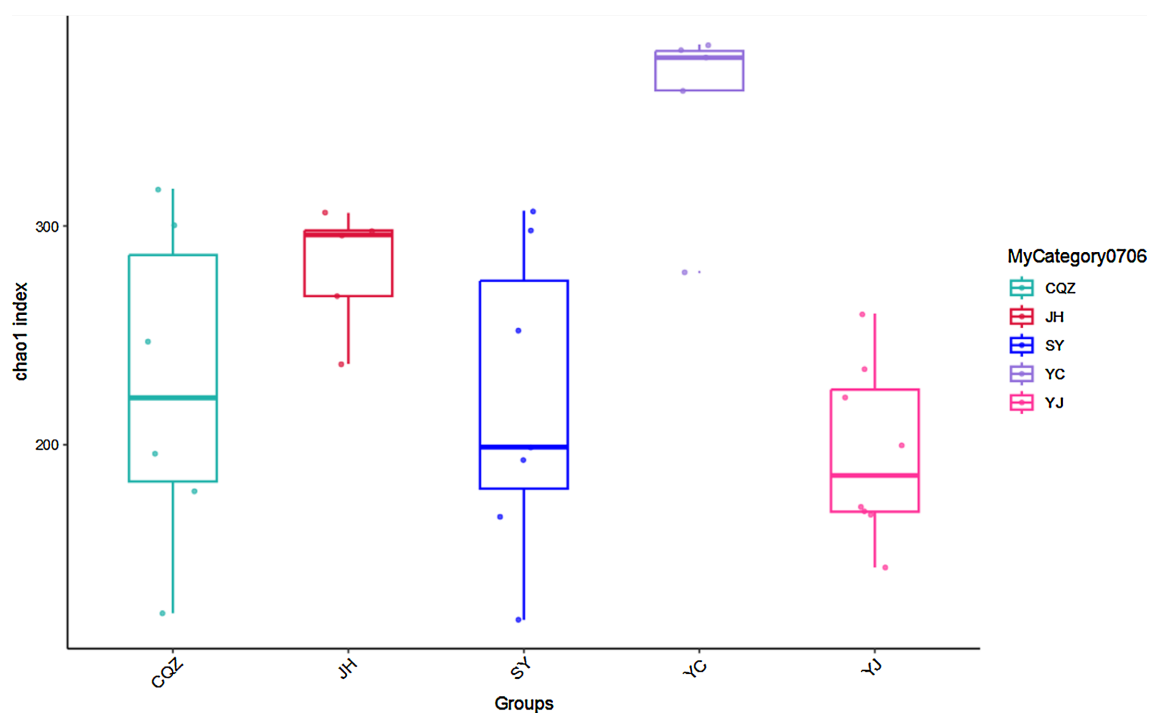


Figure 9. The box plot of chao1 index for fungal of five TCM decoction pieces
图 9. 5 种中药饮片的真菌 chao1 指数箱型图

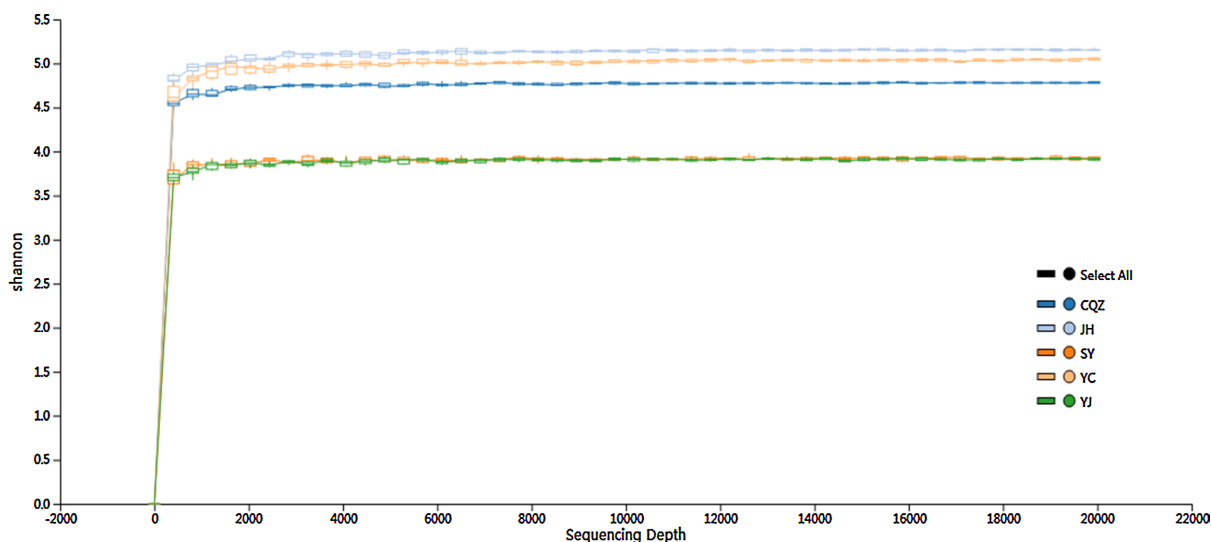


Figure 10. Shannon index curve of fungal for five TCM decoction pieces

图 10. 5 种中药饮片的真菌 Shannon 指数曲线

5. 讨论

五种中药饮片品种的控制菌鉴定结果显示,车前子和桑叶各有 1 批次、郁金 3 批次检出大肠埃希菌,检出率为(1/6) 16.7%、(1/7) 14.3%、(3/8) 37.5%。中药饮片负载多种致病菌以及一些条件致病菌,如克罗诺杆菌属、阴沟肠杆菌、肺炎克雷伯菌、蜡样芽孢杆菌等,其中肠杆菌属、克雷伯氏菌属、芽孢杆菌属检出率较高,推测这三类菌属微生物是这五种中药饮片风险较高的致病因子。

而宏基因组测序结果可以初步得到以下结论: 1) 郁金、桑叶及车前子负载的帚状曲霉较高,有研究表明该菌嗜高渗透压,只在干燥基物生长,包括室内灰尘,是否与饮片表面灰尘多具有相关性有待进一步研究。2) 菊花负载的芽孢杆菌相对于其它品种更高,推测与花类饮片净制工艺比较简单,从而难以有效去除大部分污染微生物有密切的关系,芽孢杆菌即使是经过 30 分钟煮沸加热仍不能去除,虽然对人致病的报道鲜少,但仍有部分菌株均具有致病性,如蜡样芽孢杆菌可致食物中毒[10],环状芽孢杆菌致化脓性感染[11],提示要加强这类饮片的生产工艺控制。3) 郁金负载的肠杆菌属明显高于其他品种,推测与采集加工的卫生条件差或运输储存环节缺乏保护措施导致污染有关。由此可见,不同中药饮片均具有不同属种水平的优势微生物,可针对优势菌属提出对不同中药饮片的微生物污染控制策略,例如规范的种植、净制加工、科学的灭菌措施以及合理的存储等手段,降低中药饮片污染微生物的风险,从而保障中药饮片及中药制剂的安全。

高通量测序方法能够对中药饮片微生物进行全面深入鉴定与分析,与传统培养方法相结合,联用其他鉴定手段,如 Vitek 鉴定系统、PCR、飞行质谱等,能更准确地评估中药饮片样本中污染微生物的风险,从而获得宝贵的菌种资源;针对潜在致病菌和产毒真菌可进行更为深入的危害机制研究,在中药饮片的污染微生物控制上具有指导意义,能为控制措施的建立提供数据支撑。但高通量测序方法也存在活死不分、定量不准、基质干扰、分辨率受限等缺点,因此,结合传统培养和其他鉴定手段联用更能全面反映中药饮片的微生物污染情况。

基金项目

广东省药品监督管理局科技创新项目(2024TDB02)。

参考文献

- [1] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典(一部 2020 年版) [S]. 北京: 中国医药科技出版社, 2020.
- [2] 邓海英, 龚勇祥, 李连凤, 邓雪丹, 唐诗, 康四和, 江珍玉. 中药饮片微生物污染现状及典型菌鉴定研究进展[J]. 中草药, 2019, 50(9): 2242-2250.
- [3] 张光华, 王似锦, 江志杰, 等. 北京地区销售的 10 种中药饮片微生物污染程度考察[J]. 中国药房, 2018, 29(14): 1940-1944.
- [4] 绳金房, 杨晓莉, 李辉. 陕西省 12 种中药饮片微生物污染调查及风险评估[J]. 西北药学杂志, 2016, 31(6): 608-612.
- [5] 孟杰亲, 李红霞, 罗雪梅, 等. 地龙饮片表面真菌的多样性研究[J]. 中国中药杂志, 2019, 44(20): 4433-4438.
- [6] 李闽真, 马群飞, 傅武胜. 市售中药材霉菌污染情况和优势种群分布的研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2013, 23(17): 3351-3356.
- [7] 张国林, 景荣先, 刘昆梅, 等. 新一代测序技术进展及其在药品质量控制中应用和发展趋势[J]. 药物分析杂志, 2021, 41(1): 1-12.
- [8] 中国药典 2020 年版 四部[S]. 北京: 中国医药科技出版社, 2020: 160-175.
- [9] DeSantis, T.Z., Hugenholtz, P., Larsen, N., Rojas, M., Brodie, E.L., Keller, K., *et al.* (2006) Greengenes, a Chimera-Checked 16S rRNA Gene Database and Workbench Compatible with ARB. *Applied and Environmental Microbiology*, **72**, 5069-5072. <https://doi.org/10.1128/aem.03006-05>
- [10] 江南, 苏彦萍, 赵凤玲, 等. 一起由蜡样芽胞杆菌致吐毒素引起的食物中毒案例分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2018, 28(19): 2402-2403.
- [11] 郭凤丽, 杨伟. 环状芽胞杆菌致乳腺脓肿 1 例[J]. 中华医院感染学杂志, 2007(7): 830.