

DOI:10.13350/j.cjpb.250619

• 临床研究 •

高危型人乳头瘤病毒感染患者阴道菌群分布特点分析*

杜娟, 王瀚, 刘晓丽, 高雪梅, 何啸兰**

(武汉市中西医结合医院(武汉市第一医院)产科, 湖北武汉 430000)

【摘要】 **目的** 探讨高危型人乳头瘤病毒(HR-HPV)感染对阴道菌群的影响,揭示其分布特点,为临床治疗提供参考依据。 **方法** 选取于本院行 HR-HPV 检查的 390 例女性患者为研究对象,采集患者宫颈细胞及阴道分泌物标本,进行 HR-HPV、阴道菌群分布及免疫球蛋白水平检测。对比分析不同分组患者,阴道菌群分布特点及免疫球蛋白水平。

结果 390 例行 HR-HPV 检查患者中,HP-HPV 阳性率为 22.05%(86/390)。86 例 HR-HPV 阳性患者中,主要为单一型感染(76.74%,66/86),以 HPV-16(26.74%,26/86)、HPV-18(19.77%,17/86)为主。20 例为复合型感染(23.26%,20/86),主要为 HPV-16+HPV-18(6.98%,6/86)和 HPV-16+HPV-33(5.81%,5/86)。HR-HPV 阳性组患者中,乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人型支原体、霉菌、淋球菌等检出率分别为 37.21%、34.88%、40.7%、32.56%、25.58%、15.12%、18.6%和 5.81%;HR-HPV 阴性组患者检出率分别为 16.78%、15.79%、13.82%、13.16%、11.84%、7.89%、10.86%和 3.95%。两组患者乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人性支原体检出率差异有统计学意义($P<0.05$),霉菌、淋球菌检出率差异无统计学意义($P>0.05$)。单一 HPV-16 阳性组患者检出率分别为 34.78%、39.13%、43.48%、39.13%、30.43%、21.74%、21.74%、4.35%;单一 HPV-18 阳性组患者检出率分别为 35.29%、29.41%、35.29%、23.53%、23.53%、17.65%、23.53%和 5.88%。其他 HR-HPV 阳性组患者检出率分别为 39.13%、34.78%、41.3%、32.61%、23.91%、10.87%、15.22%和 6.52%。不同 HR-HPV 感染患者阴道菌群分布特点差异无统计学意义($P>0.05$)。HPV-16 阳性组患者 IgA 水平为(19.54±2.99)g/L,IgG 水平为(95.89±9.95)g/L,IgM 水平为(17.73±3.07)g/L,IgA、IgG、IgM 水平均高于其他组,其中 IgM 水平差异有统计学意义($P<0.05$),IgA、IgG 水平差异无统计学意义($P>0.05$)。 **结论** HR-HPV 阳性患者主要为 HPV-16 阳性,其次为 HPV-18 阳性,其他 HR-HPV 阳性患者比例较低。HR-HPV 阳性患者阴道菌群失衡显著,不同基因型患者菌群分布虽无显著差异,但 IgM 水平升高提示免疫反应活跃,需重视菌群调理及免疫监控。

【关键词】 高危型人乳头瘤病毒;阴道菌群;免疫指标;HPV 基因型

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2025)06-0781-05

[*Journal of Pathogen Biology*. 2025 Jun.;20(06):781-785.]

Analysis on the distribution characteristics of vaginal flora in patients with high-risk human papillomavirus infection

DU Juan, WANG Han, LIU Xiaoli, GAO Xuemei, HE Xiaolan (Wuhan Hospital of Traditional Chinese and Western medicine(Wuhan No. 1 Hospital), Wuhan 430022, China)**

【Abstract】 **Objective** To explore the impact of high-risk human papillomavirus (HR-HPV) infection on vaginal flora and reveal its distribution characteristics, so as to provide reference basis for clinical treatment. **Methods** A total of 390 female patients who underwent HR-HPV examinations in our hospital were selected as the subjects. Specimens of cervical cells and vaginal secretions were collected to conduct tests on HR-HPV, the distribution of vaginal flora and the levels of immunoglobulins. The distribution characteristics of vaginal flora and the levels of immunoglobulins in patients of different groups were compared and analyzed. **Results** Among the 390 patients who underwent HR-HPV examinations, the positive rate of HR-HPV was 22.05% (86/390). Among the 86 patients with positive HR-HPV results, single-type infections accounted for the majority (76.74%, 66/86), mainly with HPV-16 (26.74%, 26/86) and HPV-18 (19.77%, 17/86). There were 20 cases of combined infections (23.26%, 20/86), mainly HPV-16 + HPV-18 (6.98%, 6/86) and HPV-16 + HPV-33 (5.81%, 5/86). In the HR-HPV positive group, the detection rates of abnormal *Lactobacillus*, *Ureaplasma urealyticum*, bacterial vaginitis, *Chlamydia*, *Trichomonas*, *Mycoplasma hominis*, mold and *Neisseria gonorrhoeae* were 37.21%, 34.88%, 40.7%, 32.56%, 25.58%, 15.12%, 18.6%, and 5.81%. In the HR-HPV negative group, the detection rates were 16.78%, 15.79%, 13.82%, 13.16%, 11.84%, 7.89%, 10.86%, and 3.95%. The

* **【基金项目】** 武汉市卫健委一般项目(No. WX17C06)。

** **【通信作者】** 何啸兰, E-mail: 2862948345@qq.com

【作者简介】 杜娟(1978-), 女, 湖北武汉人, 医学硕士, 副主任医师。研究方向: 高危妊娠。E-mail: 13986111964@163.com

differences in the detection rates of abnormal *Lactobacillus*, *U. urealyticum*, bacterial vaginitis, *Chlamydia*, *Trichomonas* and *M. hominis* between the two groups were statistically significant ($P < 0.05$), while the differences in the detection rates of mold and *N. gonorrhoeae* were not statistically significant ($P > 0.05$). In the group of patients with single positive HPV-16, the detection rates were 34.78%, 39.13%, 43.48%, 39.13%, 30.43%, 21.74%, 21.74%, and 4.35%. In the group of patients with single positive HPV-18, the detection rates were 35.29%, 29.41%, 35.29%, 23.53%, 23.53%, 17.65%, 23.53%, and 5.88%. In the group of other patients with positive HR-HPV, the detection rates were 39.13%, 34.78%, 41.3%, 32.61%, 23.91%, 10.87%, 15.22%, and 6.52%. There was no statistically significant difference in the comparison of the distribution characteristics of vaginal flora among patients with different HR-HPV infections ($P > 0.05$). In the group of patients with positive HPV-16, the level of IgA was (19.54 ± 2.99) g/L, the level of IgG was (95.89 ± 9.95) g/L, and the level of IgM was (17.73 ± 3.07) g/L. The levels of IgA, IgG and IgM were all higher than those in the other groups. Among them, the difference in the level of IgM was statistically significant ($P < 0.05$), while the differences in the levels of IgA and IgG were not statistically significant ($P > 0.05$). **Conclusion** Among patients with positive high-risk human papillomavirus (HR-HPV), the majority are positive for HPV-16, followed by those positive for HPV-18, and the proportion of patients positive for other types of HR-HPV was relatively low. The vaginal flora imbalance was significant in patients with positive HR-HPV. Although there was no significant difference in the distribution of flora among patients with different genotypes, the elevated level of IgM indicates an active immune response. Therefore, attention should be paid to the regulation of vaginal flora and immune monitoring.

【Keywords】 High-risk human papillomavirus; vaginal flora; immune indicators; HPV genotypes

人乳头状瘤病毒(Human papilloma virus, HPV)被认为是导致宫颈癌以及宫颈癌前病变的关键性因素之一,可以通过特定的感染途径传播,对女性健康构成了严重的威胁^[1]。HPV属于乳多空病毒科中的乳头瘤空泡病毒A属,具有小型环状结构的双链DNA,其基因型别繁多,迄今为止已经识别和分类的HPV基因亚型超过了200种^[2]。根据HPV与宫颈癌发病率之间的关联性,这些亚型可以被进一步划分为两大类:高危型HPV(High risk human papilloma virus, HR-HPV)和低危型HPV(Low risk human papilloma virus, LR-HPV)^[3]。HR-HPV主要包括HPV-16和HPV-18等亚型,其感染与宫颈癌发生密切相关^[4]。相关科学研究发现,HR-HPV感染导致的宫颈病变进展为严重疾病的风险显著高于LR-HPV感染^[5]。在大多数情况下,患者的身体免疫系统能够有效地清除体内的HPV病毒。然而,也存在一部分患者由于各种原因,无法彻底清除病毒,导致持续性的HPV感染,这种持续感染的状态使得这部分患者成为了宫颈癌的高风险人群,需要特别的关注和定期的医学检查^[6]。女性阴道微生态的平衡状态对于生殖系统的健康至关重要,它能够有效地抵抗病原菌的侵袭,并且有助于抑制炎症反应的发生^[7]。在女性的阴道微环境中,存在着多种细菌的定植现象,这些微生物菌群共同构成了一个复杂的生态系统,它们是维持阴道微生态平衡的关键因素^[8]。宫颈上皮细胞由于直接暴露在阴道微环境之中,因此对环境变化极为敏感。当病原菌感染发生或阴道微生态失衡时,这些情况极易导致阴道及宫颈细胞周期的紊乱,并且可能会破坏局部的免

疫防御功能,从而引发一系列的健康问题^[9-10]。研究表明,阴道微生态失衡不仅影响HPV感染的清除,还可能促进病毒基因整合,加速宫颈病变进程^[11]。因此,维护阴道微生态平衡对预防宫颈癌具有重要意义。本研究以本院行HR-HPV检查的女性患者为研究对象,采集患者宫颈细胞及阴道分泌物标本,对比分析不同分组患者,阴道菌群分布特点及免疫球蛋白水平,为临床治疗提供参考依据,结果报告如下。

对象与方法

1 研究对象

选取于武汉市中西医结合医院产科行HR-HPV检查的390例女性患者为本次研究对象。纳入标准:①年龄 ≥ 18 岁;②于本院进行HR-HPV检查者;③检查前48h内未发生性行为者;④临床资料完整。排除标准:①月经期;②妊娠期或哺乳期女性;③合并其他感染性疾病者;④拒绝配合参与本次研究者;⑤有HPV疫苗接种史者;⑥合并重要器官功能障碍者;⑦合并宫颈手术或子宫切除史者;⑧入院前3个月内有抗HPV治疗史;⑨合并免疫抑制性疾病者;⑩入院前3d内有阴道用药史者。

2 资料收集

通过院内电子病历系统收集患者基本信息、HR-HPV检测结果、阴道菌群分布数据及免疫球蛋白指标水平,确保资料完整、准确。

3 标本采集及HR-HPV检测及免疫球蛋白指标测定

嘱咐患者采样前3d内禁止性行为,处于非月经期进行标本采样。对患者外阴部进行常规消毒后,使用窥阴器暴露宫颈。清理宫颈口分泌物后,采用宫颈

细胞采集刷深入宫颈口内,旋转刮取3圈,采集宫颈上皮脱落细胞。将采集刷轻轻取出后,置于保存液内,折断刷柄,盖紧试管管盖,立即送检。采用荧光探针杂交捕获技术检测,使用HPV基因分型检测试剂盒进行基因检测。HR-HPV基因型包括:HPV-16、HPV-18、HPV-31、HPV-33、HPV-35、HPV-51、HPV-52、HPV-53、HPV-56、HPV-58、HPV-59。严格按照试剂盒说明书操作,确保结果准确可靠。

4 阴道菌群分析

采集患者宫颈细胞同时,取3根一次性无菌长拭子深入宫颈后,于患者阴道壁1/3处停留约10s,轻轻旋转2~3圈后,刮取分泌物。其中1根置入生理盐水中保存,采用PCR方法检测解脲支原体、人型支原体、衣原体、滴虫感染情况;第2根加入10%KOH溶液进行胺实验,观察患者细菌性阴道炎情况;第3根用于制作涂片,经革兰染色后镜检,观察乳酸杆菌、霉菌、淋球菌分布情况。采用生理盐水对患者宫颈及阴道部位进行冲洗后,采集患者宫颈阴道灌洗液,采用全自动生化仪进行免疫球蛋白(IgA、IgM、IgG)水平。

5 观察指标

①根据患者HR-HPV检测结果,将患者分为HR-HPV阳性组和阴性组,对比两组患者阴道菌群分布特点;②HR-HPV阳性患者根据HR-HPV基因型分为单一HPV-16感染组、单一HPV-18感染组及其他HR-HPV阳性组,对比三组患者阴道菌群分布特点及免疫球蛋白水平差异。

6 统计分析

采用SPSS26.0软件进行数据处理,运用 χ^2/F 检验分析各组间差异, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。通过对比分析,揭示HR-HPV感染与阴道菌群及免疫球蛋白水平的关系,为临床诊疗提供科学依据。

结 果

1 HR-HPV感染分型情况分析

390例行HR-HPV检查患者中,86例HP-HPV检验阳性,阳性率为22.05%(86/390)。86例HR-HPV阳性患者中,66例为单一型感染(76.74%,66/86),其中HPV-16阳性23例(26.74%,26/86),HPV-18阳性17例(19.77%,17/86),HPV-58阳性5例(5.81%,5/86),HPV-33阳性5例(5.81%,5/86),HPV-31阳性4例(4.65%,4/86),HPV-35阳性4例(4.65%,4/86),HPV-52阳性3例(3.49%,3/86),HPV-51阳性3例(3.49%,3/86),HPV-56阳性2例(2.33%,2/86)。20例为复合型感染(23.26%,20/86),其中HPV-16+HPV-18阳性6例(6.98%,6/86),HPV-16+HPV-33阳性5例(5.81%,5/86),

HPV-18+HPV-51阳性4例(4.65%,4/86),HPV-16+HPV-58阳性2例(2.33%,2/86),HPV-18+HPV-58阳性2例(2.33%,2/86),HPV-16+HPV-18+HPV-58阳性1例(1.16%,1/86)。

2 HR-HPV阳性患者与HR-HPV阴性患者阴道菌群分布特点对比

HR-HPV阳性组患者中,乳酸杆菌异常检出率为37.21%(32/86),解脲支原体检出率为34.88%(30/86),细菌性阴道炎检出率为40.7%(35/86),衣原体检出率为32.56%(28/86),滴虫检出率为25.58%(22/86),人型支原体检出率为15.12%(13/86),霉菌检出率为18.6%(16/86),淋球菌检出率为5.81%(5/86)。HR-HPV阴性组患者中,乳酸杆菌异常检出率为16.78%(51/304),解脲支原体检出率为15.79%(48/304),细菌性阴道炎检出率为13.82%(42/304),衣原体检出率为13.16%(40/304),滴虫检出率为11.84%(36/304),人型支原体检出率为7.89%(24/304),霉菌检出率为10.86%(33/304),淋球菌检出率为3.95%(12/304)。两组患者乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人型支原体检出率差异有统计学意义($P < 0.05$),霉菌、淋球菌检出率差异无统计学意义($P > 0.05$)。见表1。

表1 HR-HPV阳性患者与HR-HPV阴性患者阴道菌群分布特点对比
Table 1 Comparison of the distribution characteristics of vaginal flora between patients with positive HR-HPV and those with negative HR-HPV

分组 Group	HR-HPV 阳性组 (n=86) HR-HPV positive group	HR-HPV 阴性组 (n=304) HR-HPV negative group	χ^2	P
乳酸杆菌异常	32(37.21)	51(16.78)	16.706	0.000
解脲支原体	30(34.88)	48(15.79)	15.275	0.000
细菌性阴道炎	35(40.70)	42(13.82)	30.572	0.000
衣原体	28(32.56)	40(13.16)	17.526	0.000
滴虫	22(25.58)	36(11.84)	9.995	0.002
人型支原体	13(15.12)	24(7.89)	4.071	0.044
霉菌	16(18.60)	33(10.86)	3.665	0.056
淋球菌	5(5.81)	12(3.95)	0.560	0.454

3 不同HR-HPV感染患者阴道菌群分布特点对比

单一HPV-16阳性组患者中,乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人型支原体、霉菌、淋球菌检出率分别为34.78%(8/23)、39.13%(9/23)、43.48%(10/23)、39.13%(9/23)、30.43%(7/23)、21.74%(5/23)、21.74%(5/23)、4.35%(1/23)。单一HPV-18阳性组患者检出率分别为35.29%(6/17)、29.41%(5/17)、35.29%(6/17)、23.53%(4/17)、23.53%(4/17)、17.65%(3/17)、23.53%(4/17)、5.88%(1/17)。其他HR-HPV阳性组患者检出率分别为39.13%(18/46)、34.78%(16/46)。

46)、41.3%(19/46)、32.61%(15/46)、23.91%(11/46)、10.87%(5/46)、15.22%(7/46)、6.52%(3/46)。不同 HR-HPV 感染患者阴道菌群分布特点差异无统计学意义($P>0.05$)。见表 2。

表 2 不同 HR-HPV 感染患者阴道菌群分布特点对比
Table 2 Comparison of the distribution characteristics of vaginal flora among patients with different HR-HPV infections

分组 Group	单一 HPV-16 阳性组 (n=23) Only HPV-16 positive group	单一 HPV-18 阳性组 (n=17) Only HPV-18 positive group	其他 HR-HPV 阳性组 (n=46) Other HR-HPV positive group	χ^2	P
	乳酸杆菌异常	8(34.78)	6(35.29)		
解脲支原体	9(39.13)	5(29.41)	16(34.78)	0.407	0.816
细菌性阴道炎	10(43.48)	6(35.29)	19(41.30)	0.286	0.867
衣原体	9(39.13)	4(23.53)	15(32.61)	1.084	0.582
滴虫	7(30.43)	4(23.53)	11(23.91)	0.389	0.823
人型支原体	5(21.74)	3(17.65)	5(10.87)	1.518	0.468
霉菌	5(21.74)	4(23.53)	7(15.22)	0.770	0.680
淋球菌	1(4.35)	1(5.88)	3(6.52)	0.133	0.936

4 不同 HR-HPV 感染患者免疫球蛋白指标对比

HPV-16 阳性组患者 IgA 水平为(19.54±2.99)g/L, IgG 水平为(95.89±9.95)g/L, IgM 水平为(17.73±3.07)g/L。HPV-18 阳性组患者 IgA 水平为(17.61±3.74)g/L, IgG 水平为(94.48±11.76)g/L, IgM 水平为(16.78±3.37)g/L。其他 HR-HPV 阳性组患者 IgA 水平为(18.44±2.82)g/L, IgG 水平为(93.37±9.90)g/L, IgM 水平为(15.54±2.74)g/L。不同 HR-HPV 感染患者 IgM 水平差异有统计学意义($P<0.05$), IgA、IgG 水平差异无统计学意义($P>0.05$)。见表 3。

表 3 不同 HR-HPV 感染患者免疫球蛋白指标对比
Table 3 Comparison of Immunoglobulin Indicators in Patients with Different HR-HPV Infections

分组 Group	单一 HPV-16 阳性组 (n=23) Only HPV-16 positive group	单一 HPV-18 阳性组 (n=17) Only HPV-18 positive group	其他 HR-HPV 阳性组 (n=46) Other HR-HPV positive group	F	P
	IgA(g/L)	19.54±2.99	17.61±3.74		
IgG(g/L)	95.89±9.95	94.48±11.76	93.37±9.90	0.464	0.630
IgM(g/L)	17.73±3.07	16.78±3.37	15.54±2.74	4.429	0.015

讨论

HR-HPV 感染在临床医学领域越来越受到重视, 研究显示, 持续的高危型 HPV 感染与女性发生宫颈癌的风险之间存在着直接的正相关关系^[12]。本次研究中, HR-HPV 检验阳性率为 22.05%。进一步分析发现, HR-HPV 阳性患者主要为单一型感染, 以 HPV-16 和 HPV-18 为主, 复合型感染主要为 HPV-16+HPV-18 和 HPV-16+HPV-33。与以往研究报

道结果一致^[13]。我国地域辽阔, 不同地区 HR-HPV 感染情况存在差异, 北方地区感染率较高, 可能与生活习惯、环境因素有关, 深入研究地域性差异, 有助于制定更精准的防控策略。

女性的阴道微生态环境维持在一个平衡的状态, 是保护女性生殖健康的重要防御屏障, 这种平衡状态一旦被打破, 就会为各种病原体的入侵提供便利条件^[14]。在众多可能引起女性泌尿生殖道感染的病原体中, HPV 和支原体是两大主要的致病因素。研究显示, HR-HPV 感染与支原体、沙眼衣原体、阴道毛滴虫等生殖道病原菌感染之间存在正相关关系^[15]。本次研究发现, HR-HPV 阳性组患者乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人型支原体、霉菌、淋球菌检出率均高于 HR-HPV 阴性组患者, 其中乳酸杆菌异常、解脲支原体、细菌性阴道炎、衣原体、滴虫、人性支原体检出率对比具有显著差异。这些结果提示, HR-HPV 感染不仅直接影响宫颈癌的发生, 还可能通过破坏阴道微生态平衡, 增加其他生殖道病原菌感染的风险, 进而加剧女性生殖健康的威胁。同时, 根据相关研究的发现, 阴道内正常的乳酸杆菌在宫颈癌、阴道癌等肿瘤的发生和发展过程中扮演着重要的抑制角色^[16]。当阴道内的乳酸杆菌数量减少时, 可能会导致条件致病菌的数量增多, 这种情况为 HPV 的感染创造了有利条件^[17]。因此, 维持阴道微生态平衡对预防 HR-HPV 感染及其相关疾病至关重要。深入研究这些交互作用, 对制定综合性防控措施具有重要意义。

本次研究发现, 单一 HPV-16 阳性组患者、单一 HPV-18 阳性组患者及其他 HR-HPV 阳性组患者阴道菌群分布特点差异无统计学意义($P>0.05$)。单一 HPV-16 阳性组患者 IgA、IgG、IgM 水平均高于其他组, 其中 IgM 水平差异有统计学意义($P<0.05$), IgA、IgG 水平差异无统计学意义($P>0.05$)。这一结果提示, HPV-16 感染可能引起更显著的免疫反应, 导致机体产生更高水平的 IgM 抗体, 从而影响免疫系统的防御机制^[18]。进一步探究 HPV-16 感染的免疫机制, 有助于开发更有效的预防和治疗策略。

综上所述, HR-HPV 感染不仅影响阴道菌群分布, 还可能影响免疫球蛋白水平, 增加其他病原体感染风险, 进一步加剧生殖道疾病的发生。因此, 临床实践中应加强对 HR-HPV 感染的早期筛查和干预, 结合阴道微生态调节, 综合防治, 以降低宫颈癌及其他生殖道疾病的发生率, 提升女性健康水平。

【参考文献】

[1] Andreasen S, Bishop JA, van Overeem HT, et al. Human papillomavirus-related carcinoma with adenoid cystic-like

- features of the sinonasal tract: clinical and morphological characterization of six new cases[J]. *Histopathology*, 2017, 70(6):880-888.
- [2] Cohen PA, Jhingran A, Oaknin A, et al. Cervical cancer[J]. *Lancet* (London, England), 2019, 393(10167):169-182.
- [3] Du J, Ahrlund-Richter A, Nasman A, et al. Human papilloma virus (HPV) prevalence upon HPV vaccination in Swedish youth: A review based on our findings 2008-2018, and perspective on cancer prevention[J]. *Arch Gynecol Obstet*, 2021, 303(12):329-335.
- [4] 张忻佩, 许文娟, 樊伯珍, 等. 100例高危型人乳头瘤病毒感染患者临床特征及中西医治疗效果分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2023, 18(6):700-704.
- [5] Sivars L, Landin D, Rizzo M, et al. Human papilloma virus (HPV) is absent in branchial cleft cysts of the neck distinguishing them from HPV positive cystic metastasis[J]. *Acta Oto-Laryngol*, 2018, 138(1):11-14.
- [6] Pedersen K, Burger EA, Nygrd M, et al. Adapting cervical cancer screening for women vaccinated against human papilloma virus infections: The value of stratifying guidelines[J]. *Eur J Cancer*, 2018, 91(32):68-75.
- [7] Brando BFC, Pereira APL, Cesar MCG, et al. The role of interleukin 10 in human papilloma virus infection and progression to cervical carcinoma[J]. *Cytokine Growth F*, 2017, 34(5):178-183.
- [8] Gupta S, Kakkar V, Bhushan I. Crosstalk between vaginal microbiome and female health: a review[J]. *Microb Pathog*, 2019, 136(1):1-32.
- [9] 刘化勇, 刘学军, 高永丽, 等. 阴道微生物菌群及宫颈局部免疫功能与宫颈上皮内瘤变的相关性分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2021, 16(7):805-808, 813.
- [10] Mills AM, Dirks DC, Poulter MD, et al. HR-HPV E6/E7 mRNA in situ hybridization: validation against PCR, DNA in situ hybridization, and p16 immunohistochemistry in 102 samples of cervical, vulvar, anal, and head and neck neoplasia[J]. *Am J Surgical Pathol*, 2017, 41(5):607-615.
- [11] Tchounga B, Horo A, Boni S, et al. Human papilloma viruses infection among adolescent females perinatally infected with HIV in Cte d'Ivoire[J]. *Sex Transm Infect*, 2021, 97(3):238-243.
- [12] Canfell K, Kim JJ, Brisson M, et al. Mortality impact of achieving WHO cervical cancer elimination targets: A comparative modelling analysis in 78 low-income and lower-middle-income countries[J]. *Lancet*, 2020, 395(10):591-603.
- [13] Grunwitz C, Salomon N, Vascotto F, et al. HPV16 RNA-LPX vaccine mediates complete regression of aggressively growing HPV-positive mouse tumors and establishes protective T cell memory[J]. *Onco Immunol*, 2019, 8(9):578-583.
- [14] 李好山, 曲长萍, 程海玲. 宫颈癌临床特征及人乳头瘤病毒感染情况分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2024, 19(1):61-64, 69.
- [15] Thapa N, Maharjan M, Shrestha G, et al. Prevalence and type-specific distribution of human papilloma virus infection among women in mid-western rural, Nepal: Apolulation-based study[J]. *BMC Infect Dis*, 2018, 18(1):32-38.
- [16] Gordana H, Bolormaa D, Michael P, et al. Concordance of HPV load and HPV mRNA for 16 carcinogenic /possibly carcinogenic HPV types in paired smear/tissue cervical cancer specimens[J]. *Arch Virol*, 2017, 162(5):438-442.
- [17] Mortaki D, Gkegkes ID, Psomiadou V, et al. Vaginal microbiota and human papilloma virus: a systematic review[J]. *J Turk Ger Gynecol Assoc*, 2020, 21(3):193-200.
- [18] Das CR, Tiwari D, Dongre A, et al. Deregulated TNF-Alpha levels along with hpv genotype 16 infection are associated with pathogenesis of cervical neoplasia in northeast indian patients[J]. *Viral Immunol*, 2018, 31(4):282-291.

【收稿日期】 2025-01-09 【修回日期】 2025-04-04

(上接 780 页)

- [2] Horner P, Blee K, O'Mahony C, et al. 2019 UK National Guideline on the management of non-gonococcal urethritis[J]. *Int J STD AIDS*, 2020, 27(2):85-96.
- [3] Amjad A, Mazaher K. Association between *Ureaplasma urealyticum* endocervical infection and spontaneous abortion[J]. *Iran J Microbiol*, 2022, 6(6):392-397.
- [4] Keizur EM, Goldbeck C, Vavala G, et al. Safety and effectiveness of same-day *Chlamydia trachomatis* and neisseria gonorrhoeae screening and treatment among gay, bisexual, transgender, and homeless youth in Los Angeles, California, and New Orleans, Louisiana[J]. *Sex Transm Dis*, 2020, 47(1):19-23.
- [5] Ahmad pour-Yazdi H, Peymani A, Ghorbanzadeh N. Colorimetric-based detection of *Ureaplasma urealyticum* using gold nanoparticles[J]. *IET Nanobiotechnology*, 2019, 14(1):19-24.
- [6] Hoover KW, Tao G, Nye MB, et al. Suboptimal adherence to repeat testing recommendations for men and women with positive *Chlamydia* tests in the United States, 2018-2020[J]. *Clin Infect Dis*, 2022, 56(1):51-57.
- [7] Namba F, Hasegawa T, Nakayama M, et al. Placental features of chorioamnionitis colonized with *Ureaplasma* species in preterm delivery[J]. *Pediatric Res*, 2020, 67(2):166-172.
- [8] 马琳怡, 李榕娇. 解脲支原体对喹诺酮类耐药基因的突变研究[J]. *中国病原生物学杂志*, 2020, 15(6):726-728, 741.
- [9] Centers for disease control and prevention. 2015 sexually transmitted diseases surveillance [J]. *J Antimicrob Chemother*, 2017, 68(2):480-482.
- [10] Ghorbanzadeh N, Peymani A, Ahmadpouryazdi H. Colorimetric based detection of *Ureaplasma urealyticum* using gold nanoparticles[J]. *IET Nanobiotechnology*, 2020, 14(1):19-24.
- [11] 张文渊, 丁盛婕, 吴佳莹. 158例产褥感染妇女生殖道支原体衣原体感染调查及药敏分析[J]. *浙江临床医学*, 2018, 20(4):661-662.
- [12] 曾芍, 张先平. 260例女性生殖道解脲支原体、沙眼衣原体耐药情况分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2023, 18(6):721-724, 733.
- [13] Roshani D, Ramazanzadeh R, Farhadifar F, et al. A PRISMA systematic review and meta-analysis on *Chlamydia trachomatis* infections in Iranian women (1986-2015)[J]. *Medicine*, 2018, 97(1):1-5.
- [14] 刘艳丽, 李冰, 张绍佳. 2364例泌尿生殖道感染者支原体感染情况及耐药性分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2024, 19(7):828-832.
- [15] 陈荣彬, 李志方, 嘉红云, 等. 女性健康体检人群生殖道解脲支原体和沙眼衣原体感染状况[J]. *热带医学杂志*, 2024, 24(3):324-327.
- [16] 李绪兰, 陈静, 徐晶, 等. 育龄期女性解脲支原体感染后阴道微生态和 Th17 细胞及相关炎症因子的变化[J]. *中国微生态学杂志*, 2021, 33(7):821-824.
- [17] 姜春南. 3000例女性泌尿生殖道感染患者标本中衣原体支原体培养结果及其对抗菌药物的耐药性分析[J]. *抗感染药学*, 2020, 17(8):1133-1135.
- [18] 周丽华, 沈梦远, 李曦, 等. 12548例泌尿生殖道标本解脲支原体和衣原体支原体检测及药物敏感性分析[J]. *中国卫生检验杂志*, 2018, 28(1):106-108.

【收稿日期】 2025-01-02 【修回日期】 2025-03-29