

DOI:10.13350/j.cjpb.250313

• 调查研究 •

女性生殖道感染的病原分布特征及危险因素分析*

孙桂霞^{1**}, 高超², 张冬丽¹, 田君¹

(1. 河南大学淮河医院妇科, 河南开封 475000; 2. 河南大学淮河医院药剂科)

【摘要】 目的 本研究旨在分析女性生殖道感染的病原分布特征并探讨相关危险因素, 以为临床预防和治疗提供科学依据。方法 通过收集并分析 50 例女性生殖道感染患者的病原菌检出情况, 采用描述性统计方法分析病原菌的种类、构成比及耐药特点。同时, 选取同期未感染女性 60 例作为对照, 采用单因素分析和多因素 Logistic 回归分析探讨女性生殖道感染的危险因素。此外, 通过 ROC 曲线分析评估各危险因素对女性生殖道感染的预测价值。结果 感染组共检出 50 株病原菌, 革兰阳性球菌占比最高(50.00%), 其中以表皮葡萄球菌、金黄色葡萄球菌和浮生葡萄球菌为主。革兰阴性球菌检出率为 30.00%, 主要为大肠埃希菌、铜绿假单胞菌和阴沟肠杆菌。真菌以白色念珠菌为主检出率为 10.00%。耐药性分析显示, 主要革兰阳性菌对复方新诺明、氯霉素和氨苄西林等抗生素存在不同程度的耐药, 但对替加环素、万古霉素和亚胺培南均敏感。单因素分析显示, 有流产史、性伴侣 ≥ 2 个、经期性交、健康教育不知晓/不清楚等因素与女性生殖道感染显著相关($P < 0.05$)。多因素 Logistic 回归分析进一步确认了有流产史、性伴侣 ≥ 2 个、经期性交和健康教育不知晓/不清楚为女性生殖道感染的独立危险因素。ROC 曲线分析表明, 这些危险因素对女性生殖道感染具有一定的预测价值, 其中性伴侣 ≥ 2 个的 AUC 值最高(0.705), 灵敏度为 66.00%, 特异度为 75.00%。结论 女性生殖道感染的病原菌种类多样以革兰阳性球菌为主。有流产史、性伴侣 ≥ 2 个、经期性交和健康教育不知晓/不清楚是女性生殖道感染的独立危险因素, 对女性生殖道感染的预测具有一定价值。

【关键词】 女性生殖道感染; 病原菌分布; 耐药性分析; 危险因素; 预测价值

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2025)03-0338-04

[Journal of Pathogen Biology. 2025 Mar.; 20(03): 338-341, 346.]

Characteristics of pathogen distribution and analysis of risk factors for female reproductive tract infections

SUN Guixia¹, GAO Chao², ZHANG Dongli¹, TIAN Jun¹ (1. Department of Gynecology, Huaihe Hospital, Henan University, Kaifeng 475000, Henan, China; 2. Department of Pharmacy, Huaihe Hospital, Henan University) ***

【Abstract】 **Objective** This study aims to analyze the distribution characteristics of pathogens causing female genital tract infections (FGTIs) and explore related risk factors, providing a scientific basis for clinical prevention and treatment.

Methods By collecting and analyzing the detection of pathogens in 50 patients with FGTIs, descriptive statistical methods were used to analyze the types, constituent ratios, and drug resistance characteristics of the pathogens. Meanwhile, 60 uninfected women during the same period were selected as controls. Univariate analysis and multivariate Logistic regression analysis were conducted to explore the risk factors for FGTIs. Additionally, ROC curve analysis was performed to assess the predictive value of various risk factors for FGTIs. **Results** A total of 50 pathogen strains were detected in the infected group, with Gram-positive cocci accounting for the highest proportion (50.00%), mainly including *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, and *Staphylococcus saprophyticus*. Gram-negative cocci were detected in 30.00% of cases, primarily *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Enterobacter cloacae*. *Candida albicans* was the primary fungus detected, with a rate of 10.00%. Drug resistance analysis showed that major Gram-positive bacteria exhibited varying degrees of resistance to antibiotics such as sulfamethoxazole/trimethoprim, chloramphenicol, and ampicillin, but were sensitive to tigecycline, vancomycin, and imipenem. Univariate analysis revealed that factors such as a history of abortion, having ≥ 2 sexual partners, sexual intercourse during menstruation, and unawareness/unclear understanding of health education were significantly associated with FGTIs ($P < 0.05$). Multivariate Logistic regression analysis further confirmed these factors as independent risk factors for FGTIs. ROC curve analysis indicated that these risk factors had certain predictive value for FGTIs, with having ≥ 2 sexual partners showing the highest AUC value (0.705), a sensitivity of 66.00%, and a specificity of 75.00%. **Conclusion** The pathogens causing

* **【基金项目】** 河南省医学科技攻关计划联合共建项目(No. LHGJ20230424); 开封市科技攻关项目(No. 2203045)。

** **【通信作者(简介)】** 孙桂霞(1982-), 女, 河南开封人, 研究生, 副主任医师, 研究方向: 妇科肿瘤。E-mail: gaoyoucai98@126.com

FGTIs are diverse, with Gram-positive cocci being the most common. A history of abortion, having ≥ 2 sexual partners, sexual intercourse during menstruation, and unawareness/unclear understanding of health education are independent risk factors for FGTIs and have certain predictive value for the infection.

【Keywords】 female reproductive tract infections; pathogen distribution; drug resistance analysis; risk factors; predictive value

女性生殖道感染是妇科常见疾病之一,不仅影响女性的生活质量还可能导致不孕、宫外孕、早产等一系列严重的健康问题^[1]。近年来,随着社会经济的发展和人们生活方式的改变,女性生殖道感染的发病率呈上升趋势引起了广泛关注。了解女性生殖道感染的病原分布特征及其相关危险因素对于制定有效的预防和治疗策略具有重要意义。病原菌的多样性是女性生殖道感染复杂性的主要原因之一。既往研究表明革兰阳性球菌、革兰阴性球菌、真菌、支原体和衣原体等均可引起女性生殖道感染^[2]。其中,葡萄球菌属、链球菌属和大肠埃希菌等是常见的致病菌。然而,不同地区、不同人群中的病原菌分布可能存在差异,因此需要进行本地化的流行病学调查以便更精准地指导临床实践。除了病原菌的种类,耐药性问题也是当前亟待解决的难题。随着抗生素的广泛应用一些病原菌逐渐发展出对常用抗生素的耐药性,这不仅增加了治疗难度还可能导致治疗失败和并发症的发生^[3]。因此监测病原菌的耐药性变化对于合理选择抗生素和减少耐药菌株的传播至关重要。

在女性生殖道感染的发生机制中宿主因素和环境因素共同起着重要作用。宿主因素包括免疫状态、激素水平和遗传背景等,而环境因素则涉及个人卫生习惯、性行为、避孕方式和社会经济状况等多个方面^[4]。近年来多项研究指出有流产史、多个性伴侣、经期性交、缺乏健康教育等是女性生殖道感染的重要危险因素^[5-6]。然而这些因素之间的相互作用及其对女性生殖道感染的影响尚需进一步探讨。

本研究通过分析本院妇科门诊女性生殖道感染患者的病原分布特征及其耐药性特点,同时结合详细的流行病学调查识别女性生殖道感染的相关危险因素。通过对感染组和非感染组的对比分析希望为临床医生提供更为全面的女性生殖道感染防控依据,从而降低该疾病的发病率改善女性生殖健康状况。

对象与方法

1 研究对象

本研究采用病例对照研究方法,选取2021年6月至2024年6月在本院妇科门诊就诊的女性患者110例作为研究对象,其中女性生殖道感染患者50例为感染组,年龄18~45岁,平均(28.62±5.43)岁。同期健康体检女性60例为非感染组,年龄18~45岁,平均

(27.83±5.25)岁。纳入标准:年龄18~50岁;感染组符合女性生殖道感染的诊断标准,包括阴道分泌物增多、外阴瘙痒、灼痛等临床症状,以及阴道分泌物涂片或培养阳性;非感染组无明显生殖道感染症状,阴道分泌物涂片或培养阴性;自愿参与本研究,并签署知情同意书。排除标准:患有其他系统性疾病,如糖尿病、自身免疫性疾病等;近期使用过抗生素或免疫抑制剂;拒绝参与本研究。

所有参与者均签署了知情同意书,研究方案得到了医院伦理委员会的批准。

2 样本收集

感染组患者的样本在确诊为生殖道感染后立即收集。样本包括阴道分泌物和/或宫颈拭子,用于病原菌的培养和鉴定。非感染组的样本同样采用阴道分泌物和/或宫颈拭子进行收集,但这些女性在收集样本前3个月内无生殖道感染症状。

3 病原菌培养与鉴定

收集的样本在无菌条件下进行处理,接种于相应的培养基上,包括血琼脂平板和巧克力琼脂平板,以分离和培养病原菌。培养后,通过菌落形态、革兰染色、生化试验和/或分子生物学方法进行病原菌的鉴定。

4 药敏试验

对于分离出的病原菌,采用纸片扩散法进行药敏试验,评估其对常用抗生素的敏感性。药敏结果根据Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)的标准进行解释。

5 数据收集

收集感染组和非感染组参与者的基本信息,包括年龄、性伴侣数量、避孕措施使用情况、月经规律性、经期性交情况、内裤更换频率、个人卫生习惯(如坐浴习惯)以及健康教育水平。

6 统计分析

对于病原菌的分布与构成比,采用描述性统计方法进行描述。对于危险因素的分析,首先进行单因素分析,采用 χ^2 检验比较感染组和非感染组在各危险因素上的差异。然后,将单因素分析中 $P < 0.1$ 的危险因素纳入多因素Logistic回归分析模型,以进一步探讨各危险因素对生殖道感染的影响。同时,绘制ROC曲线,评估各危险因素对生殖道感染的预测价值, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果

1 病原菌分布

女性生殖道感染病原菌中革兰阳性球菌 25 株,占 50.00%;其次是革兰阴性球菌,15 株,占 30.00%;真菌 5 株,占 10.00%,均为白色念珠菌;支原体 3 株,占 6.00%,均为沙眼衣原体。革兰阳性球菌中,表皮葡萄球菌 8 株、金黄色葡萄球菌 7 株、浮生葡萄球菌 5 株、肠球菌 3 株、A 群链球菌 2 株;革兰阴性球菌中大肠埃希菌 10 株、铜绿假单胞菌 3 株、阴沟肠杆菌 2 株。

2 耐药性分析

主要革兰阳性菌对复方新诺明、氯霉素和氨苄西林的耐药率较高,分别为 25.00%、12.50% 和 12.50%。金黄色葡萄球菌对替加环素、万古霉素和亚胺培南均敏感,无耐药菌株检出,见表 1。

表 1 女性生殖道感染主要革兰阳性菌的耐药特点(n/株,%)
Table 1 Drug resistance characteristics of main gram-positive bacteria in female reproductive tract infections

病原菌种类	复方新诺明	氯霉素	氨苄西林	替加环素	万古霉素	亚胺培南
表皮葡萄球菌	2/8	1/8	1/8	0/8	0/8	0/8
金黄色葡萄球菌	2/7	1/7	1/7	0/7	0/7	0/7
浮生葡萄球菌	1/5	1/5	0/5	0/5	0/5	0/5
肠球菌	1/3	0/3	1/3	0/3	0/3	0/3

注:耐药率=耐药菌株数/总菌株数×100%

3 单因素分析

女性生殖道感染与多个因素相关,包括流产史、性伴侣≥2 个、经期性交、坐浴和健康教育不知晓/不清楚($P < 0.05$),见表 2。

表 2 女性生殖道感染危险因素的单因素分析
Table 2 Univariate analysis of risk factors for female reproductive tract infections

危险因素	感染组 (n=50)	非感染组 (n=60)	χ^2	P
有流产史	30 (60.00%)	20 (33.33%)	7.822	0.005
性伴侣≥2 个	33 (66.00%)	15 (25.00%)	18.640	<0.001
无避孕措施	22 (44.00%)	20 (33.33%)	1.315	0.252
月经不规律	18 (36.00%)	15 (25.00%)	1.571	0.210
经期性交	20 (40.00%)	10 (16.67%)	7.486	0.006
内裤更换频次≥3 d	20 (40.00%)	15 (25.00%)	2.829	0.093
坐浴	16 (32.00%)	10 (16.67%)	3.553	0.059
健康教育不知晓/不清楚	24 (48.00%)	15 (25.00%)	6.304	0.012

4 多因素分析

多因素 Logistic 回归分析结果显示,流产史、性伴侣≥2 个、经期性交和健康教育不知晓/不清楚是女性生殖道感染的危险因素($P < 0.05$),见表 3。

5 ROC 曲线分析

ROC 曲线分析结果中,性伴侣≥2 个(AUC = 0.705)具有较高的预测价值,其次是有流产史(AUC = 0.633),而经期性交(AUC = 0.617)和健康教育不

知晓/不清楚(AUC=615)的预测价值相对较低,见表 4 和图 1。

表 3 女性生殖道感染的多因素 Logistic 回归分析
Table 3 Multivariate logistic regression analysis of risk factors for female reproductive tract infections

危险因素	β 系数	标准误	Wald	P	OR 值(95%·CI)
有流产史	1.138	0.503	5.112	0.024	3.119(1.164-8.361)
性伴侣≥2 个	1.507	0.487	9.562	0.002	4.513(1.736-11.73)
无避孕措施	0.618	0.514	1.447	0.229	1.855(0.678-5.077)
经期性交	1.670	0.571	8.554	0.003	5.311(1.735-16.261)
内裤更换频次≥3 天	0.745	0.533	1.959	0.162	2.107(0.742-5.984)
坐浴	1.062	0.582	3.323	0.068	2.891(0.923-9.052)
健康教育不知晓/不清楚	1.549	0.551	7.897	0.005	4.708(1.598-13.871)

表 4 预测女性生殖道感染的 ROC 曲线分析
Table 4 ROC curve analysis for predicting female reproductive tract infections

指标	AUC	95% CI	P	灵敏度 (%)	特异度 (%)	约登指数	最佳临界值
有流产史	0.633	0.528-0.738	0.016	60.00	66.67	0.267	0.500
性伴侣≥2 个	0.705	0.605-0.805	<0.001	66.00	75.00	0.410	0.500
经期性交	0.617	0.510-0.724	0.036	40.00	83.33	0.233	0.500
健康教育不知晓/不清楚	0.615	0.508-0.722	0.038	48.00	75.00	0.230	0.500

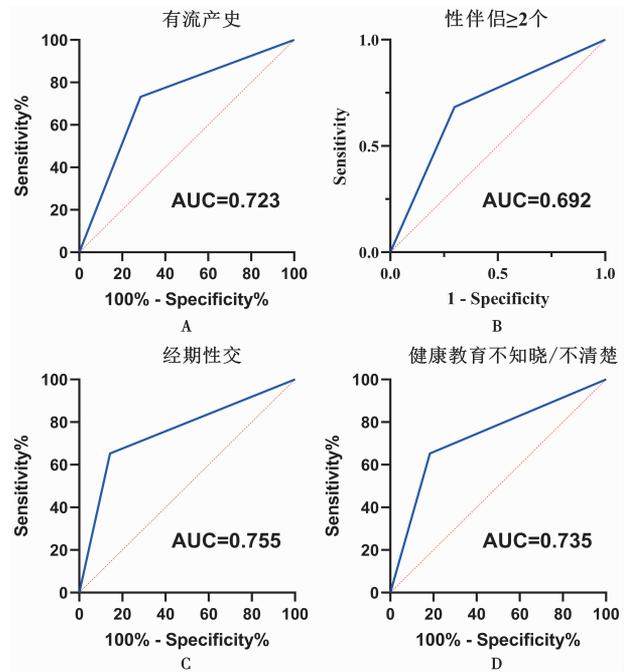


图 1 预测发生女性生殖道感染的 ROC 曲线
Fig. 1 ROC curve for predicting the occurrence of female reproductive tract infections

讨论

女性生殖道感染是妇科常见病、多发病,对女性健康和生活质量造成严重影响。本研究旨在探讨女性生殖道感染的病原菌分布特征和危险因素为临床预防和治疗提供参考。研究结果显示女性生殖道感染病原菌以革兰阳性球菌为主,其次是革兰阴性球菌、真菌和支

原体。表皮葡萄球菌、金黄色葡萄球菌、浮生葡萄球菌、大肠埃希菌和白色念珠菌检出率较高。这些结果与既往研究基本一致,提示革兰阳性球菌是女性生殖道感染的主要病原菌^[7]。革兰阳性球菌中,金黄色葡萄球菌的致病性较强且耐药率较高,临床治疗难度较大^[8]。革兰阴性球菌中大肠埃希菌的检出率较高可能与肠道菌群失调有关^[9]。真菌感染以念珠菌为主多见于免疫力低下患者^[10]。支原体和衣原体感染多见于性传播途径^[11-12]。针对革兰阳性球菌感染可选用替加环素、万古霉素等药物进行治疗^[13]。革兰阴性球菌感染可选用头孢菌素、喹诺酮类等药物^[14]。真菌感染可选用氟康唑、伊曲康唑等药物^[15,16]。支原体和衣原体感染可选用多西环素、米诺环素等药物^[17]。

耐药性分析结果显示,主要革兰阳性菌对复方新诺明、氯霉素和氨苄西林的耐药率较高,金黄色葡萄球菌对替加环素、万古霉素和亚胺培南均敏感。这些结果提示临床治疗女性生殖道感染时应避免盲目使用抗生素,应根据病原菌的耐药性选择合适的药物。耐药性产生与抗生素的滥用、细菌基因突变、细菌耐药基因的传播等因素有关^[18-19]。此外,不合理使用抗生素、环境污染等也会促进耐药菌的产生^[20,21]。因此加强抗生素的合理使用严格执行抗生素分级管理制度,提高医务人员和公众对抗生素的认识,加强耐药菌的监测和防控等措施可有效减少耐药菌的产生。此外新型抗生素的研发是解决耐药性的重要途径。近年来一些新型抗生素如替加环素、达托霉素等已应用于临床并取得了较好的疗效^[22-23]。

单因素分析结果显示,女性生殖道感染与有流产史、性伴侣 ≥ 2 个、经期性交、健康教育不知晓/不清楚等因素相关。这些因素与既往研究结果基本一致提示这些因素是女性生殖道感染的重要危险因素。多因素分析结果进一步证实流产史、性伴侣数量、经期性交和健康教育不知晓/不清楚是生殖道感染的独立危险因素。人工流产作为一种医疗操作可能会增加生殖道感染的风险。研究表明有无人工流产史的育龄妇女人群的生殖道感染率存在显著差异,人工流产史与生殖道感染有关联且随着人工流产次数的增加,生殖道感染的危险性也升高^[24]。此外,人工流产后生殖系统感染与不孕症之间存在相关性,特别是由输卵管因素造成的不孕是人工流产后不孕症发生的主要原因^[25]。自然流产与生殖道感染之间的关系也得到了研究支持。例如,首次自然流产与女性生殖道支原体感染关系密切,孕前治疗支原体感染可降低自然流产率^[26]。此外,女性生殖道沙眼衣原体感染与自然流产存在紧密的联系,沙眼衣原体感染会使胚胎受到影响而不利于胚胎的正常发育而造成自然流产^[27]。多项研究表明

性伴侣数量的增加与性传播感染的风险增加有关。例如,一项研究发现与只有一个性伴侣的女性相比,有五个或更多性伴侣的女性报告有性传播疾病的可能性是前者的8倍^[28]。此外,性伴侣数量多的女性更可能参与高风险的性行为如不使用安全套^[29]。因此这些因素在临床预防和控制生殖道感染中应重点关注。同时加强对女性的健康教育提高其对生殖道感染的认识和自我保护意识,改变不良的性生活习惯和个人卫生习惯可能降低生殖道感染的风险。ROC曲线分析结果显示,性伴侣 ≥ 2 个具有较高的预测价值,经期性交和健康教育不知晓/不清楚的预测价值相对较低。这些结果提示经期性交和健康教育是女性生殖道感染的重要预测指标。对有流产史、性伴侣数量多、经期性交、健康教育不知晓/不清楚等高危人群,应加强筛查和管理及时进行干预和治疗降低生殖道感染的风险。

本研究的局限性包括样本量较小、研究对象局限于妇科门诊患者、未考虑其他潜在危险因素等。未来可进一步扩大样本量、深入探讨疾病机制并开展多中心研究以验证结果的普遍性。综上所述,本研究明确了女性生殖道感染的病原菌分布、耐药性情况以及危险因素。本结果对临床诊治和预防女性生殖道感染具有重要意义,为进一步开展相关研究提供了参考依据。

【参考文献】

- [1] 段红伟,孙丽丽,王晓滇,等. 生殖免疫抗体检测在女性不孕不育生殖道感染中的应用价值[J]. 宁夏医学杂志,2024,46(1):57-60.
- [2] 张爽,朱翠兰. 某院2017年-2020年女性生殖道感染的流行病学现状及主要病原菌的耐药性分析[J]. 抗感染药学,2022,19(2):246-250.
- [3] 许丹虹. 临床抗生素用量对常见病原菌抗生素耐药的影响[D]. 广东:汕头大学,2023.
- [4] Dabee S, Passmore JS, Heffron R, et al. The complex link between the female genital microbiota, genital infections, and inflammation[J]. Infect Immun,2021,89(5):e00487-20.
- [5] 王铮,王晶,赵月娟. 已婚育龄女性生殖道感染情况调查及其影响因素分析[J]. 中国计划生育学杂志,2022,30(5):995-999.
- [6] 靳闪闪,邓巧子,段丽艳. 早期人工流产后生殖道感染状况及危险因素[J]. 热带医学杂志,2023,23(8):1153-1156.
- [7] 张敏,潘艳红. 某院60例女性生殖道感染患者的相关因素与病原菌的分布及其耐药情况分析[J]. 抗感染药学,2021,18(11):1656-1659.
- [8] 孙豪,董晓蒙. 金黄色葡萄球菌感染的临床特征与耐药性研究[J]. 山东医学高等专科学校学报,2024,46(4):78-80.
- [9] 唐永华,吴祥林,周小合. 2016-2018年本院临床病原菌及多重耐药菌检出情况分析[J]. 中国医学创新,2020,17(17):87-90.
- [10] 王东江,吴文娟,郭建,等. 2018-2022年华东地区临床分离念珠菌耐药性监测[J]. 中国感染与化疗杂志,2024,24(4):402-409.
- [11] 康慧,赵静雅,李定辰,等. 侵袭性念珠菌病研究进展[J]. 中华医院感染学杂志,2024,34(12):1908-1913. (下转 346 页)

not be indicated for prevention of dental implant infections in healthy patients: A systematic review and meta-analysis [J]. *Clinical Oral Investigations*, 2019, 23(4):1525-1553.

[3] Kniha K, Schlegel KA, Kniha H, et al. Evaluation of peri-implant bone levels and soft tissue dimensions around zirconia implants-a three-year follow-up study[J]. *Int Oral Maxillofac Surg*, 2018, 47(4):492-498.

[4] Crippa R, Aiuto R, Guardincerri M, et al. Effect of laser radiation on infected sites for the immediate placement of dental implants [J]. *Photobiomodul Photomed Laser Surg*, 2020, 38(3):186-192.

[5] Pjetursson BE, Thoma D, Jung R, et al. A systematic review of the survival and complication rates of implant-supported fixed dental protheses (FDPs) after a mean observation period of at least 5 years[J]. *Clin Oral Implants Res*, 2022, 23(6):22.

[6] 孟焕新. 牙周病学[M]. 3版. 北京:人民卫生出版社, 2008.

[7] Tabrizi R, Mobin F, Dehghanpour M, et al. Comparison of three antibiotic protocols for prevention of infection in dental implant surgery: a randomized controlled trial [J]. *Clin Implant Dent Relat Res*, 2019, 21(5):643-651.

[8] 李伟琴, 徐碧云. 米诺环素软膏和甲硝唑凝胶局部应用对局限性牙周炎患者种植牙术后感染的干预研究[J]. *中华危重症医学杂志(电子版)*, 2020, 13(3):216-217.

[9] 刘从厚, 江凤川, 葛大量. 慢性牙周炎患者龈沟液 lncRNA FGD5-AS1 和 lncRNA FAS-AS1 水平与病原菌感染相关性研究 [J]. *中国病原生物学杂志*, 2023, 18(4):451-455.

[10] Dewhirst FE, Chen T, Izard J, et al. The human oral microbiome [J]. *J Bacteriol*, 2020, 192(29):5002-5017.

[11] 刘琳, 张敏, 息雪娜, 等. 牙列缺损患者口腔种植修复并发口腔感染病原菌特点及相关危险因素分析 [J]. *中国病原生物学杂志*, 2024, 19(04):459-462, 467.

[12] Cosgarea R, Eick S, Jepsen S, et al. Microbiological and host-derived biomarker evaluation following non-surgical periodontal therapy with short-term administration of systemic antimicrobials: secondary outcomes of an RCT [J]. *Sci Rep*, 2020, 10(1):16322.

[13] 郭法谋, 王新, 付博, 等. 牙龈卟啉单胞菌 pPGN 蛋白的原核表达、纯化及生物信息学分析 [J]. *中国病原生物学杂志*, 2023, 18(09):1028-1033, 1038.

[14] 林天赐, 黄达鸿, 雷凤翔, 等. 老年种植修复患者牙科焦虑症相关因素的调查研究[J]. *中华老年口腔医学杂志*, 2018, 16(4):229-233.

[15] Cariati P, De PT. Massive bilateral neck abscess and acute mediastinitis following dental implant surgery[J]. *J Craniofacial Surgery*, 2019, 30(6):1840-1841.

[16] 李莹, 陆梅, 李秋莹. 人工种植牙病人围术期感染风险预测及分级管理研究[J]. *全科护理*, 2022, 20(18):2568-2571.

[17] Ghimire A, Song J. Anti-periprosthetic infection strategies: from implant surface topographical engineering to smart drug-releasing coatings[J]. *ACS Applied Materials Interfaces*, 2022, 14(4):4325-4335.

[18] 张晓明. PDCA 循环在种植牙围手术期护理中的应用[J]. *中国医药指南*, 2019, 17(13):209-210.

【收稿日期】 2024-10-25 【修回日期】 2025-01-15

(上接 341 页)

[12] 刘琳, 王慧, 刘宁宇. 侵袭性念珠菌感染在免疫力低下人群中的流行病学和治疗进展[J]. *上海交通大学学报(医学版)*, 2021, 41(4):525-529.

[13] 范芳文, 马帽花, 朱彦华, 等. 替考拉宁与万古霉素在治疗革兰阳性菌感染中的临床评价[J]. *现代医学与健康研究(电子版)*, 2024, 8(5):33-35.

[14] 辜依海, 张微, 侯轩, 等. 2010-2019 年某三级甲等医院非发酵革兰阴性杆菌的分布及耐药性分析[J]. *中国药房*, 2020, 31(23):2889-2894.

[15] 刘宪勇, 侯静静, 谷雨, 等. 伊曲康唑与两性霉素 B 对急性淋巴细胞白血病患儿化疗并发肺部真菌感染疗效的比较[J]. *中华航海医学与高气压医学杂志*, 2023, 30(4):445-448, 478.

[16] 曲莎莎. 伏立康唑联合氟康唑治疗肺侵袭性真菌感染患者的效果分析[J]. *中国现代药物应用*, 2023, 17(15):88-90.

[17] van Oosbree A, Buchholz A, Hsu J. Presumed multidrug-resistant mycoplasma genitalium urethritis in a man with HIV infection. *S D Med*. 2023;76(2):83-85.

[18] Bowler P, Murphy C, Wolcott R. Biofilm exacerbates antibiotic resistance: Is this a current oversight in antimicrobial stewardship? [J]. *Antimicrob Resist Infect Control*, 2020, 9(1):162.

[19] Ramamurthy T, Ghosh A, Chowdhury G, et al. Deciphering the genetic network and programmed regulation of antimicrobial resistance in bacterial pathogens[J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2022, 12:952491.

[20] Kazanjian PH. Efforts to regulate antibiotic misuse in hospitals: A history[J]. *Infect Control Hosp Epidemiol*, 2022, 43(9):1119-1122.

[21] Morales-Dur n N, Leon-Buitimea A, Morones-Ramirez JR. Unraveling resistance mechanisms in combination therapy: A comprehensive review of recent advances and future directions [J]. *Heliyon*, 2024, 10(6):e27984.

[22] 沈平华, 陈慧芬. 新型四环素灭活酶 tet(X) 致替加环素耐药的机制研究进展[J]. *诊断学理论与实践*, 2023, 22(1):75-79.

[23] 徐敏, 王丽卫, 辛念, 等. 新型抗生素筛选的研究进展[J]. *中国抗生素杂志*, 2024, 49(7):764-771.

[24] 吴文湘, 于晓兰. 人工流产后生殖道感染[J]. *中国计划生育学杂志*, 2021, 29(4):851-854.

[25] 魏天舒, 李玉华. 分析人工流产后继发不孕症的原因及临床诊治措施[J]. *智慧健康*, 2020, 6(7):189-190.

[26] 杨小蕊. 生殖道解脲支原体感染与女性反复自然流产的相关性分析[J]. *临床医学*, 2023, 43(10):77-79.

[27] 徐芳芹. 女性生殖道解脲支原体、沙眼衣原体感染对自然流产的影响[J]. *妇儿健康导刊*, 2023, 2(23):107-109.

[28] Muzny CA, Harbison HS, Austin EL, et al. Sexually transmitted infection risk among women is not fully explained by partner numbers[J]. *South Med J*, 2017, 110(3):161-167.

[29] 于海柱. 北京市房山区在校大学生性行为状况及影响因素分析 [J]. *预防医学论坛*, 2023, 29(5):389-391, 400.

【收稿日期】 2024-11-14 【修回日期】 2025-01-30