

DOI:10.13350/j.cjpb.260118

• 调查研究 •

细菌性阴道病菌群特点及相关因素调查

杨峻¹, 刘扬¹, 付晴晴^{2*}

(1. 武汉市洪山区妇幼保健院检验科, 湖北武汉 430070; 2. 湖北省妇幼保健院妇保科)

【摘要】 **目的** 探究细菌性阴道病(BV)患者阴道菌群特点, 分析其发病相关因素, 为临床防治提供理论依据。 **方法** 选取于本院门诊就诊的 178 例 BV 患者作为 BV 组, 同时选取 90 例健康体检女性作为对照组。采集两组阴道分泌物样本, 运用 PCR 技术检测阴道关键菌群丰度, 采用常规实验室检测方法测定阴道分泌物相关指标, 通过问卷调查收集患者临床资料。运用统计学方法进行数据分析, 探究 BV 发病的相关因素。 **结果** BV 组患者加德纳菌、普雷沃菌、阿托波菌、乳酸杆菌丰度分别为(0.39±0.09)%、(0.22±0.06)%、(0.15±0.08)%、(0.10±0.01)% , 对照组分别为(0.11±0.08)%、(0.11±0.08)%、(0.04±0.06)%、(0.68±0.02)%。BV 组患者加德纳菌、普雷沃菌及阿托波菌相对丰度均显著高于对照组($t=25.569, 12.395, 12.477$, 均 $P<0.05$), 乳酸杆菌相对丰度为显著低于对照组($t=-251.167, P<0.05$); BV 组阴道分泌物多项异常指标占比、阴道 Nugent 评分及临床症状评分均显著高于对照组; 年龄 ≥ 50 岁、首次性生活年龄 <19 岁、近 2 个月性生活频率 ≥ 8 次/月、未采用避孕措施、经期日更换卫生巾频率 <3 次是 BV 发生的独立危险因素。 **结论** BV 患者阴道菌群失衡, 多种因素与 BV 发病密切相关, 临床应针对相关危险因素采取干预措施, 以降低 BV 发病率。

【关键词】 细菌性阴道病; 菌群特点; 相关因素

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2026)01-0090-04

[Journal of Pathogen Biology. 2026 Jan.; 21(01):90-93, 98.]

Survey on the Flora Characteristics and Related Factors of Bacterial Vaginosis

YANG Jun¹, LIU Yang¹, FU Qingqing² (1. Department of Laboratory, Wuhan Hongshan District Maternal and Child Health Hospital, Wuhan 430070, China; 2. Department of Women's Health Care, Maternal and Child Health Hospital of Hubei Province)

【Abstract】 **Objective** To explore the characteristics of vaginal flora in patients with bacterial vaginosis (BV) and analyze the related risk factors for its pathogenesis, so as to provide a theoretical basis for clinical prevention and treatment. **Methods** A total of 178 BV patients admitted to the outpatient department of our hospital were selected as the BV group, and 90 healthy women undergoing physical examinations were selected as the control group. Vaginal secretion samples of the two groups were collected. PCR technology was used to detect the abundance of key vaginal microbiota. Routine laboratory detection methods were applied to determine relevant indicators of vaginal secretions. Clinical data of patients were collected by questionnaires. Statistical methods were used for data analysis to explore the related factors of BV. **Results** In the BV group, the abundances of *Gardnerella*, *Prevotella*, *Atopobium*, and *Lactobacillus* were (0.39±0.09)%, (0.22±0.06)%, (0.15±0.08)%, and (0.10±0.01)% respectively; while in the control group, the abundances were (0.11±0.08)%, (0.11±0.08)%, (0.04±0.06)%, and (0.68±0.02)% respectively. The relative abundances of *Gardnerella*, *Prevotella*, and *Atopobium* in the BV group were significantly higher than those in the control group ($t=25.569, 12.395, 12.477$, all $P<0.05$), while the relative abundance of *Lactobacillus* was significantly lower than that in the control group ($t=-251.167, P<0.05$); the proportions of multiple abnormal indicators in vaginal secretions, vaginal Nugent scores, and clinical symptom scores in the BV group were all significantly higher than those in the control group. Age ≥ 50 years, age at first sexual intercourse <19 years, sexual frequency ≥ 8 times in the past 2 months, unprotected sexual intercourse, and menstrual pad replacement frequency <3 times per day were independent risk factors for BV. **Conclusion** The vaginal microbiota of BV patients is imbalanced, and multiple factors are closely related to the occurrence of BV. Clinicians should take intervention measures against relevant risk factors to reduce the incidence of BV.

【Keywords】 bacterial vaginosis; microbiota characteristics; related factors*

* **【通信作者】** 付晴晴, E-mail: 80679946@qq.com

【作者简介】 杨峻(1984-), 女, 湖北武汉人, 本科, 主管技师, 研究方向: 临床检验。E-mail: yang0112jun@163.com

细菌性阴道病(Bacterial vaginosis, BV)是一种常见的女性下生殖道感染性疾病,主要由阴道内正常菌群失调引发,不同人种之间发病率具有差异性^[1-2]。正常情况下,阴道内以乳酸杆菌为优势菌,可通过产生乳酸维持阴道酸性环境,并分泌过氧化氢等物质抑制病原菌生长,构成抵御外界病原体入侵的重要屏障,当阴道微生态平衡被打破时,以加德纳菌为首的多种厌氧菌大量增殖,进而引发 BV^[3]。BV 不仅可以导致患者出现阴道分泌物增多、异味、瘙痒等不适症状,还与多种不良健康结局密切相关,盆腔炎、子宫内膜炎等上生殖道感染的风险显著增加,同时, BV 还可能增加人乳头瘤病毒(HPV)、人类免疫缺陷病毒(HIV)等性传播疾病的感染风险,进一步加重患者的健康负担^[4-5]。目前 BV 发病机制尚未完全明确,深入探究 BV 患者阴道菌群特点,分析其发病相关因素,对于揭示 BV 的发病机制、制定科学有效的防治策略具有重要意义。本研究通过对比 BV 患者与健康女性的阴道菌群及相关临床资料,旨在明确 BV 患者阴道菌群的变化规律及其发病的危险因素,为 BV 的临床防治提供理论依据,从而降低 BV 的发病率及其不良影响。

对象与方法

1 研究对象

选取于武汉市洪山区妇幼保健院门诊就诊的 178 例 BV 患者作为 BV 组,纳入标准:符合《细菌性阴道病诊治指南(2021 修订版)》^[6]中 BV 诊断标准,即满足以下 4 项指标中的 3 项或 3 项以上:①线索细胞阳性;②阴道分泌物均质、稀薄、灰白色,常黏附于阴道壁;③阴道分泌物 pH>4.5;④胺试验阳性。排除标准:①合并其他性传播疾病(如尖锐湿疣、淋病、梅毒等);②近 3 个月内使用过抗生素、阴道局部用药或进行过阴道冲洗等影响阴道微生态的治疗措施;③妊娠期或哺乳期女性;④患有严重肝肾功能障碍及免疫系统疾病的患者。同时选取同期在本院进行健康体检的 90 例女性作为对照组,纳入标准:①无阴道瘙痒、白带异常等临床症状;②阴道分泌物检查未发现异常;③无妇科病史;④近 3 个月内未使用过抗生素、阴道局部用药及进行阴道冲洗等操作;⑤非妊娠期及哺乳期女性。所有研究对象均签署知情同意书。

2 样本采集

使用无菌窥阴器充分暴露阴道,用无菌棉签在阴道侧壁上 1/3 处轻轻旋转,采集阴道分泌物样本。将采集的样本分为两部分,一部分置于无菌冻存管中,迅速放入-80℃冰箱保存,用于后续阴道菌群检测;另一部分用于阴道分泌物相关指标检测,包括 pH 测定、分泌物性状观察、氨试验及线索细胞检查。

3 阴道菌群检测

从-80℃冰箱取出冻存样本,在冰上缓慢解冻。采用 DNA 提取试剂盒,严格按照试剂盒说明书操作。先将解冻后的阴道分泌物样本转移至含裂解液的离心管中,涡旋振荡 1~2 min,随后在 65℃水浴锅中孵育 10~15 min,接着依次加入蛋白沉淀液,剧烈振荡 15 s,13 000 r/min 离心(离心半径 8.7 cm)5 min,将含有 DNA 的上清液转移至新的离心管,加入无水乙醇,充分混匀后,将混合液转移至吸附柱中,12 000 r/min 离心 1 min。随后依次用洗涤液 1、洗涤液 2 洗涤柱膜,最后加入适量洗脱缓冲液,室温静置 2~3 min 后,12 000 r/min 离心 1 min,将提取的 DNA 洗脱至无菌离心管中,置于-20℃冰箱待测。采用 PCR 检测仪 SYBR Green 荧光染料法对乳酸杆菌、加德纳菌、普雷沃菌及阿托波菌进行定量检测。反应过程中设置阴性对照(以无核酸酶水替代 DNA 模板)和阳性对照(以已知含有目标菌的标准品作为模板),用于判断检测结果准确性和可靠性。每次检测进行 3 次生物学重复,减少实验误差。数据收集后采用仪器配套软件进行分析,根据 Ct 值(循环阈值)计算各目标菌相对丰度。

4 阴道分泌物相关指标检测

4.1 pH 测定 使用精密 pH 试纸(pH 范围为 3.8~6.4)测定阴道分泌物 pH 值。将试纸一端浸入阴道分泌物样本中,停留 2~3 s 后取出,与标准比色卡对比,读取 pH 值。

4.2 分泌物性状观察 在自然光线下,观察阴道分泌物的颜色、质地和性状,记录是否呈灰白色、奶油状且质地稀薄。

4.3 氨试验 取 1 滴阴道分泌物置于载玻片上,滴加 10%氢氧化钾溶液 1~2 滴,立即嗅闻气味。若产生鱼腥味,则氨试验阳性;无明显气味则为阴性。

4.4 线索细胞检查 取 1 滴阴道分泌物与 1 滴生理盐水混合均匀,制成湿片,在光学显微镜($\times 400$)下观察。若视野中鳞状上皮细胞表面附着大量加德纳菌及其他厌氧菌,细胞边缘模糊不清,呈锯齿状,则为线索细胞阳性;若未发现上述特征,则为阴性。

5 临床症状评分及 Nugent 评分

5.1 临床症状评分 根据患者阴道瘙痒、白带异常、异味等症状的严重程度进行评分。无症状计 0 分;轻度症状(症状轻微,不影响日常生活)计 1 分;中度症状(症状明显,对日常生活有一定影响)计 2 分;重度症状(症状严重,严重影响日常生活)计 3 分。将各项症状评分相加,得到临床症状总评分。

5.2 Nugent 评分 采用 Nugent 评分系统对阴道菌群进行评分。通过革兰染色观察阴道涂片,根据乳酸杆菌、革兰阴性或革兰染色不定的小杆菌(如加德纳

菌、普雷沃菌等)及革兰阳性球菌的数量进行评分。0~3分为正常菌群,提示乳酸杆菌占优势;4~6分为中间态,提示阴道微生态改变;7~10分为BV,提示乳酸杆菌减少,以加德纳菌等厌氧菌为主的菌群过度生长。

6 临床资料收集

通过问卷调查的方式收集两组研究对象的临床资料,包括年龄、首次性生活年龄、近2个月性生活频率、HR-HPV感染情况、女性性生活前后清洗习惯、避孕措施、文化程度、流产史、经期日更换卫生巾频率等。问卷由经过统一培训的调查人员进行面对面询问填写,确保资料的准确性和完整性。

7 统计学方法

采用SPSS 26.0统计软件进行数据分析。计量资料以均数±标准差($\bar{x} \pm s$)表示,组间比较采用独立样本 *t* 检验;计数资料以例数和构成比(%)表示,组间比较采用 χ^2 检验。对可能与BV发生相关的因素进行单因素分析,将单因素分析中差异具有统计学意义($P < 0.05$)的因素纳入二元 Logistic 回归模型进行多因素分析,以探究BV发生的独立危险因素。检验水准 $\alpha = 0.05, P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1 两组阴道关键菌群比较

BV组患者加德纳菌、普雷沃菌、阿托波菌、乳酸杆菌丰度分别为(0.39±0.09)%、(0.22±0.06)%、(0.15±0.08)%、(0.10±0.01)%、对照组分别为(0.11±0.08)%、(0.11±0.08)%、(0.04±0.06)%、(0.68±0.02)%。BV组患者加德纳菌、普雷沃菌及阿托波菌相对丰度均显著高于对照组($t = 25.569, 12.395, 12.477, 均 P < 0.05$),乳酸杆菌相对丰度为显著低于对照组($t = -251.167, P < 0.05$)。

2 两组阴道分泌物相关指标比较

BV组患者阴道分泌物 pH > 4.5 者占比为 77.53%(138/178),分泌物呈灰白色、奶油状且质地稀薄者占比为 53.37%(95/178),氨试验阳性者占比为 42.70%(76/178),线索细胞阳性者占比为 81.46%(76/178),均显著高于对照组(均 $P < 0.05$)。见表 1。

表 1 两组阴道分泌物相关指标比较
Table 1 Comparison of related indicators of vaginal secretions between the two groups

组别	BV组(n=178)		对照组(n=90)		χ^2	P值
	病例数	构成比(%)	病例数	构成比(%)		
pH>4.5	138	77.53	22	24.44	70.012	0.000
分泌物性状异常	95	53.37	15	16.67	33.280	0.000
氨试验阳性	76	42.70	13	14.44	21.511	0.000
线索细胞阳性	145	81.46	20	22.22	88.651	0.000

3 两组临床症状评分及 Nugent 评分比较

BV组阴道 Nugent 评分、临床症状评分分别为(7.81±0.62)分、(4.20±0.67)分,对照组 Nugent 评分、临床症状评分分别为(4.01±0.49)分、(1.99±0.46)分。BV组阴道 Nugent 评分、临床症状评分均显著高于对照组($t = 55.030, 31.719, 均 P < 0.05$)。

4 细菌性阴道病相关因素分析

4.1 单因素分析 对比两组患者临床资料,单因素分析显示:年龄、首次性生活年龄、近2个月性生活频率、HR-HPV感染、女性性生活前后清洗、避孕措施、经期日更换卫生巾频率差异有统计学意义($P < 0.05$),文化程度、流产史差异无统计学意义($P > 0.05$)(表 2)。

表 2 BV 发生的相关单因素分析
Table 2 Univariate analysis of related factors for the occurrence of BV

相关因素		BV组 (n=178)	对照组 (n=90)	χ^2	P值
年龄	≥50岁	54	10	12.155	0.000
	<50岁	124	80		
首次性生活年龄	<19岁	36	9	4.473	0.034
	≥19岁	142	81		
近2个月性生活频率 (次/月)	≥8次/月	34	5	8.820	0.003
	<8次/月	144	85		
HR-HPV感染	阳性	41	8	8.005	0.005
	阴性	137	82		
女性性生活前后清洗	否	71	22	6.291	0.012
	是	107	68		
避孕措施	无	98	16	33.985	0.000
	有	80	74		
文化程度	高中及以下	90	55	2.679	0.102
	大专及以上	88	35		
经期日更换卫生巾频率	<3次	95	26	14.467	0.000
	≥3次	83	64		
流产史	有	105	62	2.495	0.114
	无	73	28		

4.2 多因素分析 将上述具有统计学意义的单因素进一步进行二元 Logistic 回归分析,结果显示,年龄 ≥ 50岁、首次性生活年龄 < 19岁、近2个月性生活频率 ≥ 8次/月、未采用避孕措施、经期日更换卫生巾频率 < 3次是BV发生的独立危险因素。见表 3。

表 3 BV 发生的相关多因素分析
Table 3 Multivariate analysis of related factors for the occurrence of BV

相关因素	β	SE	Wald χ^2 值	P值	OR值	OR 95% CI
年龄 ≥ 50岁	1.056	0.409	6.675	0.010	2.875	(1.29~6.406)
首次性生活年龄 < 19岁	-0.954	0.455	4.401	0.036	0.385	(0.158~0.939)
近2个月性生活频率 ≥ 8次/月	1.542	0.541	8.113	0.004	4.674	(1.618~13.507)
未采用避孕措施	-1.653	0.343	23.277	0.000	0.191	(0.098~0.375)
经期日更换卫生巾频率 < 3次	-1.042	0.315	10.915	0.001	0.353	(0.19~0.654)

讨 论

本研究对 178 例 BV 患者和 90 例健康女性的阴

道菌群及相关临床资料进行了对比分析,深入探究了BV患者阴道菌群特点及其发病相关因素,研究结果为进一步认识BV的发病机制和临床防治提供了重要依据。

在阴道菌群特点方面,研究结果显示,BV组患者加德纳菌、普雷沃菌及阿托波菌相对丰度显著高于对照组,而乳酸杆菌相对丰度显著低于对照组,与以往大量研究结果一致^[7-8]。正常情况下,阴道内乳酸杆菌通过发酵糖原产生乳酸,维持阴道酸性环境,同时分泌过氧化氢、细菌素等物质,抑制其他病原菌的生长,是阴道微生态平衡的重要维持者^[9]。当阴道微生态失调时,乳酸杆菌数量减少,其优势地位被打破,以加德纳菌为代表的多种厌氧菌大量增殖。加德纳菌等厌氧菌过度生长不仅会消耗阴道内的糖原,减少乳酸生成,导致阴道pH值升高,还会产生多种酶类和毒素,进一步破坏阴道黏膜的防御功能,使得阴道更易受到其他病原体的侵袭^[10]。普雷沃菌和阿托波菌等也在BV的发生发展过程中发挥重要作用,与加德纳菌协同作用,共同促进了阴道菌群的紊乱。

从阴道分泌物相关指标来看,BV组患者阴道分泌物pH>4.5者占比为77.53%,显著高于对照组。这是由于乳酸杆菌数量减少,乳酸分泌不足,无法维持阴道的酸性环境,使得阴道pH值升高。BV组分泌物呈灰白色、奶油状且质地稀薄者占比达53.37%,氨试验阳性者占比42.70%,线索细胞阳性者占比81.46%,均显著高于对照组。这是由于加德纳菌等厌氧菌大量繁殖后,会分解阴道分泌物中的蛋白质等成分,产生胺类物质,导致分泌物性状改变并出现鱼腥味(氨试验阳性);同时,这些厌氧菌附着在鳞状上皮细胞表面,形成线索细胞^[11-12]。这些指标的异常不仅是BV诊断的重要依据,也直观反映了阴道菌群失调对阴道微环境的破坏。

在临床症状评分及Nugent评分方面,BV组的评分显著高于对照组。Nugent评分结果进一步证实了BV患者阴道内乳酸杆菌减少,以加德纳菌等厌氧菌为主的菌群过度生长的状态。而临床症状评分高则说明BV患者因阴道分泌物异常、异味、瘙痒等症状,生活质量受到严重影响。这提示临床医生在关注BV患者菌群变化的同时,也要重视缓解患者的临床症状,提高患者的生活质量。

在BV发病相关因素方面,本研究发现年龄≥50岁、首次性生活年龄<19岁、近2个月性生活频率≥8次/月、未采用避孕措施、经期日更换卫生巾频率<3次是BV发生的独立危险因素。年龄≥50岁的女性处于围绝经期或绝经后,体内雌激素水平下降,阴道黏膜变薄、干涩,糖原含量减少,乳酸杆菌生长受限,阴道

局部抵抗力降低,从而增加了BV的发病风险^[13-14]。首次性生活年龄<19岁的女性,生殖系统可能尚未发育完全,阴道微生态相对脆弱,过早开始性生活容易破坏阴道内环境的平衡,使得病原体更容易侵入并引发感染。近2个月性生活频率≥8次/月,频繁的性生活可能会改变阴道内的菌群分布,同时性生活过程中可能会将外界病原体带入阴道,增加菌群失调的几率^[15]。未采用避孕措施的女性,性生活过程中缺乏屏障保护,更容易受到外界细菌、病毒等病原体的侵袭,而且精液呈碱性,频繁接触精液可能会改变阴道的pH值,不利于乳酸杆菌生长^[16]。经期日更换卫生巾频率<3次时,经血为细菌生长提供了良好的营养环境,若卫生巾更换不及时,局部潮湿、温热,会促进厌氧菌等大量繁殖,进而破坏阴道微生态平衡^[17]。

综上所述,本研究明确了BV患者阴道菌群失衡的特点,发现多种因素与BV发病密切相关。临床实践中,应针对这些危险因素对女性进行健康教育,指导其保持良好的生活习惯和卫生习惯,同时,定期进行阴道微生态检查,及时发现并纠正阴道菌群失调,对于降低BV发病率、改善女性生殖健康具有重要意义。

【参考文献】

- [1] Svare JA, Schmidt H, Hansen BB, et al. Bacterial vaginosis in a cohort of Danish pregnant women: Prevalence and relationship with preterm delivery, low birthweight and perinatal infections [J]. BJOG, 2019, 113(2): 1419-1426.
- [2] 齐亮,唐晓磊,赵锡铜. 妊娠合并细菌性阴道病感染特征及妊娠结局分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(5): 566-569, 574.
- [3] Coudray MS, Madhivanan P. Bacterial vaginosis-A brief synopsis of the literature[J]. Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol, 2020, 245(1): 143-148.
- [4] 张华杰,丁森,何宏舸,等. 细菌性阴道病菌群特点及感染因素分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(8): 968-971, 977.
- [5] Denney JM, Culhane JF. Bacterial vaginosis: a problematic infection from both a perinatal and neonatal perspective[J]. Semin Fetal Neonatal Med, 2022, 14(4): 200-203.
- [6] 中华医学会妇产科学分会感染性疾病协作组. 细菌性阴道病诊治指南(2021修订版)[J]. 中华妇产科杂志, 2021, 56(1): 3-6.
- [7] Hao SL, Castaneda GR, Cohen CR, et al. Metagenomic next generation sequencing analysis of vaginal microbiome composition in patients with bacterial vaginosis treated with lactin-v (*Lactobacillus crispatus* CTV-05) versus placebo [J]. Am J Obstet Gynecol, 2020, 223(6): 967-968.
- [8] Oyenihni AB, Haines R, Trama J, et al. Molecular characterization of vaginal microbiota using a new 22-species qRT-PCR test to achieve a relative-abundance and species-based diagnosis of bacterial vaginosis[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2024, 14(10): 1409-1417.
- [9] Hertzberger R, May A, Kramer G, et al. Genetic elements orchestrating *Lactobacillus crispatus* glycogen metabolism in the vagina[J]. Int J Mol Sci, 2022, 23(10): 5590-5595.
- [10] Robinson LS, Schwebke J, Lewis WG, et al. Identification and characterization of NanH2 and NanH3, enzymes responsible for sialidase activity in the vaginal bacterium *Gardnerella vaginalis* [J]. J Biol Chem, 2018, 293(6): 698-702.

(下转 98 页)

胺培南属于碳青霉烯类药,阿米卡星属于氨基糖苷类药,均具有广泛抗菌活性,能够通过干扰细菌蛋白质合成,发挥抗菌作用。但从整体耐药性看,大肠埃希菌对多种抗生素均表现为耐药,因此在选择抗生素时,需在药敏结果基础上,合理选择^[22-23]。

综上所述,不同感染程度 2 型糖尿病足患者病原菌分布和耐药结果均不同,轻度感染以金黄色葡萄球菌为主,中度、重度感染以大肠埃希菌为主,因此需在控制感染的同时,考虑病原菌的不同耐药机制,结合药敏试验合理选择抗菌药物。

【参考文献】

[1] 郑海龙,那涵,陈小盼,等. 老年糖尿病足混合细菌感染病原菌分布及与免疫功能的相关性[J]. 中国老年学杂志,2022,42(17):4195-4200.

[2] Tong KPS, Green SJ, Ortiz J, et al. Association between hemoglobin A1c, Vitamin C, and microbiome in diabetic foot ulcers and intact skin: A cross-sectional study[J]. Health Sci Rep,2022,5(5):e718.

[3] 张加其,姜晓锐,王凯,等. 糖尿病足感染患者的病原菌类型与病例特点及预后的相关性[J]. 医药导报,2022,41(9):1360-1365.

[4] 吴丹,张杨帆,谢佳良,等. 165例糖尿病足 MDRO 感染患者病原菌学及危险因素 Logistic 回归分析[J]. 河北医科大学学报,2024,45(9):1041-1046.

[5] 中国医疗保健国际交流促进会外周血管医学分会,首都医科大学下肢动脉硬化闭塞症临床诊疗与研究中心,北京华炎血管疾病诊疗产业技术创新战略联盟,等. 中国糖尿病足诊治指南[J]. 中国临床医生杂志,2024,52(11):1287-1296.

[6] 王雷,杨慧,李盖,等. 关于国际糖尿病足工作组/美国感染病学会《糖尿病患者足部感染诊治指南(2023版)》的更新与解读[J]. 中华糖尿病杂志,2024,16(1):38-42.

[7] 何睿,齐心,温冰,等. 糖尿病足骨髓炎的病原菌分布与耐药性分析[J]. 中国临床药理学杂志,2021,37(21):2961-2964.

[8] 李萌,张会峰,肖二辉,等. 糖尿病足患者骨髓炎病原菌分布特点及药敏分析[J]. 中华内分泌代谢杂志,2020,36(2):120-126.

[9] 何璐,王雅文,牛文彦. 糖尿病足感染的病原菌特征及耐药性分析[J]. 天津医科大学学报,2021,27(6):637-641.

[10] 尹莉莉,武秀玲,王阿妮,等. 糖尿病足感染病原菌及血清 IL-17、

IL-12p70、IL-8、CRP 与感染进展的关系[J]. 中华医院感染学杂志,2024,34(19):2942-2946.

[11] 翟晓慧,段玉君,颜廷强,等. 糖尿病足感染患者并发多耐药菌的病原菌与危险因素模型构建[J]. 中华医院感染学杂志,2023,33(23):3577-3581.

[12] 陈韵,黄文森,康锦芬. 糖尿病足复发感染病原菌分布及耐药情况分析[J]. 中国病原生物学杂志,2023,18(10):1195-1199.

[13] Piksa M, Fortuna W, Lian C, et al. Treatment of antibiotic-resistant bacteria colonizing diabetic foot ulcers by OLED induced antimicrobial photodynamic therapy[J]. Sci Rep,2023,13(1):14087.

[14] 齐秦,张振帅,鲁文君. 糖尿病足感染患者病原菌分布及血清 HMGB1、IL-8、CRP 水平的临床意义[J]. 热带医学杂志,2024,24(7):1021-1025.

[15] 胡琳,陈鹤鸣,祁平,等. 本院糖尿病足感染的病原菌分布及其多重耐药菌的危险因素分析[J]. 贵州医药,2021,45(2):286-287.

[16] 谢树永,牛敏,申金付,等. 糖尿病足复发感染不同严重程度分级中病原菌分布特点研究[J]. 中国全科医学,2020,23(8):919-922.

[17] 王昭俐,张永强,马军民,等. 2型糖尿病足不同感染程度对氧化应激的影响及病原菌分布和耐药分析[J]. 广东药科大学学报,2022,38(3):120-124.

[18] Wu M, Guo F, He X, et al. Analysis of distribution and drug susceptibility test results of pathogenic bacteria in diabetic foot ulcers[J]. Diabetes Ther,2024,15(7):1627-1637.

[19] 郝青,秦世杰,曲艺,等. 糖尿病足感染患者病原菌及血清 APN、IL-17 表达与感染程度的相关性[J]. 中华医院感染学杂志,2021,31(1):19-23.

[20] 王焱,初晶学,孙涛. 糖尿病足患者病原菌分布及血清炎症因子与病情及预后的相关性分析[J]. 河北医学,2020,26(9):1413-1416.

[21] 刘凤,许珊,简化刚. 158例糖尿病足病原菌分布与创面特点的关系[J]. 重庆医学,2021,50(13):2260-2262,2268.

[22] Chen T, Yu J, Ye J, et al. Infection characteristics and drug susceptibility of multidrug-resistant bacteria in patients with diabetic foot ulcers[J]. Clin Lab,2023,69(9):1931-1938.

[23] 廖婷婷,杨浩,何晓莉,等. 糖尿病足感染病原菌分布与尿微蛋白白关系的临床研究[J]. 中国抗生素杂志,2020,45(8):810-813.

【收稿日期】 2025-07-19 【修回日期】 2025-10-11

(上接 93 页)

[11] Saraf VS, Sheikh SA, Ahmad A, et al. Vaginal microbiome: Normalcy vs dysbiosis[J]. Arch Microbiol,2021,203(7):3793-3802.

[12] Bhandari P, Hill JE. Transport and utilization of glycogen breakdown products by *Gardnerella* spp. from the human vaginal microbiome [J]. Microbiol Spectrum,2023,11(2):435-442.

[13] 惠月红,顾燕芳,顾劲松,等. 绝经前后女性细菌性阴道炎菌群和激素水平的比较研究[J]. 中国病原生物学杂志,2025,20(6):703-707.

[14] Romero R, Theis KR, Gomez-Lopez N, et al. The vaginal microbiota of pregnant women varies with gestational age, maternal age, and parity[J]. Microbiol Spectr,2023,11(4):942-

948.

[15] Dominguez-Sanchez A, Giraldo-Sanchez LM, Franco-Morales A, et al. Sexual behavior and vaginal microbiota: A cross-sectional study in women of reproductive age[J]. J Infect Public Health, 2023,16(5):717 - 723.

[16] Muzny CA, Edwards DJ, Buck GA, et al. The vaginal microbiota and host immune system in synergy: Driving women's health or disease[J]. Front Immunol,2021,12(7):731-734.

[17] Gajdova D, Kascak P, Hrnecar C, et al. Impact of menstrual hygiene practices on vaginal microbiota and genital health in women[J]. Microb Ecol Health Dis,2023,34(1):212-216.

【收稿日期】 2025-08-07 【修回日期】 2025-10-26