

## 支原体和衣原体感染与慢性盆腔炎患者阴道菌群分布的关系

郭聪华 陈爱静 蒋智锋 游琴秀 詹婉霞

作者单位: 364000 福建龙岩, 龙岩市第二医院检验科(郭聪华、陈爱静、蒋智锋、游琴秀)

364030 福建龙岩, 龙岩市中医院肛肠科(詹婉霞)

通信作者: 郭聪华, Email: agou4826@163.com

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7151.2025.03.005

**【摘要】** 目的 探讨支原体和衣原体感染与慢性盆腔炎(CPID)患者阴道菌群分布的关系。方法 选择 2022 年 1 月—2024 年 12 月在龙岩市第二医院就诊的 158 例 CPID 患者为观察组,另选同期 158 例健康体检女性为对照组。对所有研究对象采用 PCR 技术检测支原体和衣原体,比较两组受检者支原体与衣原体感染率,以及感染与未感染 CPID 患者的阴道菌群分布差异。**结果** 观察组支原体和衣原体感染率均高于对照组,差异均有统计学意义(支原体感染率: 38.61% 比 8.86%; 衣原体感染率: 28.48% 比 6.33%; 均  $P < 0.05$ )。在 CPID 患者中,支原体感染患者的菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比均显著高于未感染患者,差异均有统计学意义(菌群密度 I 级 + IV 级: 81.97% 比 51.55%; 菌群多样性 I 级 + IV 级: 77.05% 比 53.61%; 微生态异常: 83.61% 比 63.92%; 均  $P < 0.05$ )。衣原体感染患者的菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比均显著高于未感染患者,差异均有统计学意义(菌群密度 I 级 + IV 级: 88.89% 比 53.10%; 菌群多样性 I 级 + IV 级: 84.44% 比 53.98%; 微生态异常: 86.67% 比 65.49%; 均  $P < 0.05$ )。**结论** CPID 患者的支原体和衣原体感染风险均较高,且感染该类病原体会影响阴道菌群分布,需高度重视,及时做好抗感染治疗。

**【关键词】** 慢性盆腔炎; 支原体感染; 衣原体感染; 阴道菌群

### Relationship between mycoplasma, chlamydia infection and distribution of vaginal flora in patients with chronic pelvic inflammatory disease

Guo Conghua, Chen Aijing, Jiang Zhifeng, You Qinxu, Zhan Wanxia. Department of Clinical Laboratory, Longyan Second Hospital, Longyan 364000, Fujian, China (Guo CH, Chen AJ, Jiang ZF, You QX); Department of Proctology, Longyan Hospital of Traditional Chinese Medicine, Longyan 364030, Fujian, China (Zhan WX)

Corresponding author: Guo Conghua, Email: agou4826@163.com

**【Abstract】 Objective** To investigate the relationship between mycoplasma and chlamydia infection and distribution of vaginal flora in patients with chronic pelvic inflammatory disease (CPID). **Methods** A total of 158 patients with CPID who visited Longyan Second Hospital from January 2022 to December 2024 were selected as research subjects and included in observation group. In addition, 158 healthy women who underwent physical examinations during the same period were selected as control group. The infection rates of mycoplasma and chlamydia were detected using PCR technique for all research subjects, the infection rates of mycoplasma and chlamydia were compared between two groups, and the differences in vaginal microbiota distribution between infected and uninfected CPID patients were compared. **Results** The infection rates of mycoplasma and chlamydia in observation group were higher than those in control group, with statistically significant difference (mycoplasma infection rate: 38.61% vs. 8.86%; chlamydia infection rate: 28.48% vs. 6.33%; both  $P < 0.05$ ). Among CPID patients, the proportions of mycoplasma infection patients with grade I + IV microbiota density, grade I + IV microbiota diversity and microecological abnormalities were higher than those of uninfected patients, with statistically significant differences (grade I + IV microbiota density: 81.97% vs. 51.55%; grade I + IV microbiota diversity: 77.05% vs. 53.61%; microecological abnormalities: 83.61% vs. 63.92%; all  $P < 0.05$ ). The proportions of grade I + IV microbiota density, grade I + IV microbiota diversity and microecological abnormalities in patients with chlamydia infection were significantly higher than those in uninfected patients, with statistically significant differences (grade I + IV microbiota density: 88.89% vs. 53.10%; grade I + IV

microbiota diversity: 84.44% vs. 53.98%; microecological abnormalities: 86.67% vs. 65.49%; all  $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Patients with CPID have a relatively high risk of mycoplasma and chlamydia infection, and infection with such pathogens could affect the distribution of vaginal flora. Great attention should be paid and anti-infection treatment should be carried out in a timely manner.

**【Key words】** Chronic pelvic inflammatory disease; Mycoplasma infection; Chlamydia infection; Vaginal flora

慢性盆腔炎(chronic pelvic inflammatory disease, CPID)是常见妇科疾病,以盆腔组织持续性炎症反应为主要特征,可引发盆腔粘连、输卵管阻塞及不孕等严重并发症<sup>[1-2]</sup>。支原体与衣原体作为泌尿生殖道常见的机会性致病微生物,其感染与盆腔炎的发生发展关系密切,但二者对阴道菌群结构的影响尚不明确<sup>[3]</sup>。阴道微生态系统是由多种微生物与宿主组织共同构成的动态平衡体系,以乳酸杆菌为优势菌的微生物群落通过产生乳酸、过氧化氢及抗菌肽维持阴道酸性环境,发挥生物屏障功能。当支原体或衣原体侵入泌尿生殖道后,不仅可直接损伤黏膜上皮细胞,还可能通过产生代谢产物干扰乳酸杆菌代谢,致使阴道 pH 值呈现上升趋势,对局部免疫防御功能产生削弱作用,为其他条件致病菌的增殖创造条件<sup>[4-5]</sup>。深入分析支原体和衣原体感染与 CPID 患者阴道菌群分布的内在联系,对明确盆腔炎的发病机制、制定精准化诊疗策略意义重大。本研究通过检测 CPID 患者与健康人群的支原体和衣原体感染情况,分析感染对阴道菌群密度、菌群多样性及微生态状态的影响,旨在明确支原体和衣原体感染与 CPID 患者阴道菌群分布的关系,为临床优化病原体检测及微生态调节治疗提供理论依据,现将结果报告如下。

## 1 资料与方法

**1.1 研究对象** 选择 2022 年 1 月—2024 年 12 月本院 158 例 CPID 患者作为研究对象,纳入观察组;另外选择同期 158 例健康体检女性纳入对照组。

**1.1.1 纳入标准** ①符合《盆腔炎症性疾病诊治规范(修订版)》<sup>[6]</sup>中 CPID 的诊断标准;②接受支原体、衣原体及阴道菌群检查;③有性生活史;④对本研究内容知情同意。

**1.1.2 排除标准** ①患有免疫系统疾病;②合并恶性肿瘤;③患有严重代谢性疾病;④近 7 d 内有抗菌药物使用史。

**1.1.3 伦理学** 本研究符合医学伦理学标准,并经本院医学伦理委员会批准(审批号:20250623),所有检测均获得过受检者或家属的知情同意。

**1.2 仪器与试剂** ABI StepOnePlus 实时荧光定量聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)检测系统由美国应用生物系统公司生产;BA4011 革兰染色液套装购自珠海贝索生物技术有限公司,无菌蒸馏水为国药集团化学试剂有限公司生产。

## 1.3 研究方法

**1.3.1 支原体和衣原体检测** 所有受检者在月经干净后 3~7 d 采集宫颈分泌物送检,取截石位,使用窥阴器暴露宫颈口,将棉拭子送至宫颈口采集样本,送至实验室以 PCR 测定支原体、衣原体感染情况。

**1.3.2 阴道菌群检测** 采集所有研究对象阴道分泌物,将棉拭子送入受检者阴道下 1/3 段采集分泌物,加入无菌蒸馏水混合后涂片,并经革兰染色后置于 100 倍油镜下观察菌群。菌群密度分级为 I 级:油镜下视野内细菌极少;II 级:油镜下视野内细菌可见但数量少;III 级:油镜下视野内细菌数量较多;IV 级:油镜下视野内细菌布满视野。菌群多样性分级为 I 级:视野内微生物种类极少;II 级:视野内可见少数几种微生物;III 级:视野内微生物种类较多;IV 级:视野内微生物种类丰富。将菌群密度及菌群多样性 II~III 级,且乳杆菌为优势菌群,即可判定为微生态正常,反之为异常。

**1.4 观察指标** ①支原体和衣原体感染情况:比较两组支原体和衣原体检出率;②支原体感染与阴道菌群分布的关系:比较支原体感染与未感染 CPID 患者的阴道菌群密度和菌群多样性分级差异以及微生态异常情况;③衣原体感染与阴道菌群分布的关系:比较衣原体感染与未感染 CPID 患者的阴道菌群密度和菌群多样性分级差异以及微生态异常情况。

**1.5 统计学方法** 采用 SPSS 29.0 软件统计数据。计数资料以例(%)表示,采用  $\chi^2$  检验;计量资料符合正态分布以均数  $\pm$  标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,采用  $t$  检验。 $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

## 2 结果

**2.1 一般资料** 观察组和对照组年龄、婚姻状况、孕次、人工流产史等一般资料差异均无统计学意义(均  $P > 0.05$ ),有可比性。见表 1。

表 1 观察组与对照组的一般资料比较

组别	例数 (例)	年龄 (岁, $\bar{x} \pm s$ )	婚姻状况(例)		孕次 (次, $\bar{x} \pm s$ )	人工流产史(例)	
			已婚	未婚		有	无
观察组	158	33.57±3.52	120	38	2.36±0.42	65	93
对照组	158	33.55±3.49	124	34	2.38±0.44	62	96
$\chi^2/t$ 值		0.051	0.288	0.413	0.119		
P 值		0.960	0.592	0.680	0.731		

2.2 两组支原体和衣原体感染情况比较 观察组的支原体和衣原体感染率均显著高于对照组,差异均有统计学意义(均  $P < 0.05$ )。见表 2。

表 2 观察组与对照组支原体和衣原体感染情况比较

组别	例数(例)	支原体感染[例(%)]	衣原体感染[例(%)]
观察组	158	61(38.61)	45(28.48)
对照组	158	14(8.86)	10(6.33)
$\chi^2$ 值		38.619	26.966
P 值		<0.001	<0.001

2.3 支原体感染与阴道菌群分布的关系 支原体感染患者菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比均显著高于未感染患者,差异均有统计学意义(均  $P < 0.05$ )。见表 3。

表 3 支原体感染与阴道菌群分布的关系

组别	例数 (例)	菌群密度[例(%)]	
		I 级 + IV 级	II 级 + III 级
支原体感染	61	50(81.97)	11(18.03)
未感染	97	50(51.55)	47(48.45)
$\chi^2$ 值		14.917	
P 值		<0.001	
组别	例数 (例)	菌群多样性[例(%)]	
		I 级 + IV 级	II 级 + III 级
支原体感染	61	47(77.05)	14(22.95)
未感染	97	52(53.61)	45(46.39)
$\chi^2$ 值		8.795	
P 值		0.003	
组别	例数 (例)	微生态情况[例(%)]	
		正常	异常
支原体感染	61	10(16.39)	51(83.61)
未感染	97	35(36.08)	62(63.92)
$\chi^2$ 值		7.127	
P 值		0.008	

2.4 衣原体感染与阴道菌群分布的关系 衣原体感染患者菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比均显著高于未感染患者,差异均有统计学意义(均  $P < 0.05$ )。见表 4。

表 4 衣原体感染与阴道菌群分布的关系

组别	例数 (例)	菌群密度[例(%)]	
		I 级 + IV 级	II 级 + III 级
衣原体感染	45	40(88.89)	5(11.11)
未感染	113	60(53.10)	53(46.90)
$\chi^2$ 值		17.745	
P 值		<0.001	
组别	例数 (例)	菌群多样性[例(%)]	
		I 级 + IV 级	II 级 + III 级
衣原体感染	45	38(84.44)	7(15.56)
未感染	113	61(53.98)	52(46.02)
$\chi^2$ 值		12.764	
P 值		<0.001	
组别	例数 (例)	微生态情况[例(%)]	
		正常	异常
衣原体感染	45	6(13.33)	39(86.67)
未感染	113	39(34.51)	74(65.49)
$\chi^2$ 值		7.088	
P 值		0.008	

### 3 讨论

CPID 的发病机制涉及多因素协同作用,其中病原体入侵引发的持续炎症反应是核心环节。盆腔组织长期处于炎症状态可导致组织纤维化和粘连,进而引起输卵管结构与功能异常,不仅会引起下腹痛、腰骶酸痛等症状,还可能造成不可逆的生育功能损伤<sup>[7-9]</sup>。而支原体与衣原体感染作为盆腔炎的重要诱因,危害性不仅体现在病原体直接侵袭生殖道黏膜,引发局部组织损伤,还在于病原体可通过释放毒性代谢产物,激活宿主免疫细胞,诱发过度炎症反应,加剧组织破坏。此外,持续的炎症刺激会打破阴道微生态平衡,形成“感染-炎症-微生态失衡”的恶性循环,使 CPID 病情迁延不愈。因此,还需明确支原体和衣原体感染对阴道菌群分布的影响机制,方可更好地完善治疗方案,促进患者康复。

本研究中观察组支原体、衣原体感染率分别为 38.61%、28.48%,显著高于对照组的 8.86%、6.33%。分析原因为:支原体是常见病原体,泌尿生殖道中解脲脲原体和人型支原体较常见,前者可利用自身携带的脲酶分解尿素产氨,后者则依赖精氨酸代谢获取能量。衣原体属于严格细胞内寄生的原核生物,具有独特的发育周期,沙眼衣原体是引发生殖道感染的主要病原体,感染人体后可在宿主细胞内形成包涵体,逃避机体免疫系统的清除作用。两者均具有黏附性强、免疫逃逸能力突出的特点,易在泌尿生殖道黏膜定植并造成持续感染<sup>[10]</sup>。而 CPID 由病

原体侵袭所致,支原体和衣原体作为常见的致病病原体在 CPID 患者中感染率均较高。

本研究中支原体感染 CPID 患者的菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比分别为 81.97%、77.05%、83.61%,均显著高于未感染患者的 51.55%、53.61%、63.92%。分析原因为支原体感染打破了阴道内微生物数量的稳态平衡,可能促使原本处于低丰度的条件致病菌大量增殖。而菌群多样性的增加虽看似丰富了微生物种类,但实际上反映乳酸杆菌等优势菌被抑制,大量潜在致病微生物得以生长,导致菌群结构从有益的“单一优势菌型”向紊乱的“多菌共存型”转变。微生态异常比例的大幅提升更直观地说明支原体感染严重扰乱阴道微生态的正常功能,削弱了其对病原体的抵抗能力。

本研究中衣原体感染 CPID 患者的菌群密度 I 级 + IV 级、菌群多样性 I 级 + IV 级、微生态异常占比分别为 88.89%、84.44%、86.67%,均显著高于未感染患者的 53.10%、53.98%、65.49%。分析原因为衣原体感染可能通过独特的致病机制(如分泌特殊毒素或干扰宿主细胞代谢)影响阴道上皮细胞的生理功能,进而改变阴道内环境<sup>[11-12]</sup>。这种改变不利于乳酸杆菌等有益菌的生存,却为加德纳菌、普雷沃菌等条件致病菌提供了适宜的生长环境,最终导致阴道微生态失衡加剧。由此可见,支原体、衣原体感染与 CPID 患者阴道菌群分布之间存在密切联系,感染引发的阴道微生态失衡在 CPID 的病理过程中具有促进作用。因此,临床针对 CPID 患者,应高度重视支原体、衣原体感染的早期筛查与精准治疗,及时清除病原体。同时配合微生态调节治疗(如补充益生菌、改善阴道 pH 值等)可促进阴道微生态的恢复,重建阴道防御屏障,这对控制 CPID 病情、降低疾病复发风险具有重要意义。

综上所述,支原体、衣原体感染与 CPID 患者阴道菌群分布存在密切关系,感染后可加重阴道微生态紊乱,影响患者恢复。但本研究仍存在多方面局限性:① 样本选取存在一定局限性,本研究的样本来源较单一,仅纳入某一地区或特定医疗机构的患者,缺乏多中心、大样本的广泛覆盖,导致研究结果在不同地域、种族人群中的外推性受限;② 样本的

纳入与排除标准可能未充分考虑患者个体差异,如生活习惯、既往病史等混杂因素,上述因素均可能独立影响阴道微生态及病原体感染状态,干扰研究结果的准确性。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

## 参考文献

- ESPOSITO C P. Intrauterine devices in the context of gonococcal infection, chlamydial infection, and pelvic inflammatory disease: not mutually exclusive [J]. *J Midwifery Womens Health*, 2020, 65 (4): 562-566. DOI: 10.1111/jmwh.13120.
- HA M M, BELCHER H M E, BUTZ A M, et al. Partner notification, treatment, and subsequent condom use after pelvic inflammatory disease: implications for dyadic intervention with urban youth [J]. *Clin Pediatr (Phila)*, 2019, 58 (11-12): 1271-1276. DOI: 10.1177/0009922819852979.
- 李莉,金平安,商玲霞. 下生殖道沙眼衣原体解脲支原体感染及合并感染发生与胚胎停育的相关性 [J]. *中国妇幼保健*, 2024, 39 (21): 4246-4249. DOI: 10.19829/j.zgfybj.issn.1001-4411.2024.21.028.
- 姚婕,张延丽. 胎膜早破孕妇阴道 B 族链球菌、支原体、衣原体感染与妊娠结局的关系分析 [J]. *中国性科学*, 2021, 30 (1): 72-75. DOI: 10.3969/j.issn.1672-1993.2021.01.023.
- 杨琳琳,李漫. 育龄妇女生殖道支原体、衣原体感染与人乳头瘤病毒感染关系 [J]. *中国计划生育学杂志*, 2023, 31 (5): 1176-1180. DOI: 10.3969/j.issn.1004-8189.2023.05.037.
- 中华医学会妇产科学分会感染性疾病协作组. 盆腔炎症性疾病诊治规范(修订版)[J]. *中华妇产科杂志*, 2014, 49 (6): 401-403. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0529-567x.2014.06.001.
- ERWOOD A, ALAWIEH A M. Complement activation kindles the transition of acute post-traumatic brain injury to a chronic inflammatory disease [J]. *Neural Regen Res*, 2022, 17 (10): 2228-2229. DOI: 10.4103/1673-5374.335799.
- 陈云,朱一喜,袁洁姣,等. 育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者阴道菌群和微生态改变及意义 [J]. *中国计划生育和妇产科*, 2024, 16 (5): 79-82. DOI: 10.3969/j.issn.1674-4020.2024.05.16.
- MURRAY S, AUGUSTYNIAC M, MURASE J E, et al. Barriers to shared decision-making with women of reproductive age affected by a chronic inflammatory disease: a mixed-methods needs assessment of dermatologists and rheumatologists [J]. *BMJ Open*, 2021, 11 (6): e043960. DOI: 10.1136/bmjopen-2020-043960.
- 祁彦萍,王英,杨建敏. 成年女性患 VVC 与支原体、衣原体感染的关系及年龄、MBL 对感染的影响 [J]. *热带医学杂志*, 2020, 20 (9): 1183-1186. DOI: 10.3969/j.issn.1672-3619.2020.09.015.
- 张青松,秦家云,王妮,等. 盆腔炎患者解脲支原体和沙眼衣原体感染菌群分布及优势菌药物敏感性 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2023, 33 (24): 3771-3775. DOI: 10.11816/cn.ni.2023-230626.
- 曹俊岩,刘小古,曾莉,等. 支原体及衣原体感染对慢性盆腔炎病情及阴道菌群的影响 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2023, 33 (13): 2037-2041. DOI: 10.11816/cn.ni.2023-222225.

(收稿日期: 2025-05-22)

(本文编辑: 邵文)