

doi:10.3969/j.issn.1005-3697.2023.03.014

❖ 临床研究 ❖

# 女性生殖道支原体感染与不孕症的关系及其对阴道微生物生态的影响

杜娟<sup>1</sup>, 刘婷婷<sup>2</sup>, 付晴晴<sup>2</sup>

(湖北省妇幼保健院, 1. 徐东院区妇科; 2. 妇保科, 湖北 武汉 430070)

**【摘要】目的:** 探讨女性生殖道支原体感染与不孕症的关系及其对阴道微生物生态的影响。**方法:** 选取 198 例女性不孕患者为不孕组, 同期 200 名健康体检正常生育女性为对照组, 均进行宫颈分泌物支原体检测。比较两组对象生殖道支原体[解脲支原体(UU)和人型支原体(MH)]感染情况及支原体感染与未感染者阴道微生物生态菌落构成; 实时荧光定量 PCR 技术检测支原体拷贝量。**结果:** 不孕组支原体感染率 56.57%, 高于对照组的 26.50% ( $P < 0.05$ )。其中 UU 阳性、MH 阳性、UU + MH 阳性比例分别为 41.41%、6.06%、9.09%, 高于对照组的 20.50%、2.00%、4.00% ( $P < 0.05$ )。不孕组 UU 拷贝量、MH 拷贝量高于对照组 ( $P < 0.05$ ); UU 拷贝量、MH 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 者比例为 42.93%、10.10%, 高于对照组的 12.50%、3.50% ( $P < 0.05$ )。不孕组继发性不孕者总支原体感染阳性率 67.52%, 高于原发性不孕者的 40.74% ( $P < 0.05$ ); 不孕组继发性不孕者 UU 拷贝量水平高于原发性不孕者 ( $P < 0.05$ ), UU 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 者比例高于原发性不孕者 ( $P < 0.05$ ); 不孕组生殖道支原体感染女性阴道微生物生态失衡比例 41.07%, 高于未感染女性的 24.42% ( $P < 0.05$ )。不孕组生殖道支原体感染女性外阴阴道假丝酵母病及无特殊病原体的阴道微生态失衡比例高于细菌性阴道病、滴虫性阴道病、需氧菌阴道病、混合感染比例 ( $P < 0.05$ )。对照组生殖道支原体感染女性阴道微生物生态失衡比例 30.19%, 高于未感染女性 13.61% ( $P < 0.05$ ); 不孕组阴道微生物生态失衡比例 36.87%, 高于对照组的 18.00% ( $P < 0.05$ ), 且感染患者阴道微生物生态失衡比例为 46.43%, 高于对照组感染患者的 30.19% ( $P < 0.05$ )。不孕组未感染患者阴道微生物生态失衡比例为 24.42%, 高于对照组未感染患者的 13.61% ( $P < 0.05$ )。**结论:** 支原体感染可引起阴道微生态环境失衡, 且与女性不孕关系密切; UU 是女性不孕的主要致病支原体种属, 相较于原发性不孕, 继发性不孕女性支原体感染比例更高。

**【关键词】** 不孕症; 生殖道; 支原体感染; 阴道微生物生态

**【中图分类号】** R711.6 **【文献标志码】** A

## Relationship between female genital mycoplasma infection and infertility and its effect on vaginal microecology

DU Juan<sup>1</sup>, LIU Ting-ting<sup>2</sup>, FU Qing-qing<sup>2</sup>

(1. Department of Gynecology, Xudong District; 2. Department of Maternal Health, Hubei Provincial Maternal and Child Health Hospital, Wuhan 430070, Hubei, China)

**【Abstract】Objective:** To investigate the effect of female genital tract mycoplasma infection on infertility and its relationship with vaginal microecology. **Methods:** A total of 198 female infertility patients were selected as the infertility group, and 200 normal fertile women who underwent physical examination during the same period were selected as the control group. Cervical secretions of both groups were tested for mycoplasma, and the infection status of genital tract mycoplasma [Ureaplasma Uticum (UU) and Mycoplasma hominis (MH)] between the two groups were compared, as well as the composition of vaginal microecological colonies between the two groups and the uninfected mycoplasma. The number of copies of mycoplasma was detected by real-time fluorescence quantitative PCR. **Results:** The infection rate of mycoplasma in infertility group was 56.57%, which was higher than 26.50% in control group ( $P < 0.05$ ). The positive rates of UU, MH and UU + MH were 41.41%, 6.06% and 9.09% respectively, which were higher than those in control group (20.50%, 2.00% and 4.00%) ( $P < 0.05$ ). The copy volume of UU and MH in the infertility group was higher than that in the control group ( $P < 0.05$ ). The copy volume of UU and MH count  $> 10^6$  copies/mL were 42.93% and 10.10%, respectively, which were higher than those of control group (12.50% and 3.50%, respectively,  $P < 0.05$ ). The positive rate of total mycoplasma infection in secondary infertility group was 67.52%, which was higher than that in primary infertility group (40.74%) ( $P < 0.05$ ).

基金项目: 湖北省卫生健康科研基金(WJ2019H161)

作者简介: 杜娟(1981-), 女, 主治医师。E-mail: dj13297019657@163.com

通讯作者: 付晴晴。E-mail: 80679946@qq.com

0.05)。The copy volume of UU in secondary infertility group was higher than that in primary infertility group ( $P < 0.05$ )。The proportion of UU copy volume  $> 10^6$  copies/mL was higher than that of primary infertility ( $P < 0.05$ )。The proportion of vaginal microecological imbalance in infertile women with genital tract mycoplasma infection was 41.07%, which was higher than that in uninfected women (24.42%) ( $P < 0.05$ )。Infertility group genital mycoplasma infection in women vulvovaginal candidiasis and no special pathogen vaginal microenvironment imbalance ratio was higher than that of bacterial vaginosis, trichomonas vaginal disease, aerobic vaginal disease, mixed infection ratio ( $P < 0.05$ )。The proportion of vaginal microecological imbalance in women with genital tract mycoplasma infection in the control group was 30.19%, which was higher than 13.61% in uninfected women ( $P < 0.05$ )。The proportion of vaginal microecological imbalance in infertility group was 36.87%, which was higher than 18.00% in control group ( $P < 0.05$ ) , and the proportion of vaginal microecological imbalance in infected patients was 46.43%, which was higher than 30.19% in control group ( $P < 0.05$ )。The proportion of vaginal microecological imbalance in non-infected patients in the infertility group was 24.42%, which was higher than 13.61% of non-infected patients in the control group ( $P < 0.05$ )。 **Conclusion:** Mycoplasma infection can cause imbalance of vaginal microecological environment, which is closely related to female infertility. UU is the main pathogenic mycoplasma species of female infertility. Compared with primary infertility, the proportion of mycoplasma infection in secondary infertility women is higher.

**【Key words】** Infertility; Genital tract; Mycoplasma infection; Vaginal microecological colonies

支原体不具备细胞壁,呈现高度多态,是最小的原核细胞微生物<sup>[1]</sup>。生殖道支原体主要包括解脲支原体 (*ureaplasma urealyticum*, UU) 和人型支原体 (*mycoplasma hominis*, MH), 广泛存在于人体内,机体免疫功能低下时可致病<sup>[2]</sup>。研究<sup>[3]</sup>发现,生殖道支原体感染与性行为、性伴侣数量、社会经济地位等相关。国内不同地区支原体感染率差异明显, UU、MH 感染率分别为 31% ~ 80%、0.78% ~ 6.3%。女性生殖道支原体感染的发生可引起尿道炎、盆腔炎等多种妇科炎症,同时还可能导致不良生育结局。近年来,由于临床抗生素广泛使用,多药耐药菌株出现,致使治疗效果欠佳,感染率逐年升高,引起临床关注。阴道微生态即阴道内微环境,正常情况下,阴道菌群多样,共同维持阴道内环境的稳定和动态平衡<sup>[4]</sup>。现阶段,国内外关于支原体感染与不孕的相关性研究较多,但对于支原体感染类型、感染水平与女性不孕的关系及支原体感染与阴道微生态的关系研究较少<sup>[5]</sup>。本研究旨在探讨女性生殖道支原体感染对阴道微生态的影响,分析其与不孕症的关系。

## 1 资料与方法

### 1.1 一般资料

选取 2021 年 1 月至 2022 年 1 月湖北省妇幼保健院收治的 198 例女性不孕患者为不孕组;同期 200 名健康体检正常生育女性为对照组。不孕组中,年龄( $29.01 \pm 3.86$ )岁;原发性不孕 81 例,继发性不孕 117 例(原发性不孕:婚后从未避孕且从未怀孕;继发性不孕:曾有怀孕,后同居未避孕 1 年未怀孕);不孕年限( $5.16 \pm 1.27$ )年。对照组年龄( $29.45 \pm 3.17$ )岁。本研究经院伦理委员会批准通过,患者本人及家属知情同意,两组患者一般资料比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。纳入标准:(1)与丈夫正常同居  $\geq 1$  年,丈夫精液和性生活能力正

常,未避孕的情况下 1 年未受孕;(2)年龄 18 ~ 40 岁。排除标准:(1)合并其他全身感染性疾病;(2)因器质性或代谢性疾病导致的不孕;(3)合并恶性肿瘤;(4)近 1 个月内服用过抗生素;(5)近 1 个月内使用过栓剂、洗液等;(6)合并严重脏器功能病变;(7)合并血液或免疫疾病。

### 1.2 方法

1.2.1 标本采集 所有纳入研究对象均采集宫颈分泌物标本,采用全自动鉴定系统(法国梅里埃, VITEK-32)进行菌株鉴定。

1.2.2 支原体感染检测 拭子置于 1.5 mL 无菌生理盐水中漂洗,加入样品处理液 A (100  $\mu$ L)于离心管,13 000 r/min 离心 10 min 弃上清液,沉淀中加入样品处理液 B (50  $\mu$ L),震荡混匀,低速离心,100  $^{\circ}$ C 干浴 10 min,13 000 r/min 离心 10 min。取 2  $\mu$ L 上清液为 PCR 反应模板。定量标准品:分别将标准品稀释为  $10^2$  copies/mL、 $10^3$  copies/mL、 $10^4$  copies/mL、 $10^5$  copies/mL、 $10^6$  copies/mL,得到标准曲线。将上述处理后样品 2  $\mu$ L 加入 PCR 反应管置入 PCR 仪,扩增条件:94  $^{\circ}$ C 预变性 2 min,按 94  $^{\circ}$ C 10 s、60  $^{\circ}$ C 30 s,共 40 个循环,通过电脑自动分析仪计算。

1.2.3 阴道微生态检测与评价<sup>[6]</sup> 调整抽提液浓度,每高倍视野下包括上皮细胞 25 ~ 30 个,于超高倍显微镜下进行检测,油镜下观察。阴道微生态平衡:菌群(4 ~ 9 种)、数量( $10 \sim 1\,000$  个/视野)、乳酸杆菌占比( $> 85\%$ )、白细胞计数  $\leq 5$  个,无脓细胞,无特殊病原体。阴道微生态失衡:上述任意 1 项异常,包括需氧性阴道病、滴虫性阴道炎、细菌性阴道病、外阴阴道假丝酵母病、无特殊病原体失衡、混合感染。

### 1.3 统计学分析

采用 SPSS20.0 软件对数据进行分析与处理。计量资料以( $\bar{x} \pm s$ )表示,组间比较采用独立样本  $t$  检验;计数资料以[ $n(\%)$ ]表示,组间比较采用独立

样本 $\chi^2$ 检验或 Fisher 确切概率法检验;等级资料采用秩和检验。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 不孕组与对照组支原体检出率比较

不孕组支原体总感染率及 UU 阳性、MH 阳性、UU + MH 阳性比例均高于对照组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表 1。

### 2.2 不孕组与对照组支原体拷贝量比较

不孕组 UU 拷贝量、MH 拷贝量高于对照组

( $P < 0.05$ );UU 拷贝量、MH 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 的比例高于对照组( $\chi^2 = 46.066, 6.856, P < 0.05$ )。见表 2。

表 1 不孕组与对照组支原体检出率比较[n(%)]

组别	UU 阳性	MH 阳性	UU + MH 阳性	总感染率
不孕组(n=198)	82(41.41)	12(6.06)	18(9.09)	112(56.57)
对照组(n=200)	41(20.50)	4(2.00)	8(4.00)	53(26.50)
$\chi^2$ 值	20.381	4.252	4.223	37.058
P 值	<0.001	0.039	0.040	<0.001

表 2 不孕组与对照组支原体拷贝量比较[n(%)]

组别	UU 拷贝量(copies/mL)				MH 拷贝量(copies/mL)			
	0	$< 10^4$	$10^4 \sim 10^6$	$> 10^6$	0	$< 10^4$	$10^4 \sim 10^6$	$> 10^6$
不孕组(n=198)	98(49.49)	9(4.55)	6(3.03)	85(42.93)	168(84.85)	6(3.03)	4(2.02)	20(10.10)
对照组(n=200)	151(75.50)	13(6.50)	11(5.50)	25(12.50)	188(94.00)	2(1.00)	3(1.50)	7(3.50)
Z 值	6.074				2.979			
P 值	<0.001				0.003			

### 2.3 不孕组原发性与继发性不孕者支原体检出率比较

不孕组继发性不孕者总支原体感染阳性率高于原发性不孕者,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表 3。

### 2.4 不孕组原发性与继发性不孕者支原体拷贝量比较

不孕组继发性不孕者 UU 拷贝量高于原发性不孕者( $P < 0.05$ ),UU 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 的比例

高于原发性不孕者( $\chi^2 = 16.176, P < 0.05$ )。见表 4。

表 3 不孕组原发性与继发性不孕者支原体检出率比较[n(%)]

组别	UU 阳性	MH 阳性	UU + MH 阳性	总感染率
原发性不孕(n=81)	24(29.63)	4(4.94)	5(6.17)	33(40.74)
继发性不孕(n=117)	58(49.57)	8(6.84)	13(11.11)	79(67.52)
$\chi^2$ 值	7.846	0.303	1.412	13.972
P 值	0.005	0.582	0.235	<0.001

表 4 不孕组原发性与继发性不孕者支原体拷贝量比较[n(%)]

组别	UU 拷贝量(copies/mL)				MH 拷贝量(copies/mL)			
	0	$< 10^4$	$10^4 \sim 10^6$	$> 10^6$	0	$< 10^4$	$10^4 \sim 10^6$	$> 10^6$
原发性不孕(n=81)	52(64.20)	5(6.17)	3(3.70)	21(25.93)	72(88.89)	2(2.47)	1(1.23)	6(7.41)
继发性不孕(n=117)	46(39.32)	4(3.42)	3(2.56)	64(54.70)	96(82.05)	4(3.42)	3(2.56)	14(11.97)
Z 值	3.844				1.134			
P 值	<0.001				0.189			

### 2.5 不孕组生殖道支原体感染与未感染者阴道微生态失衡情况比较

不孕组生殖道支原体感染女性阴道微生态失衡的比例高于未感染女性( $\chi^2 = 16.176, P < 0.05$ );不孕组生殖道支原体感染女性外阴阴道假丝酵母菌及无特殊病原体的阴道微环境失衡的比例高于细菌性阴道病、滴虫性阴道病、需氧菌阴道病、混合感染,差异均具有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表 5。

### 2.6 对照组生殖道支原体感染与未感染者阴道微生态失衡情况比较

对照组生殖道支原体感染女性阴道微生态失衡

的比例高于未感染女性( $\chi^2 = 4.375, P < 0.05$ )。见表 6。

### 2.7 不孕组与对照组阴道微生态失衡情况比较

不孕组阴道微生态失衡的比例高于对照组(36.87% vs. 18.00%,  $\chi^2 = 17.813, P < 0.05$ );不孕组支原体感染患者阴道微生态失衡的比例高于对照组支原体感染与未感染患者阴道微生态失衡的比例( $\chi^2 = 3.916, 34.121, P < 0.05$ );不孕组支原体未感染患者阴道微生态失衡的比例高于对照组支原体未感染患者( $\chi^2 = 4.375, P < 0.05$ )。见表 7。

表 5 不孕组生殖道支原体感染与未感染者阴道微生态失衡情况比较 [n(%)]

类型	感染组				未感染组 (n=86)	$\chi^2$ 值	P 值
	UU 阳性 (n=82)	MH 阳性 (n=12)	UU + MH 阳性 (n=18)	合计			
细菌性阴道病	2(2.44)	1(8.33)	1(5.56)	4(3.57)	4(4.65)	0.001	0.985
滴虫性阴道病	4(4.88)	0	0	4(3.57)	2(2.33)	0.090	0.764
外阴阴道假丝酵母病	18(21.95)	2(16.67)	4(22.22)	24(21.43) <sup>#</sup>	6(6.98)	5.726	0.017
需氧菌阴道病	0	0	1(5.56)	1(0.89)	1(1.16)	0.280	0.597
混合感染	2(2.44)	1(8.33)	1(5.56)	4(3.57)	2(2.33)	0.008	0.929
无特殊病原体	11(13.41)	1(8.33)	3(16.67)	15(13.39) <sup>#</sup>	6(6.98)	0.728	0.394
总计	37(45.12)	5(41.67)	10(55.56)	52(46.43) <sup>*</sup>	21(24.42)	6.026	0.014

\* P < 0.05, 与未感染组相比; #P < 0.05 分别与感染组细菌性阴道病、滴虫性阴道病、需氧菌阴道病、混合感染相比。

表 6 对照组生殖道支原体感染与未感染者阴道微生态失衡情况比较 [n(%)]

类型	感染组				未感染组 (n=147)	$\chi^2$ 值	P 值
	UU 阳性 (n=41)	MH 阳性 (n=4)	UU + MH 阳性 (n=8)	合计			
细菌性阴道病	1(2.44)	0	0	1(1.89)	1(0.68)	0.002	0.961
滴虫性阴道病	0	0	0	0	1(0.68)	0.285	0.593
外阴阴道假丝酵母病	6(14.63)	1(25.00)	2(25.00)	9(16.98)	9(6.12)	5.608	0.018
需氧菌阴道病	0	0	0	0	0	-	-
混合感染	1(2.44)	0	0	1(1.89)	1(0.68)	0.002	0.961
无特殊病原体	3(7.32)	0	2(25.00)	5(9.43)	8(5.44)	1.021	0.312
总计	11(26.83)	1(25.00)	4(50.00)	16(30.19) <sup>*</sup>	20(13.61)	7.258	0.007

\* P < 0.05, 与未感染组相比。

表 7 不孕组与对照组阴道微生态失衡情况比较 [n(%)]

组别	细菌性阴道病	滴虫性阴道病	外阴阴道假丝酵母病	需氧菌阴道病	混合感染	无特殊病原体	总计
不孕组							
感染 (n=112)	4	3	21	1	4	13	52(46.43) <sup>**</sup>
未感染 (n=86)	4	2	6	1	2	6	21(24.42) <sup>#</sup>
对照组							
感染 (n=53)	1	0	9	0	1	5	16(30.19)
未感染 (n=147)	1	1	9	0	1	8	20(13.61)

\* P < 0.05, 与对照组感染者相比; #P < 0.05, 与对照组未感染者相比。

### 3 讨论

引起女性泌尿生殖道感染的 UU、MH 可于女性阴道中正常寄生,但单独或混合感染也可引起女性泌尿生殖道不适,尤其是免疫力较为低下者,感染风险往往更高。生殖道感染后,可上行累及子宫、输卵管等,引发慢性炎症,部分导致不孕<sup>[7]</sup>。

相关数据<sup>[8]</sup>显示,在育龄夫妇中,有 10% ~ 15% 存在不孕不育的情况,其中因女方因素而导致的占 50% ~ 60%。慢性感染、炎症粘连、阻塞等均是导致女性不孕症的主要原因,据统计,女性不孕因素中生殖道感染占 20% ~ 60%,已成为一个较严重的公共卫生问题<sup>[9]</sup>。本研究结果显示,不孕组女性生殖道支原体感染率高于对照组 (P < 0.05),表明生殖道支原体感染与女性不孕关系密切。一方面支原体本身损伤及致炎力强,破坏上皮组织,致使其它病原体感染风险增加,使得炎症及病理损伤加重;另

一方面,女性生殖道具有免疫清除作用,但支原体感染导致的生殖道炎性病变,破坏生殖道粘膜,为免疫细胞接触精子抗原提供了机会,促进精子抗原的递呈过程、Th 细胞抗原识别过程,激活 B 淋巴细胞,产生相应的精子抗体,抑制精卵结合,导致不孕<sup>[10-11]</sup>。朱丽娟等<sup>[12]</sup>研究显示,UU 与 MH 支原体相比,与女性不孕关系更为密切。本研究中不孕组、对照组 UU 感染率均高于 MH (P < 0.05),不孕组 UU、MH 感染率均高于对照组 (P < 0.05),且以 UU 感染率差异更大,UU 可能是女性继发性不孕主要致病支原体种属。

正常女性阴道中均可能携带有 UU、MH 支原体,阴道支原体并不一定会导致疾病的发生。既往相关研究<sup>[13]</sup>认为,UU 荧光 PCR 定量  $\geq 10^6$  copies/g 时具单独感染意义,可考虑予以药物治疗;而当 PCR 定量  $\leq 10^6$  copies/g,往往处于无症状带菌状态或者是其他病原体混合感染状态并需进一步检查。

因此,本研究进一步比较不孕组与对照组支原体拷贝量差异,结果显示,不孕组与对照组支原体拷贝量存在明显差异,不孕组 UU 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL、MH 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 的比例高于对照组 ( $P < 0.05$ ),而两组 UU 与 MH 拷贝量  $< 10^4$  copies/mL、 $10^4 \sim 10^6$  copies/mL 的比例则无明显差异 ( $P > 0.05$ ),表明当生殖道 UU 拷贝量  $> 10^6$  copies/mL 时,更可能导致女性不孕的发生。此外,本研究还显示,相较于原发性不孕,继发性不孕支原体检出率更高 ( $P < 0.05$ ),表明女性生殖道支原体的感染与继发性不孕症关系密切。

阴道微生态由阴道解剖结构、局部免疫、微生物群、机体内分泌调节组成,正常女性阴道中,乳杆菌为优势菌,保持阴道酸性环境,并通过和阴道粘液作用形成生物膜,阻止有害菌群定植,刺激局部免疫,维持阴道微生态平衡<sup>[14]</sup>。本研究分别对比了不孕组与对照组支原体感染与未感染者阴道微生态环境及菌落构成情况,结果显示,不论是不孕组还是对照组,支原体感染者阴道微生态环境失衡比例均高于未感染者 ( $P < 0.05$ ),且主要为外阴阴道假丝酵母菌、无特殊病原体,表明支原体感染的发生可在一定程度上引起阴道微生态环境失衡,支原体感染引起局部大量释放炎性物质,对炎性细胞产生趋化作用,破坏局部上皮组织,抑制乳酸菌的活性,改变阴道微生态环境。Cao 等<sup>[15]</sup>研究显示,阴道微生态失衡,包括 pH 值异常、优势菌异常、菌群多样性异常等,均是引起女性不孕的危险因素。本研究中不孕组阴道微生态失衡比例 36.87% 高于对照组 18.00% ( $P < 0.05$ );同时,不孕组支原体感染与未感染患者阴道微生态失衡比例分别高于对照组支原体感染与未感染患者 ( $P < 0.05$ ),表明生殖道支原体感染可能与女性不孕的发生有关,支原体感染者阴道微生态环境失衡比例更高,推测支原体感染导致的阴道微生态环境失衡可能也是引起女性不孕的重要原因之一。

综上,支原体感染可引起阴道微生态环境失衡,且与女性不孕关系密切,UU 是女性不孕的主要致病支原体种属,相较于原发性不孕,继发性不孕女性支原体感染比例更高。

## 参考文献

[1] Brehony C, Eogan M, Lambert JS, et al. Evaluation of molecular

testing for *Mycoplasma genitalium* for symptomatic women [J]. *Irish Journal of Medical Science*, 2022, 191 (4): 1771 - 1775.

- [2] 殷怡华,张贤华. 泌尿生殖道标本解脲脲原体和人型支原体检测及抗菌药物敏感性试验结果分析 [J]. *中国感染与化疗杂志*, 2021, 21 (2): 201 - 204.
- [3] Shao L, Wu W, Gao S, et al. Original epidemiological investigation and antimicrobial susceptibility analysis of *Ureaplasma* and *Mycoplasma hominis* in a teaching hospital in Shenyang, China [J]. *Molecular Human Reproduction*, 2021, 27 (8): 1212 - 1216.
- [4] Li X, Xu F, Sha X, et al. Biochemical indicators and vaginal microecological abnormalities indicate the occurrence of intrauterine adhesions [J]. *Medicine in Microecology*, 2021, 11 (3): 100050.
- [5] Boujemaa S, Ben AA, Mlik B, et al. Phylogenetics of *Mycoplasma hominis* clinical strains associated with gynecological infections or infertility as disclosed by an expanded multilocus sequence typing scheme [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8 (1): 14854.
- [6] 中华医学会妇产科学分会感染性疾病协作组. 阴道微生态评价的临床应用专家共识 [J]. *中华妇产科杂志*, 2016, 51 (10): 721 - 723.
- [7] 金秀萍,王凤,顾旭明,等. 常见性病病原体生殖道感染与女性不孕的相关性研究 [J]. *中国艾滋病性病*, 2021, 27 (2): 196 - 198.
- [8] Cao H, Wang L, Wu H. Relationship between the characteristics of vaginal secretion, reproductive immune antibody and infertility [J]. *Cellular and Molecular Biology*, 2022, 68 (2): 126 - 131.
- [9] 郭益萍,何卫芬,孙岳琴. 外周血 NK 细胞、IFN- $\gamma$ 、IL-4 水平诊断不孕患者生殖道感染临床价值 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2021, 31 (9): 1423 - 1426.
- [10] 程玲,颜晓红,李友筑,等. 不孕患者生殖道支原体感染及药敏结果分析 [J]. *中国妇幼保健*, 2020, 35 (8): 1490 - 1492.
- [11] 姚晓燕,唐爽,陈欣,等. 生殖道支原体和衣原体感染与妇女不孕及性功能障碍的关系 [J]. *中华医院感染学杂志*, 2020, 30 (5): 738 - 741.
- [12] 朱丽娟,王爱华,高梅. 女性不孕症患者生殖道解脲支原体、沙眼衣原体、人型支原体及淋病奈瑟菌感染分析 [J]. *中国卫生检验杂志*, 2020, 30 (16): 1955 - 1957.
- [13] Parackal S, Smith C, Skidmore P. Diet quality, nutrient intakes and biochemical status of New Zealand women of childbearing age according to alcohol consumption patterns [J]. *Public Health Nutrition*, 2020, 23 (16): 2952 - 2962.
- [14] 王晓茜,张蕾,孙晓彤,等. 32046 名妇科门诊女性阴道微生态分布情况分析 [J]. *中国妇产科临床杂志*, 2022, 23 (2): 143 - 145.
- [15] Cao H, Wang L, Wu H. Relationship between the Characteristics of Vaginal Secretion, Reproductive Immune Antibody and Infertility [J]. *Cellular and Molecular Biology*, 2022, 68 (2): 126 - 131.

(收稿日期:2022-10-10

修回日期:2022-12-02)