

妇科门诊患者阴道微生态特征与人乳头瘤病毒感染的相关性分析

李宏雨^{1,2,3}, 张利霞^{1,2*}, 李海彬¹, 王曼卿¹, 曹琴英¹, 周 慧⁴

¹内蒙古科技大学包头医学院, 内蒙古 包头

²内蒙古科技大学包头医学院第一附属医院检验科, 内蒙古 包头

³内蒙古科技大学包头医学院第二附属医院心电图诊断科, 内蒙古 包头

⁴内蒙古包头市青山区妇幼保健院妇科, 内蒙古 包头

收稿日期: 2025年3月8日; 录用日期: 2025年3月31日; 发布日期: 2025年4月10日

摘 要

目的: 探讨妇科门诊患者阴道微生态特征及其与人乳头瘤病毒(HPV)感染的相关性。方法: 本次研究选取2024年5月至2024年11月于包头医学院第一附属医院妇科门诊就诊同时行阴道微生态及HPV检查的患者528例, 根据其检验结果进行分析。结果: 1) 528例患者中, 阴道菌群正常者37.9% (200/528), 阴道菌群失调者29.3% (155/528), 阴道炎32.7% (173/528), 以需氧性阴道炎(AV)和外阴阴道假丝酵母菌病(VVC)为主(分别占阴道炎患者的51.0%和24.5%), 混合性阴道炎以需氧性阴道炎和合并细菌性阴道病(BV)多见, 占阴道炎患者的17.34%。2) 单纯性AV患者与阴道微生态正常患者HPV感染率有显著差异($\chi^2 = 23.401, P < 0.001$), 单纯性VVC患者与阴道微生态正常患者HPV感染率有显著差异($\chi^2 = 7.889, P = 0.005$)。3) 在阴道微生态指标中, AV评分异常与HPV感染增加相关($\chi^2 = 156.819, P < 0.001$)。结论: 阴道微生态异常与HPV感染有关, 阴道微生态特征分析为进一步管理HPV感染患者提供了理论依据。

关键词

阴道微生态, HPV, 阴道炎

Correlation Analysis between Vaginal Microecological Characteristics and Human Papillomavirus Infection in Gynecological Outpatients

Hongyu Li^{1,2,3}, Lixia Zhang^{1,2*}, Haibin Li¹, Manqing Wang¹, Qinying Cao¹, Hui Zhou⁴

*通讯作者。

文章引用: 李宏雨, 张利霞, 李海彬, 王曼卿, 曹琴英, 周慧. 妇科门诊患者阴道微生态特征与人乳头瘤病毒感染的相关性分析[J]. 临床个性化医学, 2025, 4(2): 881-888. DOI: 10.12677/jcpm.2025.42257

¹Baotou Medical College, Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou Inner Mongolia

²Department of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Baotou Medical College, Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou Inner Mongolia

³Department of Electrophysiology, The Second Affiliated Hospital of Baotou Medical College, Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou Inner Mongolia

⁴Department of Gynecology, Inner Mongolia Baotou City Qingshan Maternal and Child Health Hospital, Baotou Inner Mongolia

Received: Mar. 8th, 2025; accepted: Mar. 31st, 2025; published: Apr. 10th, 2025

Abstract

Objective: To investigate the relationship between vaginal microecology and human papillomaVirus (HPV) infection in gynecological outpatients. **Methods:** From May 2024 to November 2024, 528 patients who received vaginal microecology and HPV examination in the gynecological outpatient department of the First Affiliated Hospital of Baotou Medical College were selected and analyzed according to their test results. **Results:** 1) Of 528 patients, vaginal flora was normal in 37.9% (200/528), abnormal in 29.3% (155/528), vaginitis in 32.7% (173/528), mainly aerobic vaginitis (AV) and vulvovaginal candidiasis (VVC) (51.0% and 24.5% of vaginitis patients, respectively). Mixed vaginitis is mainly caused by aerobic vaginitis and bacterial vaginosis (BV), accounting for 17.34% of the patients with vaginitis. 2) There were significant differences in HPV infection rate between patients with simple AV and those with normal vaginal microecology ($\chi^2 = 23.401$, $P < 0.001$), and there were significant differences in HPV infection rate between patients with simple VVC and those with normal vaginal microecology ($\chi^2 = 7.889$, $P = 0.005$). 3) In the vaginal microecological index, the abnormal AV score was associated with the increase of HPV infection ($\chi^2 = 156.819$, $P < 0.001$). **Conclusion:** Vaginal microecological abnormalities are related to HPV infection, and the analysis of vaginal microecological characteristics provides a theoretical basis for further management of patients with HPV infection.

Keywords

Vaginal Microecology, HPV, Vaginitis

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

阴道微生态是一个复杂而动态的系统，主要由相关解剖结构、人体免疫、内外环境及阴道微生物群组成[1]。阴道微生态失衡者更容易发生持续性 HPV 感染，增加宫颈上皮内病变的风险[2]。HPV 感染患者也更容易患上阴道炎[3]。HPV 感染的本质是生殖道感染性疾病，除对症治疗病原体外，还应重视微生态平衡。因此，恢复微生态平衡可能是另一个重要的治疗途径[4]。正常的阴道微生态系统寄生着细菌以及支原体、病毒等多种微生物，共同抵御外界病原体的入侵[1]。当阴道微生态平衡被打破，会造成阴道微生物多样性发生改变，从而引发阴道炎在内的一系列生殖道疾病[5]。本研究通过分析包头医学院第一附属医院妇科门诊患者阴道微生态特征及其与 HPV 感染的相关性，以期为 HPV 的预防与治疗提供理论依据。

2. 对象与方法

2.1. 研究对象

选取 2024 年 5 月 1 日~2024 年 11 月 30 日于包头医学院第一附属医院妇科门诊就诊患者同时行阴道微生态及 HPV 检查的患者 528 例, 年龄范围(20~65 岁), 平均年龄为 42.1 岁。患者筛选标准为: (1) 有性生活史且只有单一性伴侣的 20~65 岁女性。(2) 取样前 3 天无性生活史、阴道治疗史及两周内抗生素使用史。(3) 无长期使用性激素、免疫抑制剂及药物避孕(4) 无免疫性疾病及其他恶性肿瘤疾病。本研究通过内蒙古科技大学包头医学院第一附属医院伦理委员会审查, 研究对象均签署知情同意书。

2.2. 研究方法

2.2.1. 阴道取材

患者保持截石位, 妇产科医生用无菌无润滑剂阴道窥器充分暴露宫颈, 将无菌棉签在阴道上 1/3 段及阴道下段旋转蘸取阴道分泌物 10~15 秒, 装入一次性使用采样拭子中分别送检微生态实验室进行功能学评价及制作盐水湿片检查和干燥固定后做革兰氏染色。HPV 核酸检测标本将宫颈刷置于宫颈管内, 以顺时针方向旋转 6 圈, 采集脱落上皮细胞放于含有 HPV 保存液的样本管中保存。

2.2.2. 阴道微生态检测

(1) 盐水湿片检查: 光学显微镜观察 WBC、上皮细胞、线索细胞、及病原微生物。(2) 使用革兰染色涂片检查, 10×100 倍油镜下观察。(3) 利用微生态全自动检测仪, 通过检测生化指标进行功能学评价。

2.2.3. 相关指标判定标准

(1)形态学评价: 阴道菌群的密集度、多样性、优势菌群、病原微生物和 Nugent 评分和 Donders 评分[6]。其中 Donders 评分: 正常 < 3 分, 3~4 分为轻度 AV, 5~6 分为中度 AV, >6 分为重度 AV, Nugent 评分: 0~3 分为正常, 4~6 分为中间型 BV, ≥7 分诊断 BV。(2)功能学评价: 过氧化氢(H₂O₂)可作为乳酸杆菌活性的指示符, H₂O₂ 含量 ≥ 2 μmol/L 时, 判定为 H₂O₂(+), 表示阴道内的微生物功能正常; 白细胞酯酶的阳性反应则表示存在炎症反应; 唾液酸苷酶的阳性结果往往预示着厌氧细菌的感染[7][8]; 阴道 pH 值: ≤4.5 为正常, >4.5 为异常。

2.2.4. HPV 检测

通过 PCR 体外扩增检测 HPV 基因型。

2.3. 统计分析

采用 SPSS 27.0 对临床资料进行统计学分析。主要统计方法是描述性分析, 计数资料采用例数和百分比(%)表示, 组间采用 χ^2 检验, 以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

3. 结果

3.1. 阴道炎构成比

本次统计中 528 例患者中, 阴道菌群正常者 37.9% (200/528), 阴道菌群失调者 29.3% (155/528), 患有阴道炎者 67% (173/258), 其中 VVC 阳性者 24.86% (43/173)、BV 阳性者 6.94% (12/173)、AV 阳性占 51.05% (73/173)、BV 合并 VVC 占 0.58% (1/173)、AV 合并 VVC 占 5.78% (10/173)、AV 合并 BV 占 17.34% (30/173)、AV 合并 BV 合并 VVC 占 2.31% (4/173)。见表 1。

Table 1. Vaginitis composition ratio (n = 173)
表 1. 阴道炎构成比(n = 173)

阴道炎类型	例数	构成比(%)
VVC	43	24.86
BV	12	6.94
AV	73	51.05
VVC + BV	1	0.58
VVC + AV	10	5.78
BV + AV	30	17.34
VVC + BV + AV	4	2.31

3.2. 阴道微生态结果与 HPV 感染的相关性

3.2.1. 阴道微生态正常组与失调组的 HPV 感染对比

阴道微生态正常的 HPV 阳性 34 例，阳性率为 17% (34/200)，阴道微生态失调的 155 例患者中 HPV 阳性 24 例，阳性率为 15.48% (24/155)，两组差异无统计学意义($\chi^2 = 0.147, P = 0.702$)。见表 2。

Table 2. Comparison of HPV infection between normal and dysregulated vaginal microecology group
表 2. 阴道微生态正常组与失调组的 HPV 感染对比

阴道微生态结果	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
正常	34	166	0.147	0.702
失调	24	131		

3.2.2. 阴道微生态正常组与 VVC 组的 HPV 感染对比

阴道微生态正常的 200 例患者 HPV 阳性 34 例，阳性率为 17% (34/200)，阴道微生态为 VVC 的 43 例患者中 HPV 阳性 13 例，阳性率为 30.23% (13/43)，两组差异有统计学意义($\chi^2 = 7.889, P = 0.005$)。见表 3。

Table 3. Comparison of HPV infection between normal vaginal microecology group and VVC group
表 3. 阴道微生态正常组与 VVC 组的 HPV 感染对比

阴道微生态结果	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
正常	34	166	7.889	0.005
VVC	13	30		

3.2.3. 阴道微生态正常组与 AV 组的 HPV 感染对比

阴道微生态正常的 200 例患者中 HPV 阳性 34 例，阳性率为 17% (34/200)，阴道微生态为 AV 的 73 例患者中 HPV 阳性 13 例，阳性率为 17.81% (13/73)，两组差异有统计学意义($\chi^2 = 23.401, P < 0.001$)。见表 4。

Table 4. Comparison of HPV infection between normal vaginal microecology group and AV group
表 4. 阴道微生态正常组与 AV 组的 HPV 感染对比

阴道微生态结果	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
正常	34	166	23.401	<0.001
AV	13	60		

3.2.4. 阴道微生态正常组与 BV 组的 HPV 感染对比

阴道微生态正常的 200 例患者中 HPV 阳性 34 例，阳性率为 17% (34/200)，阴道微生态为 BV 的 12 例患者中 HPV 阳性 4 例，阳性率为 33.33% (4/12)，两组差异无统计学意义($\chi^2 = 1.093, P = 0.296$)。见表 5。

Table 5. Comparison of HPV infection between normal vaginal microecology group and BV group
表 5. 阴道微生态正常组与 BV 组的 HPV 感染对比

阴道微生态结果	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
正常	34	166	1.093	0.296
BV	4	8		

3.2.5. 阴道微生态正常组与混合性阴道炎组的 HPV 感染对比

阴道微生态正常的 200 例患者中 HPV 阳性 34 例，阳性率为 17% (34/200)，诊断为混合性阴道炎的 45 例患者中 HPV 阳性 12 例，阳性率为 33.33% (12/45)，两组差异无统计学意义($\chi^2 = 2.251, P = 0.134$)。见表 6。

Table 6. Comparison of HPV infection between normal vaginal microecology group and mixed vaginitis group
表 6. 阴道微生态正常组与混合性阴道炎组的 HPV 感染对比

阴道微生态结果	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
正常	34	166	2.251	0.134
BV	12	33		

3.3. 阴道微生态检查结果与 HPV 检测结果相关性

阴道微生态功能学检查，AV 评分与 HPV 有统计学意义($\chi^2 = 156.819, P < 0.001$)，表现为当 AV 评分 >4 时 HPV 感染率上升。而菌群密集度 I 级或 IV 级、菌群多样性 I 级或 IV 级、pH 值 >4.5 ，孢子菌丝阳性、清洁度 III~IV 度、SNA(唾液酸苷酶)阳性、过氧化氢阴性、氨基糖苷酶阳性、白细胞酯酶阳性、Nugent 评分 7 以上时 HPV 感染率无统计学意义($P > 0.05$)。见表 7。

Table 7. The vaginal microecology results matched the HPV test results
表 7. 阴道微生态检查结果与 HPV 检测结果对比

检查项目	HPV 阳性	HPV 阴性	χ^2	P 值
菌群密集度	II~III 级(405)	81	1.274	0.259
	其他(123)	19		
菌群多样性	II~III 级(337)	67	0.538	0.463
	其他(19)	33		
PH 值	3.8~4.5 (153)	28	0.057	0.811
	>4.5 (375)	72		
孢子菌丝	阳性(63)	17	3.016	0.082
	阴性(465)	83		
清洁度	I~II 度(379)	70	0.193	0.660
	III~IV 度(149)	30		

续表

SNA	阳性(239)	48	191	0.344	0.577
	阴性(289)	52	237		
AV 评分	0~3 分(410)	76	334	156.819	<0.001
	4 分以上(118)	24	96		
过氧化氢	阳性(408)	82	326	1.570	0.21
	阴性(120)	18	102		
唾液酸苷酶	阳性(2)	1	1	0.048	0.827
	阴性(526)	99	427		
白细胞酯酶	阳性(158)	30	128	0.000	0.985
	阴性(370)	70	300		
Nugent 评分	0~6 分(482)	87	395	2.851	0.092
	7 分以上(46)	13	33		

4. 讨论

阴道微生态是女性阴道微生态是由阴道解剖结构、内分泌调节、微生物菌群及局部免疫系统共同组成的生态系统,其受年龄、月经、用药、阴道灌洗、避孕方式等多种因素影响,是宿主体内微生物与环境相互制约、相互协调而形成的动态平衡系统[9]。如果阴道微生态平衡被打破,免疫系统受到损害,外来微生物就会侵入生殖系统,并降低免疫系统对 HPV 和其他病原体的清除率[10]。而 HPV 感染与宫颈癌有关且阴道微生态在 HPV 感染诱发宫颈病变的过程中起着重要作用[11] [12]。

本次研究中同时进行阴道微生态和 HPV 检查的患者中共有 528 人,其中 100 人感染了 HPV,200 人阴道微生态正常、155 人阴道微生态失调、128 人感染单纯性阴道炎(AV 73 例、VVC 43 例、BV 12 例)、45 人感染了混合性阴道炎(AV + BV 30 例、VVC + AV 10 例、VVC + BV 1 例、VVC + BV + AV 4 例)。本次研究显示感染单纯性阴道炎的患者中以 AV 为主,而混合性阴道炎中以 BV 合并 AV 为主,且根据混合性阴道炎专家共识指出的在 AV 诊断纳入研究后 BV 合并 AV 的感染率较高与本实验结果一致[13]。

本次研究还显示单纯性 AV 患者的 HPV 阳性率与阴道微生态正常的患者相比出现显著性增高($\chi^2 = 23.401, P < 0.001$),可能是因为正常人阴道微生态微生物菌群以厌氧菌为主,其与需氧菌的比例为 5:1,而 AV 则是以阴道中需氧菌的大量繁殖为主要表现的阴道炎,这提示以需氧性细菌为主要菌群的阴道微生态与正常阴道微生态菌群组成差异较大,这种阴道微生态可能对 HPV 感染的抵御能力和清除能力更低。本院妇科医师应积极治疗 AV 患者以及提醒 AV 患者采取针对 HPV 感染的预防措施,减少 HPV 感染人群的扩大。单纯性 VVC 的 HPV 阳性率与阴道微生态正常的患者相比出现显著性增高($\chi^2 = 7.889, P = 0.005$),与阴道炎 HPV 联合检测专家共识中 VVC 与 HPV 感染具有正相关性一致,VVC 患者可能由于大量假丝酵母菌生长繁殖,产生侵袭酶而导致黏膜组织的通透性增加,造成阴道上皮细胞破坏,局部免疫力低下增加 HPV 的易感性并降低 HPV 的清除率[14]。本次研究中单纯性 BV 的比例较低(12 例,6.94%),该结果与 Abbe 等人的数据——发病率(23%~29%)并不一致,这可能本次实验样本量较少有关[15],一般认为 BV 的阴道菌群多样性与密集度会明显上升,且 BV 患者阴道中可产生大量黏蛋白降解酶,引起阴道微环境 pH 值升高,破坏阴道黏膜屏障,导致外来微生物黏附增加,从而容易导致某些其他阴道疾病的发生[16]。研究显示混合性阴道炎患者 HPV 阳性率与阴道微生态正常患者并无显著差异,混合性阴道炎的局部免疫情况更为复杂,多种炎症因子的大量释放可能增强了部分上皮细胞的免疫能力,这可能削弱

了 HPV 的感染能力并且可能与本次研究样本量较少有关[17], 混合性阴道炎有更为长期的病程以及更严重阴道微生态功能紊乱[13], 使得其阴道抵御外来病原体入侵的能力减弱, 且混合性阴道炎中 HPV 感染也会促使普雷沃菌等致病菌菌群丰度上升, 加重病情[14], 这需要临床医师提高警惕, 加强检验和随访治疗。

阴道微生态形态学和功能学结果能在一定程度上反映阴道微生态的情况, 本次研究显示, 仅有 AV 评分 4 分以上的患者 HPV 阳性率较 AV 评分 0~3 分的患者有显著上升($\chi^2 = 156.819, P < 0.001$), AV 评分也称为 Donders 评分, 是 Donders 提出的阴道分泌物生理盐水评分标准[18], 该种评分方法通过乳杆菌分级、白细胞数量、含中毒颗粒的白细胞所占比例, 背景菌群及基底旁细胞比例这五个项目分别评分对阴道微生态的状态进行评价。首先乳杆菌分级分为四级分别为 I 级为多量乳杆菌且无其他细菌(0 分), IIa 级为以乳杆菌为主的混合菌群(0 分), IIb 级为乳杆菌比例严重减少的混合菌群(1 分), III 级为乳杆菌严重减少或缺失(2 分)。背景菌群评分为: 背景菌群不明显(0 分)、肠杆菌类的小杆菌(1 分)、球菌或呈链状(2 分)。乳杆菌分级及背景菌群评分的升高反映了阴道菌群中乳杆菌的减少及杂菌的增多。乳杆菌的减少及杂菌增多会导致谷胱甘肽、糖原和磷脂相关代谢物浓度低, 而以上代谢产物减少可能会促进 HPV 的感染[19]。白细胞数量及含中毒颗粒的白细胞所占比例反映了阴道炎症的程度, 阴道炎症是一种天然的免疫反应, 但 HPV 可通过免疫逃逸来对阴道上皮细胞进行感染[20]。基底旁细胞比例的上升反映了阴道粘膜的萎缩, 阴道黏膜的萎缩导致了阴道上皮防御功能的减低, 可能会导致 HPV 感染的增加[21]。这个结果也反映了 AV 对 HPV 感染的促进作用, 对于 AV 患者应当积极治疗, 注意防范 HPV 的侵入, 其他阴道微生态各项指标异常对 HPV 感染的关联性并无统计学意义(P 均 <0.05), 这可能与地区差异以及样本量较少有关。

综上所述通过分析阴道炎以及功能学、形态学指标与 HPV 感染之间的相关性, 得到了 AV 与 VVC 患者 HPV 感染率增高有相关性, 这提示了我们要关注阴道炎患者的 HPV 感染情况, 加强检查和随访调查以减少 HPV 的感染率。但本次研究的部分结果没有与 HPV 感染有相关性的结果, 这需要我们进一步的跟踪研究以及扩大样本量和增加研究时间以增加对妇科门诊临床工作的指导性意义。

参考文献

- [1] Liang, Y., Chen, M., Qin, L., Wan, B. and Wang, H. (2019) A Meta-Analysis of the Relationship between Vaginal Microecology, Human Papillomavirus Infection and Cervical Intraepithelial Neoplasia. *Infectious Agents and Cancer*, **14**, Article No. 29. <https://doi.org/10.1186/s13027-019-0243-8>
- [2] Brusselaers, N., Shrestha, S., van de Wijgert, J. and Verstraelen, H. (2019) Vaginal Dysbiosis and the Risk of Human Papillomavirus and Cervical Cancer: Systematic Review and Meta-Analysis. *American Journal of Obstetrics and Gynecology*, **221**, 9-18.e8. <https://doi.org/10.1016/j.ajog.2018.12.011>
- [3] Huang, R., Liu, Z., Sun, T. and Zhu, L. (2024) Cervicovaginal Microbiome, High-Risk HPV Infection and Cervical Cancer: Mechanisms and Therapeutic Potential. *Microbiological Research*, **287**, Article ID: 127857. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127857>
- [4] Yang, A., Farmer, E., Wu, T.C. and Hung, C. (2016) Perspectives for Therapeutic HPV Vaccine Development. *Journal of Biomedical Science*, **23**, Article No. 75. <https://doi.org/10.1186/s12929-016-0293-9>
- [5] Borgdorff, H., Armstrong, S.D., Tytgat, H.L.P., Xia, D., Ndayisaba, G.F., Wastling, J.M., et al. (2016) Unique Insights in the Cervicovaginal *Lactobacillus iners* and *L. crispatus* Proteomes and Their Associations with Microbiota Dysbiosis. *PLOS ONE*, **11**, e0150767. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0150767>
- [6] 肖冰冰, 刘朝晖. 阴道微生态评价在阴道炎中的应用[J]. 中国妇产科临床杂志, 2016, 17(6): 483-485.
- [7] 张岱. 阴道微生态诊断评价的关键问题[J]. 中国实用妇科与产科杂志, 2017, 33(8): 785-787.
- [8] 陶址, 廖秦平. 阴道微生态的研究进展及临床意义[J]. 实用妇产科杂志, 2018, 34(10): 721-723.
- [9] Mitra, A., MacIntyre, D.A., Marchesi, J.R., Lee, Y.S., Bennett, P.R. and Kyrgiou, M. (2016) The Vaginal Microbiota, Human Papillomavirus Infection and Cervical Intraepithelial Neoplasia: What Do We Know and Where Are We Going Next? *Microbiome*, **4**, Article No. 58. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0203-0>
- [10] Chehoud, C., Stieh, D.J., Bailey, A.G., Laughlin, A.L., Allen, S.A., McCotter, K.L., et al. (2017) Associations of the

- Vaginal Microbiota with HIV Infection, Bacterial Vaginosis, and Demographic Factors. *AIDS*, **31**, 895-904. <https://doi.org/10.1097/qad.0000000000001421>
- [11] Yang, J., Wang, W., Wang, Z., Wang, Z., Wang, Y., Wang, J., *et al.* (2019) Prevalence, Genotype Distribution and Risk Factors of Cervical HPV Infection in Yangqu, China: A Population-Based Survey of 10086 Women. *Human Vaccines & Immunotherapeutics*, **16**, 1645-1652. <https://doi.org/10.1080/21645515.2019.1689743>
- [12] Kovachev, S.M. (2019) Cervical Cancer and Vaginal Microbiota Changes. *Archives of Microbiology*, **202**, 323-327. <https://doi.org/10.1007/s00203-019-01747-4>
- [13] 中华医学会妇产科学分会感染性疾病协作组. 混合性阴道炎诊治专家共识(2021 版) [J]. 中华妇产科杂志, 2021(1): 15-18.
- [14] 伊欣, 张蕾, 陈汶, 等. 高危型人乳头瘤病毒与女性下生殖道感染联合检测专家共识[J]. 中国实用妇科与产科杂志, 2022, 38(5): 524-528.
- [15] Abbe, C. and Mitchell, C.M. (2023) Bacterial Vaginosis: A Review of Approaches to Treatment and Prevention. *Frontiers in Reproductive Health*, **5**, Article 1100029. <https://doi.org/10.3389/frph.2023.1100029>
- [16] Falconi-McCahill, A. (2019) Bacterial Vaginosis: A Clinical Update with a Focus on Complementary and Alternative Therapies. *Journal of Midwifery & Women's Health*, **64**, 578-591. <https://doi.org/10.1111/jmwh.13013>
- [17] Qi, W., Li, H., Wang, C., Li, H., Zhang, B., Dong, M., *et al.* (2021) Recent Advances in Presentation, Diagnosis and Treatment for Mixed Vaginitis. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, **11**, Article 759795. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.759795>
- [18] 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.
- [19] Borgogna, J., Shardell, M., Santori, E., Nelson, T., Rath, J., Glover, E., *et al.* (2019) The Vaginal Metabolome and Microbiota of Cervical HPV-Positive and HPV-Negative Women: A Cross-Sectional Analysis. *BJOG: An International Journal of Obstetrics & Gynaecology*, **127**, 182-192. <https://doi.org/10.1111/1471-0528.15981>
- [20] Ntuli, L., Mtshali, A., Mzobe, G., Liebenberg, L.J. and Ngcapu, S. (2022) Role of Immunity and Vaginal Microbiome in Clearance and Persistence of Human Papillomavirus Infection. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, **12**, Article 927131. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.927131>
- [21] 吴雄辉, 蓝泽锋, 陆敏茹. 阴道微环境、高危型人乳头瘤病毒感染与宫颈上皮内瘤样病变的关系[J]. 深圳中西医结合杂志, 2021, 31(22): 36-39.