

DOI:10.13350/j.cjpb.250224

• 临床研究 •

# 妊娠期合并生殖道沙眼衣原体感染情况 及不良妊娠结局分析

肇昕\*, 郭孝, 单小飞, 巴特

(中国医科大学附属盛京医院, 辽宁沈阳 110000)

**【摘要】** 目的 分析妊娠期合并生殖道沙眼衣原体感染情况及不良妊娠结局。方法 选取本院收治的1375例妊娠期女性患者为研究对象,收集患者临床资料并进行生殖道沙眼衣原体检测及基因型分析、生殖道菌群检测,对比分析沙眼衣原体感染对妊娠期女性生殖道菌群及妊娠结局的影响。结果 共78例妊娠期女性检出沙眼衣原体感染,感染率5.67%。其中,42例为单基因型感染(53.85%),包括D、E、F、G、H、J、K型,主要为E型;27例为双重基因型感染(34.62%),包括E+F、D+K、J+K、E+K、D+J型,主要为E+F型;9例为多重基因型感染(11.54%),包括E+J+K、E+F+K、F+H+J、D+H+K型,主要为E+J+K型。沙眼衣原体感染对妊娠期女性生殖道菌群具有一定影响,感染组与未感染组女性阴道菌群密集度、多样性及阴道炎症表现差异显著,优势菌对比差异不显著。感染组胎膜早破、早产、产后出血等不良妊娠结局发生率高于未感染组,差异具有统计学意义,胎儿窘迫发生率对比差异不显著。多重基因型沙眼衣原体感染组中胎膜早破、早产、新生儿肺炎、新生儿窒息不良妊娠结局发生率显著高于单基因型、双重基因型感染组。结论 妊娠期女性生殖道沙眼衣原体感染率较高,且与不良妊娠结局及生殖道菌群变化有关,不同基因型感染对妊娠结局影响存在差异。尤其多重基因型感染更应引起临床关注,针对此类感染需采取更为有效的预防和治疗措施,以降低不良妊娠结局的风险,保障母婴健康。

**【关键词】** 妊娠期;沙眼衣原体;不良妊娠结局;生殖道菌群

**【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1673-5234(2025)02-0254-05

[Journal of Pathogen Biology, 2025 Feb.;20(02):254-258.]

## Analysis of genital *Chlamydia trachomatis* infection and adverse pregnancy outcomes during pregnancy

ZHAO Xin, GUO XIAO, SHAN Xiaofei, BA Te (Shengjing Hospital of China Medical University, Shenyang 110000, China)\*

**【Abstract】** **Objective** The genital *Chlamydia trachomatis* infection and adverse pregnancy outcomes during pregnancy were analyzed. **Methods** A total of 1375 pregnant women admitted to our hospital were selected as the research objects. The clinical data of the patients were collected, and genital *Chlamydia trachomatis* detection and genotype analysis and genital tract flora detection were carried out. The impact of *C. trachomatis* infection on the genital tract flora and pregnancy outcomes of pregnant women was compared and analyzed. **Results** A total of 78 pregnant women were detected with *C. trachomatis* infection, with an infection rate of 5.67%. Among them, 42 cases were single-genotype infections (53.85%), including genotypes D, E, F, G, H, J, and K, mainly genotype E; 27 cases were double-genotype infections (34.62%), including E+F, D+K, J+K, E+K, D+J types, mainly E+F type; 9 cases were multiple-genotype infections (11.54%), including E+J+K, E+F+K, F+H+J, D+H+K types, mainly E+J+K type. *C. trachomatis* infection had a certain impact on the genital tract flora of pregnant women. There were statistically significant differences in the density, diversity of vaginal flora and manifestations of vaginitis between the infected group and the uninfected group, but there was no significant difference in the comparison of dominant bacteria. The incidence of adverse pregnancy outcomes such as premature rupture of membranes, premature delivery, and postpartum hemorrhage in the infected group was higher than that in the uninfected group, and the difference was statistically significant. There was no significant difference in the incidence of fetal distress. In the multiple-genotype *C. trachomatis* infection group, the incidence of adverse pregnancy outcomes such as premature rupture of membranes, premature delivery, neonatal pneumonia, and neonatal asphyxia was significantly higher than that in the single-genotype and double-genotype infection groups. **Conclusion** The infection rate of *C. trachomatis* in the genital tract of pregnant women was relatively high, and it was related to adverse pregnancy outcomes and changes in the genital tract flora. Different genotype infections had different effects on pregnancy outcomes. In particular, multiple-genotype infections should attract more clinical attention.

\* **【通讯作者(简介)】** 肇昕(1985-),女,辽宁葫芦岛人,本科,护师,主要从事产科护理工作。E-mail:cat329174@163.com

For such infections, more effective prevention and treatment measures need to be taken to reduce the risk of adverse pregnancy outcomes and ensure the health of mothers and infants.

**【Keywords】** pregnancy; *Chlamydia trachomatis*; adverse pregnancy outcomes; genital tract flora

沙眼衣原体(*Chlamydia trachomatis*),作为一种能够潜藏于人体细胞内部的微生物,可以在生殖器官内长期潜伏,对人类的生殖健康构成了不容忽视的威胁<sup>[1]</sup>。生殖道沙眼衣原体感染,作为一种性传播疾病,其传播速度之快、范围之广,已在全球范围内引起了公共卫生领域的高度重视<sup>[2]</sup>。据世界卫生组织(WHO)的最新统计数据显示,每年全球范围内新增的生殖道沙眼衣原体感染者数以百万计,成人感染沙眼衣原体的概率更是居高不下。妊娠,作为女性体内激素水平、生理结构乃至心理状态发生显著变化的时期,为病原体的入侵提供了可乘之机。研究表明,妊娠期间感染沙眼衣原体或妊娠前已携带沙眼衣原体感染的女性,其妊娠结局往往令人担忧<sup>[3]</sup>。据研究数据显示,妊娠早期沙眼衣原体感染是引起自然流产和反复多次自然流产的重要原因之一<sup>[4,5]</sup>。一方面,沙眼衣原体可侵入子宫内,破坏其组织结构,导致胚胎与母体之间的营养交换受阻,进而影响胚胎的正常发育。另一方面,沙眼衣原体感染可激活母体免疫系统,产生大量炎症因子和细胞因子,这些因子在清除病原体的同时,也可能对胚胎产生“误伤”,加剧流产的风险。此外,沙眼衣原体感染还可能通过影响胎盘功能、改变母体内分泌环境等多种途径,对妊娠过程产生不良影响。

本次研究通过回顾性分析本院接诊的1375例妊娠期女性患者的病例资料,探析妊娠期合并生殖道沙眼衣原体感染情况及不良妊娠结局,结果报告如下。

## 对象与方法

### 1 研究对象

选取中国医科大学附属盛京医院接诊的1375例妊娠期女性患者为研究对象。纳入标准:①单胎妊娠;②自愿参与本次研究者;③无细菌性阴道病感染史。排除标准:①近两周内存在使用阴道炎症相关药物治疗者;②患有精神性疾病者;③患有自身免疫系统疾病者;④合并有其他生殖道病原体感染者;⑤患有影响妊娠疾病者;⑥合并其他可能影响本次研究结果疾病者;⑦合并多器官功能障碍者;⑧合并其他感染性疾病者。

本研究获本院伦理委员会审核批准。

### 2 资料收集

由经过严格培训的课题组成员,对符合本次研究纳入标准的女性,于其入院首日,发放及指导填写统一的基线资料问卷表。同时利用院内医疗信息系统,同步收集临床资料,包括但不限于超声检查报告、

血液生化指标、心电图结果等。参照国内外相关标准,对每位女性的妊娠结局进行客观、准确的判定,同时进行详细记录<sup>[6]</sup>。在资料收集过程中,严格遵守数据保护原则,确保所有信息的真实性与隐私性。

### 3 生殖道沙眼衣原体检测及基因型分析

妊娠12~20周时,参照美国CDC推荐方法提取宫颈分泌物<sup>[7]</sup>:嘱患者采取仰卧位,对外阴部进行常规消毒后,窥阴器消毒后经阴道置入,使宫颈充分暴露。采用消毒棉球擦拭阴道壁与宫颈外口,将宫颈阴道分泌物擦拭干净后,使用专用无菌棉拭子插入宫颈管内1~2 cm处,轻轻旋转5周后停留10 s,采集宫颈分泌物于培养管内密封送检。对收集到的宫颈分泌物进行沙眼衣原体DNA检测,并进一步进行基因型分析,以确定感染的具体类型。采用聚合酶链反应(PCR)进行沙眼衣原体DNA检测(ABI7500荧光定量PCR仪,美国ABI公司),检测试剂盒由达安基因股份有限公司提供。检测过程严格遵循试剂盒说明书操作规程,确保检测结果的准确性。阳性标本采用巢式PCR技术检测外膜蛋白A(outer membrane protein A)基因型,包括D~K型,操作方法参照参考文献<sup>[8]</sup>。

### 4 生殖道菌群检测

采集沙眼衣原体阳性患者生殖道分泌物标本,接种于不同培养基上检测阴道内菌群变化情况,包括乳杆菌、细菌性阴道病、霉菌等。将标本进行涂片处理后,观察阴道菌群密集度、阴道菌群多样性。阴道菌群密集度:I级(+):1~9个细菌/视野;II级(++):10~99个细菌/视野;III级(+++):≥100个细菌/视野;IV级(++++) :细菌聚集成团。II~III级为正常,I级或IV级为异常。阴道菌群多样性:I级(+):1~3种细菌;II级(++):4~6种细菌;III级(+++):7~9种细菌;IV级(++++) :10种以上细菌。II~III级为正常,I级或IV级为异常。采用阴道微生物评价系统对阴道炎症情况进行检测。

### 5 统计分析

针对收集到的数据,采用SPSS 26.0进行统计学分析,运用描述性统计对研究对象的基本特征进行总结,探析沙眼衣原体感染对妊娠期女性生殖道菌群的影响及与不良妊娠结局的相关性,以期为临床防治提供科学依据。

## 结果

### 1 沙眼衣原体基因型分布特点

共 78 例妊娠期女性检出生殖道沙眼衣原体感染，感染率为 5.67%(78/1375)。78 例孕妇中，42 例为单基因型感染 (53.85%，42/78)，包括 8 例 D 型 (10.26%，8/78)，15 例 E 型 (19.23%，15/78)，13 例 F 型 (16.67%，13/78)，2 例 G 型 (2.56%，2/78)，1 例 H 型 (1.28%，1/78)，1 例 J 型 (1.28%，1/78)，2 例 K 型 (2.56%，2/78)；27 例为双重基因型感染 (34.62%，27/78)，包括 12 例 E+F 型 (15.38%，12/78)，7 例 D+K 型 (8.97%，7/78)，3 例 J+K 型 (3.85%，3/78)，3 例 E+K 型 (3.85%，3/78)，2 例 D+J 型 (2.56%，2/78)；9 例为多重基因型感染 (11.54%，9/78)，包括 4 例 E+J+K 型 (5.13%，4/78)，2 例 E+F+K 型 (2.56%，2/78)，2 例 F+H+J 型 (2.56%，2/78)，1 例 D+H+K 型 (1.28%，1/78)。

### 2 沙眼衣原体感染对生殖道菌群影响分析

沙眼衣原体感染组中：阴道菌群密集度 I 级 8 例 (10.26%，8/78)，阴道菌群密集度 II 级 20 例 (25.64%，20/78)，阴道菌群密集度 III 级 31 例 (39.74%，31/78)，阴道菌群密集度 IV 级 19 例 (24.36%，19/78)；阴道菌群多样性 I 级 7 例 (8.97%，7/78)，阴道菌群多样性 II 级 46 例 (58.97%，46/78)，阴道菌群多样性 III 级 20 例 (25.64%，20/78)，阴道菌群多样性 IV 级 5 例 (6.41%，5/78)；61 例阴道优势菌为乳酸杆菌 (78.21%，61/78)，17 例优势菌为其他 (21.79%，17/78)；40 例有阴道炎症表现 (51.28%，40/78)。未感染组中：阴道菌群密集度 I 级 38 例 (2.93%，38/1297)，阴道菌群密集度 II 级 713 例 (54.97%，713/1297)，阴道菌群密集度 III 级 389 例 (29.99%，389/1297)，阴道菌群密集度 IV 级 157 例 (12.10%，157/1297)；阴道菌群多样性 I 级 40 例 (3.08%，40/1297)，阴道菌群多样性 II 级 674 例 (51.97%，674/1297)，阴道菌群多样性 III 级 392 例 (30.22%，392/1297)，阴道菌群多样性 IV 级 191 例 (14.73%，191/1297)；905 例阴道优势菌为乳酸杆菌 (69.78%，905/1297)，392 例优势菌为其他 (30.22%，392/1297)；350 例有阴道炎症表现 (26.99%，350/1297)。两组妊娠期女性阴道菌群密集度、阴道菌群多样性、阴道炎症表现差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )，优势菌差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。见表 1。

### 3 沙眼衣原体感染对妊娠结局的影响

感染组中，胎膜早破 25 例 (32.05%，25/78)，早产 20 例 (25.64%，20/78)，产后出血 8 例 (10.26%，8/78)，胎儿窘迫 23 例 (29.49%，23/78)，低出生体质量儿 22 例 (28.21%，22/78)，绒毛膜羊膜炎 27 例 (34.62%，27/78)，新生儿病理性黄疸 20 例 (25.64%，20/78)，新生儿肺炎 32 例 (41.03%，32/78)，新生儿室

息 3 例 (3.85%，3/78)，新生儿感染 25 例 (32.05%，25/78)。未感染组中，胎膜早破 131 例 (10.1%，131/1297)，早产 102 例 (7.86%，102/1297)，产后出血 3 例 (0.23%，3/1297)，胎儿窘迫 380 例 (29.3%，380/1297)，低出生体质量儿 195 例 (15.03%，195/1297)，绒毛膜羊膜炎 200 例 (15.42%，200/1297)，新生儿病理性黄疸 208 例 (16.04%，208/1297)，新生儿肺炎 259 例 (19.97%，259/1297)，新生儿窒息 13 例 (1%，13/1297)，新生儿感染 181 例 (13.96%，181/1297)。感染组与未感染组对比发现，胎膜早破、早产、产后出血、低出生体质量儿、绒毛膜羊膜炎、新生儿病理性黄疸、新生儿肺炎、新生儿窒息、新生儿感染发生率差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )，胎儿窘迫发生率差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。见表 2。

表 1 感染组与未感染组生殖道菌群特点对比  
Table 1 Comparison of genital tract flora characteristics between the infected group and the uninfected group

生殖道菌群 Genital tract flora	感染组 (n=78) Infection group		未感染组 (n=1297) Uninfected group		$\chi^2$	P
	病例数 No.	构成比 Ratio (%)	病例数 No.	构成比 Ratio (%)		
阴道菌群密集度	I	8	10.26	38	2.93	34.602 0.000
	II	20	25.64	713	54.97	
	III	31	39.74	389	29.99	
	IV	19	24.36	157	12.10	
阴道菌群多样性	I	7	8.97	40	3.08	12.243 0.007
	II	46	58.97	674	51.97	
	III	20	25.64	392	30.22	
	IV	5	6.41	191	14.73	
优势菌	乳酸杆菌	61	78.21	905	69.78	2.501 0.114
	其他	17	21.79	392	30.22	
阴道炎症表现	有	40	51.28	350	26.99	21.376 0.000
	无	38	48.72	947	73.01	

表 2 感染组与未感染组妊娠结局对比  
Table 2 Comparison of pregnancy outcomes between infected and uninfected groups

妊娠结局 Pregnancy outcome	感染组 (n=78) Infection group		未感染组 (n=1297) Uninfected group		$\chi^2$	P
	病例数 No.	构成比 Ratio (%)	病例数 No.	构成比 Ratio (%)		
胎膜早破	25	32.05	131	10.10	35.247	0.000
早产	20	25.64	102	7.86	28.756	0.000
产后出血	8	10.26	3	0.23	93.177	0.000
胎儿窘迫	23	29.49	380	29.30	0.001	0.972
低出生体质量儿	22	28.21	195	15.03	9.602	0.002
绒毛膜羊膜炎	27	34.62	200	15.42	19.668	0.000
新生儿病理性黄疸	20	25.64	208	16.04	4.906	0.027
新生儿肺炎	32	41.03	259	19.97	19.552	0.000
新生儿窒息	3	3.85	13	1.00	5.174	0.023
新生儿感染	25	32.05	181	13.96	18.916	0.000

### 4 不同基因型沙眼衣原体感染孕妇妊娠结局对比

多重基因型感染组中胎膜早破、早产、新生儿肺

炎、新生儿窒息的发生率显著高于单基因型、双重基因型感染组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),三组产后出血、胎儿窘迫、低出生体质量儿、绒毛膜羊膜炎、新生儿病理性黄疸、新生儿感染发生率差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。见表3。

表3 不同基因型沙眼衣原体感染妊娠结局对比  
Table 3 Comparison of pregnancy outcomes with different genotypes of *C. trachomatis* infection

妊娠结局 Pregnancy outcome	单基因型 (n=42)		双重基因型 (n=27)		多重基因型 (n=9)		$\chi^2$	P
	Single genotype (n=42)		Dual genotype (n=27)		Multiple genotypes (n=9)			
	病例数 No.	构成比 Ratio (%)	病例数 No.	构成比 Ratio (%)	病例数 No.	构成比 Ratio (%)		
胎膜早破	3	7.14	15	55.56	7	77.78	27.455	0.000
早产	2	4.76	12	44.44	6	66.67	22.555	0.000
产后出血	4	9.52	3	11.11	1	11.11	0.053	0.974
胎儿窘迫	10	23.81	9	33.33	4	44.44	1.812	0.404
低出生体质量儿	9	21.43	9	33.33	4	44.44	2.475	0.290
绒毛膜羊膜炎	13	30.95	10	37.04	4	44.44	0.703	0.704
新生儿病理性黄疸	10	23.81	7	25.93	3	33.33	0.354	0.838
新生儿肺炎	8	19.05	16	59.26	8	88.89	20.617	0.000
新生儿窒息	0	0.00	1	3.70	2	22.22	9.899	0.007
新生儿感染	12	28.57	9	33.33	4	44.44	0.889	0.641

## 讨论

沙眼衣原体因其独特的免疫逃避机制,能够巧妙地利用宿主细胞的生物学特性,将自己藏匿于细胞内部,从而避免了免疫系统的直接攻击<sup>[9]</sup>。此外,还能够通过一系列复杂的分子机制,干扰宿主的免疫反应,进一步巩固其在细胞内的“避难所”。这种高超的免疫逃避策略,使得沙眼衣原体在机体内得以长期潜伏,并在适当时机引发感染。沙眼衣原体基因型的全长为1 042 kb,根据其可变区序列氨基酸序列的不同,可以划分为19种血清型。相关研究结果显示,沙眼衣原体基因分型中的E型与F型,是当前全球范围内最为普遍的流行型别<sup>[10]</sup>。本次研究中,沙眼衣原体感染率5.67%。其中,53.85%为单基因型感染,主要为E型,34.62%为双重基因型感染,主要为E+F型;11.54%为多重基因型感染,主要为E+J+K型。沙眼衣原体的基因多样性可能是其感染能力的一个关键因素,E型与F型的共存,以及E型在单基因型感染中的主导地位,可能与临床上观察到的沙眼衣原体感染的严重程度有关。此外,多重基因型感染虽然比例较低,但其潜在的致病性和传播风险不容忽视。

生殖道菌群,在女性健康中扮演着至关重要的角色。它不仅仅是一个简单的微生物集合,而是由众多细菌、真菌、病毒及其他微生物共同构成的复杂网络,这些微生物在女性下生殖道内和谐共存,形成了一个

独特的生态平衡<sup>[11]</sup>。在微生物组学的广阔领域中,生殖道菌群作为人类微生物组计划四类采样部位之一,尽管其生物多样性相对较低,但其重要性却不容小觑<sup>[12]</sup>。本次研究发现,沙眼衣原体感染对妊娠期女性生殖道菌群有影响,感染组与未感染组女性阴道菌群密集度、多样性及阴道炎症表现对比差异具有统计学意义,优势菌对比差异不显著。这表明沙眼衣原体感染可能通过改变生殖道菌群结构,增加了妊娠期女性患阴道炎症的风险<sup>[13]</sup>。生殖道菌群的失衡不仅影响妊娠期女性的生理健康,还可能对胎儿的发育产生潜在影响<sup>[14,15]</sup>。因此,深入研究沙眼衣原体感染与生殖道菌群之间的关系,对于防治感染、维护女性及胎儿健康至关重要。通过合理调整菌群结构,恢复生殖道微生态平衡,有望为沙眼衣原体感染的防治提供新策略。

据WHO的研究结果显示,三分之一的不良妊娠结局与孕妇感染存在直接关联。多种感染源通过模式识别受体途径,引发炎症细胞因子及化学因子的释放,进而可能诱发早产现象,生殖道病原微生物的上行性感染是导致胎膜早破及早产的主要原因<sup>[13]</sup>。本次研究显示,感染组胎膜早破、早产、产后出血等不良妊娠结局发生率高于未感染组,差异有统计学意义,胎儿窘迫发生率对比差异不显著。当沙眼衣原体成功入侵生殖道后,可分泌尿素酶,不仅改变生殖道的微环境,降低了局部pH值,还显著削弱了生殖道对外界有害因素的抵抗能力,为其他病原体的入侵提供了可乘之机。更为严重的是,沙眼衣原体凭借其独特的黏附能力,能够附着在生殖上皮细胞表面,通过溶解细胞膜磷脂的方式,直接损伤宿主细胞。这一过程不仅破坏了细胞膜的完整性,还导致了细胞功能的丧失,进而引发组织黏连、炎症反应等一系列损害。然而,沙眼衣原体对生殖系统的危害远不止于此。它们对生长中的胚胎也构成了巨大的威胁。沙眼衣原体感染导致的生殖道微环境改变、细胞损伤以及炎症反应等,都会直接或间接地影响胚胎的发育过程。这些不利因素可能导致胚胎发育迟缓、畸形甚至流产等不良妊娠结局的发生<sup>[14]</sup>。这提示我们在妊娠期对沙眼衣原体感染进行有效控制和治疗,是降低不良妊娠结局风险的重要措施。本次研究对比不同分组患者妊娠结局显示,不同基因型的沙眼衣原体感染对妊娠期女性生殖道的影响存在差异,多重基因型沙眼衣原体感染组中胎膜早破、早产等不良妊娠结局发生率显著高于单基因型、双重基因型感染组。与孙伟红等<sup>[15]</sup>研究结果相近。这表明多重基因型沙眼衣原体感染更可能导致严重的妊娠并发症,因此,针对此类感染的有效诊断和分型对于制定防治策略至关重要。

综上所述,沙眼衣原体感染对女性生殖健康的危

害不容忽视,尤其对于妊娠期女性,强化监测和精准治疗是保障母婴安全的关键。当前研究强调了多重基因型沙眼衣原体感染的严重性,提示临床医生应关注感染基因型的差异,以优化治疗方案。为此,建议在临床实践中,对妊娠期女性进行常规的沙眼衣原体筛查,并根据基因型分型结果制定个性化治疗方案。同时,应加强宣传教育,提高孕妇的自我保护意识,预防生殖道感染的发生。此外,针对沙眼衣原体感染的研究不应局限于病原体本身,还应关注其与生殖道微生物的相互作用,为防治工作提供更多科学依据。

【参考文献】

[1] Adachi K, Nielsen-Saines K, Klansner JD. *Chlamydia trachomatis* infection in pregnancy: the global challenge of preventing adverse pregnancy and infant outcomes in sub-saharan africa and asia[J]. Biomed Res Int, 2019, 1(2): 1-21.

[2] Van Der Pol B, Fife K, Taylor SN, et al. Evaluation of the performance of the Cobas CT/NG test for use on the Cobas 6800/8800 systems for detection of *Chlamydia trachomatis* and *Neisseria gonorrhoeae* in male and female urogenital samples[J]. J Clin Microbiol, 2019, 57(4): 1996-2018.

[3] Hatzidaki E, Gourgiotis D, Manoura A, et al. Interleukin-6 in preterm premature rupture of membranes as an indicator of neonatal outcome[J]. Acta Obstet Gyn Scan, 2021, 84 (7): 632-638.

[4] 马宁,尹山兰,王慧玲,等. 复发性流产患者的生殖系统感染及影响因素分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(4): 465-468.

[5] Wilkowska-Trojnieł M, Zrodowska-Stefanow B, Ostaszewska-Puchalska I, et al. The influence of *Chlamydia trachomatis* infection on spontaneous abortions[J]. Advances in medical sciences, 2020, 54(1): 86-90.

[6] Sethi S, Roy A, Garg S, et al. Detection of Chlamydia trachomatis infections by polymerase chain reaction in asymptomatic pregnant women with special reference to the utility of the pooling of urine specimens[J]. India J Med Res, 2017, 146 (9): 59-63.

[7] World Health Organization. DEPT of Reproductive Health and

Research. Global incidence and prevalence of selected curable sexually transmitted infections-2008 [M]. Geneva WHO, 2012: 1-20.

[8] 于燕. 孕妇沙眼衣原体感染及基因型与母婴传播的关系研究 [D]. 南方医科大学, 2019.

[9] Keizur EM, Bristow CC, Baik Y, et al. Knowledge and testing preferences for *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, and *Trichomonas vaginalis* infections among female undergraduate students[J]. J Am Coll Health, 2020, 68(7): 754-761.

[10] Unemo M, Bradshaw CS, Hocking JS, et al. Sexually transmitted infections: challenges ahead[J]. Lancet Infect Dis, 2017, 17(8): 235-279.

[11] 曾苒,张先平. 260例女性生殖道解脲支原体、沙眼衣原体耐药情况分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(6): 721-724, 733.

[12] Bielanski A, Haber J. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome[J]. Oxyg Catal, 2020, 486(7402): 330-335.

[13] 林艳,韩博,陈媛媛,等. 女性盆腔炎症性疾病(PID)病原菌分布及耐药性分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(11): 1337-1340.

[14] Serrana MG, Parikh HI, Brooks JP, et al. Racioethnic diversity in the dynamics of the vaginal microbiome during pregnancy[J]. Nat Med, 2019, 25(6): 1001-1011.

[15] Hassan MF, Rund NMA, El-Tohamy O, et al. Does aerobic vaginitis have adverse pregnancy outcomes? Prospective observational study[J]. Infect Dis Obstet Gynecol, 2020, 1(1): 5842150.

[16] 陈慕璇. 妊娠期女性生殖道菌群与不良妊娠结局的相关性研究 [D]. 南方医科大学, 2022.

[17] 林亚芬,朱秋敏. 胎膜早破孕妇宫颈分泌物B族链球菌、支原体、衣原体感染状况及妊娠结局分析[J]. 中国妇幼保健, 2020, 35(5): 817-819.

[18] 孙伟红,赵鸿雁,崔海春,等. 沙眼衣原体感染对生殖道菌群及妊娠结局的影响[J]. 中华医院感染学杂志, 2021, 31(14): 2211-2215.

【收稿日期】 2024-10-08 【修回日期】 2024-12-20

(上接 261 页)

[20] Tola A, Mishore KM, Ayele Y, et al. Treatment outcome of tuberculosis and associated factors among TB-HIV coinfecting patients at public hospitals of Harar Town, Eastern Ethiopia. A five-year retrospective study[J]. BMC Public Health, 2019, 19 (1): 1658.

[21] 徐素芹,袁飞,洪峰,等. 2012-2021年贵阳市青年 HIV 感染者和艾滋病患者时空分布特征 [J]. 中国预防医学杂志, 2024, 25 (6): 776-781.

[22] 尤海菲,任强,贾华,等. 2017-2021年陕西省男男同性性行为人群 HIV 感染状况及相关因素分析 [J]. 中国预防医学杂志,

2023, 24(11): 1216-1221.

[23] 周林颖,刘兴,伍勇,等. HIV/AIDS患者并发EBV和HCMV感染临床免疫学特征及影响因素分析 [J]. 现代检验医学杂志, 2024, 39(2): 91-95.

[24] Farahani M, Mulinder H, Farahani A, et al. Prevalence and distribution of non-AIDS causes of death among HIV-infected individuals receiving antiretroviral therapy: a systematic review and meta-analysis[J]. Int J Std AIDS, 2017, 28(7): 636-650.

【收稿日期】 2024-09-21 【修回日期】 2024-12-13