

[专题研究]

妇科感染 BV、VVC 和 TV 与宫颈 HR-HPV 感染的相关性研究

闫梦可¹, 杨业环², 赵艳霞², 马 兰², 杨艺林¹, 郑睿敏²

(1. 中国疾病预防控制中心, 北京 102206; 2. 国家卫生健康委妇幼健康中心, 北京 100081)

[摘要]目的 基于全国宫颈癌筛查大样本数据,探讨妇科常见感染与高危型人乳头瘤病毒(HR-HPV)感染风险及其主要型别(HPV16/52/58)之间的关联,为宫颈癌预防提供参考依据。方法 采用横断面研究设计,纳入2021年全国11个省份39个区县113 149名接受HR-HPV分型检测的35~64岁女性。通过多因素logistic回归分析三种不同妇科感染与HR-HPV感染的关联,并进一步分析其与HPV16/52/58型别的特异性关联。结果 患有细菌性阴道病(BV)、外阴阴道假丝酵母菌病(VVC)及滴虫性阴道炎(TV)的女性,其HR-HPV感染率(分别为15.22%、20.28%、21.16%)均显著高于未患相应感染的女性(9.88%、9.91%、9.89%),差异具有统计学意义($\chi^2=124.889, 211.466, 252.304, P<0.05$)。BV、VVC和TV与HR-HPV感染均呈正相关,校正后比值比(aOR)及95%置信区间(CI)分别为1.69(1.54~1.84)、2.16(1.92~2.43)和2.22(1.98~2.50)。型别特异性分析发现,BV和TV与HPV16、52、58三种型别感染均显著相关;而VVC表现出型别特异性,与HPV52(aOR=1.89, 95%CI: 1.50~2.39)和HPV58(aOR=2.94, 95%CI: 2.30~3.77)感染风险显著相关,但与HPV16感染无关(aOR=0.97, 95%CI: 0.68~1.36)。结论 细菌性阴道病、外阴阴道假丝酵母菌病和滴虫性阴道炎与高危型人乳头瘤病毒感染呈正相关,且其影响存在型别特异性模式,在宫颈癌防控中应重视下生殖道感染的协同管理。

[关键词]高危型人乳头瘤病毒;妇科感染;细菌性阴道病;外阴阴道假丝酵母菌病;滴虫性阴道炎

Doi:10.3969/j.issn.1673-5293.2026.04.001

[中图分类号]R173

[文献标识码]A

[文章编号]1673-5293(2026)04-0001-07

A study on the correlation between BV, VVC, and TV infections and cervical HR-HPV infection

YAN Mengke¹, YANG Yehuan², ZHAO Yanxia², MA Lan², YANG Yilin¹, ZHENG Ruimin²

(1. Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China; 2. National Center for Women and Children's Health, Beijing 100081, China)

[Abstract] **Objective** Based on large-scale national cervical cancer screening data, this study aims to explore the association between common gynecological infections and the risk of HR-HPV infection and its major genotypes (HPV16/52/58), providing evidence for cervical cancer prevention. **Methods** A cross-sectional study design was adopted, including 113 149 women aged 35-64 years who underwent HR-HPV genotyping tests in 39 districts across 11 provinces in 2021. Multivariate logistic regression was used to analyze the association between different gynecological infections and HR-HPV infection, and further to analyze the specific association with HPV16/52/58 types. **Results** The HR-HPV infection rates among women with bacterial vaginosis, vulvovaginal candidiasis, and trichomonal vaginitis were 15.22%, 20.28%, and 21.16%, respectively, all significantly higher than those among women without the corresponding infections (9.88%, 9.91%, 9.89%) ($\chi^2=124.889, 211.466, 252.304$, all $P<0.05$). Bacterial vaginosis, vulvovaginal candidiasis, and trichomonal vaginitis were positively associated with HR-HPV infection. After full adjustment, the adjusted odds ratios (aOR) and 95% confidence intervals (CI) were 1.69(1.54-1.84), 2.16(1.92-2.43), and 2.22(1.98-2.50), respectively. Type-specific analysis revealed that BV and TV were significantly associated with infections of HPV16, 52, and 58; however, VVC showed significant type-specific association, being significantly associated with HPV52 (aOR=1.89, 95%CI: 1.50-2.39) and HPV58 (aOR=2.94, 95%CI: 2.30-3.77) infections, but not with HPV16 infection (aOR=0.97, 95%CI: 0.68-1.36). **Conclusion** BV, VVC, and TV are positively correlated with HR-HPV infection, and their effects show type-specific patterns. In cervical cancer prevention and control, the co-management of lower genital tract infections should be

[收稿日期]2026-01-04

[基金项目]国家重点研发项目(2023YFC2705501)

[作者简介]闫梦可(2000—),女,在读硕士研究生,主要从事妇女保健相关研究。

[通讯作者]郑睿敏,研究员。

emphasized.

[Key words] high-risk human papillomavirus;gynecological infection;bacterial vaginosis;vulvovaginal candidiasis;trichomonal vaginitis

宫颈癌是严重威胁全球女性健康的第四大常见恶性肿瘤,其防控是全球公共卫生的重要挑战^[1]。国际癌症研究中心(International Agency for Research on Cancer,IARC)发布数据显示,截至2022年,全球宫颈癌新发病例66.1万例,因宫颈癌死亡人数高达34.8万^[2]。中国国家癌症中心(National Cancer Center,NCC)数据显示2022年中国女性宫颈癌发病人数达15.07万,因宫颈癌死亡人数达5.57万^[3]。宫颈癌的发生与持续感染高危人乳头状瘤病毒(high risk human papillomavirus,HR-HPV)密切相关^[4],全球约11.7%的女性携带HPV感染^[5]。除病毒因素外,女性下生殖道局部微环境的稳态对于HPV感染的清除至关重要。研究表明,阴道微生态失衡会显著增加女性HR-HPV感染及其持续存在的风险^[6-8],并与宫颈病变发生密切相关^[9]。目前的宫颈癌防控策略多聚焦于HPV疫苗接种及筛查管理,对于影响HR-HPV感染结局的局部微环境因素关注相对不足,尤其缺乏基于中国大规模筛查人群的流行病学证据。在此背景下,本研究拟在全国宫颈癌筛查项目的大样本人群中,系统评估细菌性阴道病(bacterial vaginosis,BV)、外阴阴道假丝酵母菌病(vulvovaginal candidiasis,VVC)及滴虫性阴道炎(trichomonal vaginitis,TV)与HR-HPV感染风险之间的相关性,并进一步分析其与我国主要流行HR-HPV型别(HPV16/52/58)的特异性关系,为完善我国宫颈癌一级预防策略提供本土化循证依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象

本研究为横断面研究,收集2021年1月至2021年12月期间来自中国11个省份39个区县、自愿参与并接受HR-HPV分型检测的35~64岁女性的个案数据。根据纳入与排除标准进行筛选,本研究的纳入标准为年龄范围在35~64岁女性,自愿接受检查者。排除标准:①排除高危型HPV检测结果/分型结果缺失者;②排除重复筛查个案;③排除既往患宫颈癌/行子宫全切术者。最终共纳入113 149名研究对象。本研究通过了国家卫生健康委妇幼保健中

心伦理审查委员会批准(批准编号:2025FY14)。

1.2 相关指标定义

本研究基于宫颈癌筛查项目的个案登记表收集数据,具体指标定义及诊断标准如下:

1.2.1 一般人口学特征

①年龄:将35~64岁的研究对象划分为35~39岁、40~44岁、45~49岁、50~54岁、55~59岁和60~64岁共6个年龄组;②地区:参照国家统计局的区域划分标准,将研究覆盖的11个省份划分为东部、中部、西部和东北四大地区;③文化程度:分为小学及以下、初中、高中或中专、大专及以上;④民族:分为汉族和少数民族。

1.2.2 HPV感染状况

HPV检测及基因分型由项目医疗机构完成,所用检测试剂均符合《子宫颈癌检查质量保障及质量控制指南》^[10]的技术要求。①HR-HPV阳性:检测结果显示14种高危型别中任意一种或多种为阳性,即判定为HR-HPV感染;②分型判定:详细记录具体感染的基因型别。

1.2.3 妇科感染状况

感染状况的判定依据项目医疗机构的个案记录,诊断均参照《妇产科学》相关标准执行:①细菌性阴道病(BV):依据Amsel临床诊断标准(线索细胞阳性、胺试验阳性、pH值>4.5及分泌物性状改变中至少满足3项),或实验室革兰氏染色Nugent评分标准诊断;②外阴阴道假丝酵母菌病(VVC):依据临床体征结合阴道分泌物中发现假丝酵母菌的芽生孢子或假菌丝确诊;③滴虫性阴道炎(TV):依据临床症状结合阴道分泌物中发现阴道毛滴虫确诊;④判定原则:依据个案登记表,凡诊断为上述感染者记为阳性,若同一对象被诊断为多种感染,则分别纳入各感染组进行统计。

1.3 统计学分析

使用Excel 2021建立数据库,应用SPSS 26.0及R 4.5.1统计软件进行数据整理与分析,计量资料使用均值和标准差($\bar{x} \pm s$)描述,计数资料使用频数及百分比[n(%)]表示。使用 χ^2 检验进行单因素

分析,比较不同妇科感染(BV、VVC、TV)组间的 HR-HPV 感染率差异,使用 logistic 回归分析进行多因素分析,以是否感染 HR-HPV 为因变量,采用二元 logistic 回归模型探讨三种妇科感染与 HR-HPV 感染的相关性,并构建 3 个 logistic 回归模型以控制混杂因素,计算比值比(odds ratio,OR)、校正后比值比(adjusted odds ratio,*aOR*)及其 95%置信区间(confidence interval,CI)。模型 1 仅纳入三种妇科感染变量(BV、VVC、TV),模型 2 在模型 1 基础上校正年龄与地区因素,模型 3 在模型 2 基础上进一步校正民族与文化程度因素。所有分类变量在回归模型中均设置为哑变量进行分析。以 $P<0.05$ 表

示有统计学意义。

2 结果

2.1 一般人口学特征

本研究共纳入 113 149 名接受 HR-HPV 分型检测的女性,研究对象平均年龄为(48.23±7.74)岁,其中 50~54 岁年龄组女性的占比最高,为 21.57%,60~64 岁年龄组女性的构成比最低,为 7.51%。研究对象主要来自东北地区(32.49%);民族以汉族(93.70%)为主,文化程度主要为初中(56.67%)和小学及以下(21.89%)。见表 1。

表 1 研究对象的一般人口学特征及 HR-HPV 感染情况[n(%)]

Table 1 Demographic characteristics and HR-HPV infection status of the study participants [n(%)]

变量	总人数(n=113 149)	HPV 感染(n=11 395)	χ^2	<i>P</i>
年龄(岁) ^a			26.375	<0.001
35~39	19 359(17.13)	1 828(9.44)		
40~44	19 459(17.22)	1 883(9.68)		
45~49	22 730(20.11)	2 245(9.88)		
50~54	24 378(21.57)	2 521(10.34)		
55~59	18 611(16.47)	1 988(10.68)		
60~64	8 485(7.51)	910(10.72)		
地区			404.973	<0.001
东部地区	32 458(28.69)	3 002(9.25)		
中部地区	8 996(7.95)	1 093(12.15)		
西部地区	34 932(30.87)	4 296(12.30)		
东北地区	36 763(32.49)	3 004(8.17)		
民族 ^b			90.429	<0.001
汉族	105 347(93.70)	10 390(9.86)		
少数民族	7 087(6.30)	948(13.38)		
文化程度 ^c			9.444	0.024
小学及以下	24 669(21.89)	2 441(9.90)		
初中	63 847(56.67)	6 358(9.96)		
高中或中专	13 663(12.13)	1 472(10.77)		
大专及以上	10 493(9.31)	1 038(9.89)		

注:部分变量存在数据缺失;^a 年龄信息缺失 127 例;^b 民族信息缺失 715 例;^c 文化程度信息缺失 477 例。

2.2 不同妇科感染状况与 HR-HPV 感染的单因素分析

在接受妇科检查的 113 126 名 35~64 岁女性中,BV 的检出率为 3.64%($n=4\ 113$);VVC 的检出

率为 1.60%($n=1\ 810$);TV 的检出率为 1.62%($n=1\ 829$)。采用 χ^2 检验比较不同妇科感染状态下的 HR-HPV 感染率差异,患有细菌性阴道病(BV)、外阴阴道假丝酵母菌病(VVC)及滴虫性阴道

炎(TV)的女性,其HR-HPV感染率(分别为15.22%、20.28%、21.16%)均显著高于未患相应感染的女性(9.88%、9.91%、9.89%),差异具有统计

学意义($\chi^2 = 124.889, 211.466, 252.304, P < 0.05$)。见表2。

表2 不同妇科感染特征研究对象的HR-HPV感染情况[n(%)]

Table 2 Comparison of HR-HPV infection status among participants with different gynecological infections [n(%)]

变量	总人数(n=113 126)	HPV 感染(n=11 394)	χ^2	P
BV			124.889	<0.001
有	4 113(3.64)	626(15.22)		
无	109 013(96.36)	10 768(9.88)		
VVC			211.466	<0.001
有	1 810(1.60)	367(20.28)		
无	111 316(98.40)	11 027(9.91)		
TV			252.304	<0.001
有	1 829(1.62)	387(21.16)		
无	111 297(98.38)	11 007(9.89)		

2.3 不同妇科感染状况与 HPV 感染的多因素分析

单因素分析结果显示,年龄等变量与HR-HPV感染存在关联(表1),为控制潜在混杂因素,本研究采用多因素 Logistic 回归模型进一步分析。本研究构建了三个 Logistic 回归模型(表3)。模型1未校正任何因素;模型2校正了年龄与地区变量;模型3进一步校正了民族与文化程度变量。

多因素分析结果显示,三种妇科感染均与HR-HPV感染存在显著相关,且该关联在不同模型中表现稳健。在未进行校正的模型1中,BV、VVC及

TV均与HR-HPV感染风险呈显著正相关(P 均<0.001),其中TV的关联强度最大($OR = 2.49, 95\%CI: 2.22 \sim 2.79$)。在校正了年龄与地区因素后(模型2),上述关联的效应值(aOR)仅轻微下降。在完全校正了所有人口学及社会经济因素的模型3中,BV、VVC和TV的校正后比值比(aOR)分别为1.69($95\%CI: 1.54 \sim 1.84$)、2.16($95\%CI: 1.92 \sim 2.43$)和2.22($95\%CI: 1.98 \sim 2.50$),表明这些关联在很大程度上独立于年龄、地区、民族及文化程度的影响。此外,模型3显示,年龄增长、居住在中部或西部地区,以及少数民族身份与HR-HPV感染呈正相关。

表3 妇科常见感染与HR-HPV感染风险关联的多因素 Logistic 回归分析

Table 3 Multivariable logistic regression analysis of the association between common gynecological infections and the risk of HR-HPV infection

变量	模型1[$OR(95\%CI)$]	模型2[$aOR(95\%CI)$]	模型3[$aOR(95\%CI)$]
妇科感染			
未感染	Ref	Ref	Ref
BV	1.68(1.54, 1.84)	1.66(1.52, 1.82)	1.69(1.54, 1.84)
VVC	2.36(2.10, 2.65)	2.24(1.99, 2.53)	2.16(1.92, 2.43)
TV	2.49(2.22, 2.79)	2.32(2.07, 2.60)	2.22(1.98, 2.50)
年龄(岁)			
35~39	—	Ref	Ref
40~44	—	1.07(0.996, 1.14)	1.06(0.99, 1.14)
45~49	—	1.09(1.02, 1.16)	1.09(1.02, 1.17)
50~54	—	1.19(1.11, 1.26)	1.20(1.12, 1.28)
55~59	—	1.26(1.17, 1.35)	1.27(1.19, 1.36)
60~64	—	1.32(1.21, 1.44)	1.35(1.24, 1.47)

(转下表)

(续上表)

变量	模型 1[OR(95%CI)]	模型 2[aOR(95%CI)]	模型 3[aOR(95%CI)]
地区			
东部地区	—	Ref	Ref
中部地区	—	1.35(1.25,1.45)	1.36(1.26,1.46)
西部地区	—	1.39(1.32,1.46)	1.39(1.32,1.47)
东北地区	—	0.89(0.84,0.94)	0.89(0.85,0.94)
民族			
汉族	—	—	Ref
少数民族	—	—	1.21(1.12,1.30)
文化程度			
小学及以下	—	—	Ref
初中	—	—	1.06(1.01,1.12)
高中或中专	—	—	1.12(1.05,1.21)
大专及以上	—	—	1.03(0.95,1.11)

注:aOR,校正后比值比;CI,置信区间。Ref为参照组。模型1未校正任何因素;模型2校正了年龄与地区变量;模型3进一步校正了民族与文化程度变量。

2.4 不同妇科感染与特定 HR-HPV 型别的关联

根据本研究的数据分析结果,HPV52、16 和 58 是中国女性主要感染的 HR-HPV 型别,感染率分别为 2.36%、1.73%、1.40%。因此,本研究重点分析了妇科常见感染 BV、VVC 和 TV 与此三种 HPV 感染主要型别的特异性关联。根据表 4 结果显示,BV 和 TV 与三种 HPV 感染主要型别(HPV52/16/58)均呈正相关,然而 VVC 显示出型别特异性。VVC 与 HPV52 型($aOR=1.89,95\%CI:1.50\sim2.39$)及 HPV58 型($aOR=2.94,95\%CI:2.30,3.77$)感染风险显著相关,但未发现其与 HPV16 感染之间存在统计学显著相关性($aOR=0.97,95\%CI:0.68\sim1.36$)。

表 4 妇科感染与特定 HR-HPV 型别
感染风险的 logistic 回归分析 [aOR(95%CI)]

Table 4 Logistic regression analysis of the association
between gynecological infections and the risk of specific
HR-HPV type infections [aOR(95%CI)]

妇科感染	HPV52	HPV16	HPV58
BV	1.38(1.15,1.65)	1.52(1.24,1.86)	1.58(1.26,1.98)
VVC	1.89(1.50,2.39)	0.97(0.68,1.36)	2.94(2.30,3.77)
TV	1.41(1.08,1.84)	1.93(1.51,2.47)	1.91(1.43,2.54)

注:aOR,为校正后比值比;CI,为置信区间。所有模型均校正了年龄、地区、民族及文化程度因素。

3 讨论

宫颈癌是影响全球女性健康的常见恶性肿瘤之一,其发生发展与 HR-HPV 的持续感染密切相关^[4]。女性下生殖道感染能够降低 HPV 的自然清除率,促进病毒的持续存在,从而在宫颈癌的发生与进展中发挥协同作用^[11]。本研究基于一项全国性宫颈癌筛查项目的大样本人群数据,系统探讨了三种妇科常见感染与 HR-HPV 感染风险及其主要型别之间的关联。

3.1 宫颈癌筛查人群中常见妇科感染的检出率

本研究报告了在全国大规模宫颈癌筛查人群中,三种妇科常见感染的检出率。本研究数据显示,BV、VVC 及 TV 的检出率分别为 3.64%、1.60%及 1.62%,这一结果低于既往基于医院就诊人群的研究结果(BV:18.8%,VVC:15.9%,TV:5.5%)^[12];与国内基于社区人群的研究相比,本研究的 BV 检出率略低于北京地区(8.7%)^[13]和兰州地区(7.24%)^[14],VVC 和 TV 检出率与北京地区相近(1.7%、1.0%)^[13],略低于兰州地区(2.91%、2.93%)^[14],TV 检出率高于巴西 2019 及 2022 年宫颈癌筛查人群中的检出率(0.72%)^[15],这种差异可能源于本研究对象为主动参与宫颈癌筛查的普通女性,人群整体健康水平可能优于因症状就诊的患者,

因而感染检出率相对较低。同时,这些差异也可能与不同地区的人群特征、经济发展水平、卫生条件以及具体采用的检测方法 & 诊断标准有关。

3.2 BV、VVC 及 TV 与 HR-HPV 感染呈显著正相关

本研究结果显示,BV、VVC 及 TV 三种常见妇科感染均与 HR-HPV 感染存在关联。在校正了年龄、地区、民族及文化程度等潜在混杂因素后,多因素回归分析显示,上述三种感染均与 HR-HPV 感染呈显著正相关,且关联强度随校正模型变化保持稳健,表明其影响在很大程度上独立于社会人口学特征,更可能源于生物学机制。对文献回顾发现上海一项研究结果显示 BV 与 HR-HPV 感染无关^[16],戴钰等^[17]发现 HR-HPV 阳性率在 TV 患者和未患 TV 女性中无明显差异,但国内外多项研究结果与本研究一致,即以上三种妇科感染与 HPV 感染存在关联^[18-19]。不同研究结果之间的差异,可能与研究人群来源、HPV 及妇科感染的检测方法、诊断标准以及研究设计类型不同有关,这在一定程度上限制了不同研究结果之间的直接比较。但从公共卫生实践角度看,本研究发现具有重要意义,在宫颈癌筛查与管理流程中同步评估并及时治疗这些阴道感染,可望降低 HR-HPV 的持续感染率,进而降低宫颈癌的发生风险。

3.3 不同妇科感染与特定 HR-HPV 型别的关联

本研究针对我国女性中主要流行的三种 HR-HPV 型别(HPV52、HPV16 和 HPV58),分析了三种常见妇科感染与其感染风险之间的特异性关联。结果显示,细菌性阴道病(BV)和滴虫性阴道炎(TV)均与 HPV16/52/58 感染呈正相关,而外阴阴道假丝酵母菌病(VVC)与 HPV 型别的关联呈型别特异性,VVC 与 HPV52/58 显著相关,未观察到其与 HPV16 感染的显著关联。从阴道微生态特征来看,BV 以乳酸杆菌减少、厌氧菌多样性增加及阴道 pH 升高为主要特征;TV 由阴道毛滴虫感染引起,会消耗上皮细胞内糖类物质、抑制乳酸,导致阴道 pH 升高^[20-21]。这两类感染均可造成较为持续的微生态紊乱状态,而阴道 pH 升高及微生态稳态破坏被认为与 HPV 感染风险增加及宫颈病变发生相关^[22],因此 BV 和 TV 可能通过较为广泛的微环境

改变,促进多种 HR-HPV 型别的感染。而 VVC 主要由白假丝酵母菌感染引起,其菌丝黏附和侵入阴道上皮,引发局部炎症反应,VVC 更多被认为涉及特定的免疫病理过程,而非单纯的微生态失调;患者阴道 pH 值通常维持在正常或接近正常水平^[20]。VVC 引发的局部炎症和上皮损伤可能为 HPV52 和 58 的侵入提供了机会,既往研究发现,不同 HR-HPV 型别感染者的阴道微环境存在差异,HPV16 感染者的阴道 pH 水平高于 HPV52 感染者^[23],提示 HPV16 的感染或持续存在可能更依赖于阴道 pH 升高及菌群失衡的微环境。而 VVC 所致的 pH 改变不明显的炎症状态,可能不足以显著影响 HPV16 的感染风险。尽管上述机制仍有待进一步的纵向研究和分子生物学证据加以验证,但本研究基于全国大规模筛查人群的流行病学结果,为不同下生殖道感染可能通过差异化的局部微环境和免疫状态影响特定 HR-HPV 型别感染风险提供了人群层面的支持。

3.4 研究优势与局限性

本研究具有以下几点优势:首先,研究基于具有全国代表性的宫颈癌筛查大样本数据,覆盖中国广泛地域,具有较好的人群和地域代表性,确保了研究结果的稳健性与外推价值;其次,通过多因素回归模型控制混杂变量,在大规模人群中系统揭示了妇科感染与 HR-HPV 及主要 HR-HPV 型别之间的关联,为阐明感染机制及制定精准预防策略提供了重要的流行病学依据。

但本研究仍存在一定局限性。首先,横断面研究设计无法确定妇科感染与 HR-HPV 感染之间的因果关系及时间顺序。其次,尽管研究校正了多项潜在混杂因素,但未能获取并分析如性行为史、吸烟状况等其他潜在混杂变量。第三,HPV 检测在不同地区使用了经批准的多种商业化试剂,虽反映了真实世界筛查现状,但可能引入一定的检测异质性。最后,研究人群年龄范围为 35~64 岁,结论外推至更年轻女性群体时需持谨慎态度。

综上所述,本研究基于全国性大样本筛查数据发现,BV、VVC 及 TV 与 HR-HPV 感染呈显著正相关。细菌性阴道病及滴虫性阴道炎与 HPV16/52/58 感染均相关,外阴阴道假丝酵母菌病与

HPV52/58 型感染特异性相关,而与 HPV16 型无关,揭示了不同下生殖道感染可能通过差异化的微环境机制影响特定 HPV 型别。因此,在宫颈癌一级预防中,应重视对常见下生殖道感染的诊治,并将其作为现有防控体系的有效补充。

[参考文献]

- [1]吴嘉敏,郑睿敏,马兰,等.我国部分地区妇女“两癌”筛查现状分析[J].中国健康教育,2022,38(4):334-338.
- [2]Bray F,Laversanne M,Sung H,et al.Global cancer statistics 2022; GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J].CA Cancer J Clin,2024,74(3):229-263.
- [3]Han B,Zheng R,Zeng H,et al.Cancer incidence and mortality in China,2022[J].J Natl Cancer Cent,2024,4(1):47-53.
- [4]WHO. Cervical cancer-World Health Organization (WHO) [EB/OL]. <https://www.who.int/zh/news-room/fact-sheets/detail/cervical-cancer>.
- [5]Bruni L,Diaz M,Castellsague X,et al.Cervical human papillomavirus prevalence in 5 continents;meta-analysis of 1 million women with normal cytological findings[J].J Infect Dis,2010,202(12):1789-1799.
- [6]Peng N,Xiao J,He L,et al.Association between vaginal microecological alterations and high-risk human papillomavirus infection;a cross-sectional study[J].Front Cell Infect Microbiol,2025,15:1618846.
- [7]Huang J,Yin C,Wang J.Relationship between vaginal microecological changes and oncogene E6/E7 and high-risk human papillomavirus infection[J].J Obstet Gynaecol,2023,43(1):2161349.
- [8]Mei L,Wang T,Chen Y,et al.Dysbiosis of vaginal microbiota associated with persistent high-risk human papilloma virus infection[J].J Transl Med,2022,20(1):12.
- [9]智艳芳,刘慧,张婷,等.阴道微生态失衡与 HR-HPV 感染及宫颈病变的关系[J].中国妇幼健康研究,2022,33(9):90-96.
- [10]魏丽慧,吴久玲.子宫颈癌检查质量保障及质量控制指南[M].北京:人民出版社,2015.
- [11]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.
- [12]张岱,刘朝晖,廖秦平,等.中国医院就诊人群阴道微生态状况调查[J].中华检验医学杂志,2018,41(4):287-291.
- [13]徐彩炎,张为远,武明辉,等.北京地区 25~54 岁已婚妇女下生殖道感染现状调查[J].中华流行病学杂志,2010(2):138-141.
- [14]潘丽,程铖,王春萍,等.2015—2020 年兰州市妇女宫颈癌筛查结果分析[J].中国初级卫生保健,2022,36(11):77-80.
- [15]Santos M D P S,Ramos B R D A,Oliveira M L C S,et al.Prevalence of Trichomonas vaginalis Infection in Women Screened for Precursor Lesions of Cervical Cancer in a Brazilian Population[J].Microorganisms,2024,12(10):2032.
- [16]李磊,王月妹,吴娟.阴道内环境、阴道病原体感染性疾病与高危型 HPV 感染的相关性研究[J].检验医学与临床,2023,20(1):93-96.
- [17]戴钰,刘雨菁,吴定坤,等.女性阴道感染性疾病与 HR-HPV 感染的相关关系[J].现代预防医学,2023,50(18):3329-3336.
- [18]Martins B C T,Guimaraes R A,ALVES R R F,et al.Bacterial vaginosis and cervical human papillomavirus infection in young and adult women: a systematic review and meta-analysis[J].Rev Saude Publica,2023,56:113.
- [19]王海燕,张磊,赵丽丽.阴道微生态对人乳头瘤病毒感染的的影响[J].妇儿健康导刊,2023,2(21):43-45.
- [20]Kalia N,Singh J,Kaur M.Microbiota in vaginal health and pathogenesis of recurrent vulvovaginal infections;a critical review[J].Ann Clinical Microbiol Antimicrob,2020,19(1):5.
- [21]阿迪斯,肖冰冰.生殖道微生态与宫颈 HPV 感染的相关性研究[J].中国微生态学杂志,2022,34(6):728-733.
- [22]李小雪,丁玲,宋丽,等.人乳头瘤病毒感染和阴道微环境紊乱与宫颈病变的关系[J].中华流行病学杂志,2020,41(12):2135-2140.
- [23]谢秀超,彭卫东,候琳,等.基于阴道微生态对比研究宫颈 HPV16 与 HPV52 单一亚型感染特征[J].中国微生态学杂志,2024,36(3):332-335,340.

[专业责任编辑:张 炜]

[中文编辑:方 柳;英文编辑:孙梦菲]