

Clinical study on drug resistance and microecological changes of vaginal flora in patients with bacterial vaginosis and pelvic inflammatory disease during childbearing age

Xiuli Fang Yujing Zhu Nana Gao Haiqin Yu

Xinglong County People's Hospital, Chengde, Hebei, 067000, China

Abstract

Bacterial vaginosis (Bacterial Vaginosis, BV) is a common vaginal infection in women of reproductive age and is often closely associated with pelvic inflammatory disease (Pelvic Inflammatory Disease, PID). In recent years, due to the misuse of antibiotics and the increasing problem of bacterial resistance, the treatment outcomes for BV and PID have been severely challenged. This study aims to investigate the changes in antibiotic resistance and microecological alterations in the vaginal microbiota of women of reproductive age with bacterial vaginosis and pelvic inflammatory disease. By analyzing clinical samples from 100 patients with bacterial vaginosis and pelvic inflammatory disease, combined with bacterial culture, antibiotic susceptibility testing, and high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene, this study comprehensively evaluates the composition and antibiotic resistance characteristics of the vaginal microbiota.

Keywords

women of childbearing age; Bacterial vaginosis; Pelvic inflammatory disease; Vaginal microbiota; Drug resistance; microecology

育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者阴道菌群抗药性和微生态改变的临床研究

房秀丽 朱玉婧 高娜娜 于海琴

兴隆县人民医院, 中国·河北承德 067000

摘要

细菌性阴道病 (Bacterial Vaginosis, BV) 是育龄期女性常见的阴道感染疾病, 且常常与盆腔炎性疾病 (Pelvic Inflammatory Disease, PID) 密切相关。近年来, 由于抗生素的滥用和细菌耐药性问题的日益严重, BV和PID的治疗效果受到严重挑战。本研究旨在探讨育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者阴道菌群的抗药性变化以及微生态的改变。通过对100例育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者的临床样本分析, 结合细菌培养、抗药性测试及16S rRNA基因高通量测序技术, 全面评估阴道菌群的组成与抗药性特征。

关键词

育龄期女性; 细菌性阴道病; 盆腔炎性疾病; 阴道菌群; 抗药性; 微生态

1 引言

本研究旨在通过分析育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者的阴道菌群及其抗药性变化, 揭示其微生态的变化规律, 探讨抗药性对临床治疗效果的影响, 为提高 BV 和 PID 的治疗策略提供理论依据。

【课题项目】2025年承德市科学技术局项目(项目编号: 202501A026)。

【作者简介】房秀丽(1980-), 女, 中国河北承德人, 本科, 副主任医师, 从事妇科学研究。

2 研究对象与方法

2.1 研究对象

本研究选取了100例临床确诊为育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病的女性患者, 年龄范围为18至45岁。所有患者均表现为阴道分泌物增多、异味、瘙痒等症状, 这些症状是细菌性阴道病的典型表现。为了确保研究结果的有效性和代表性, 所有入选的患者在入组时均未接受过抗生素治疗, 且所有患者在参与研究前已签署了知情同意书。知情同意书确保患者了解参与研究的目的、程序、可能的风险以及她们的权利。

为了确保研究对象的纯净性和排除其他干扰因素, 本研究设立了排除标准: 包括妊娠期女性、糖尿病患者、免疫

抑制治疗患者以及存在严重肝肾功能损害的患者。排除这些特殊群体是因为她们的生理和病理状态可能对细菌性阴道病的病理机制、治疗反应和微生态环境造成不同的影响,从而影响研究结果的准确性。通过这些严格的筛选条件,本研究旨在集中分析育龄期女性中常见的细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病的细菌学特征、抗药性情况以及微生态的变化。

2.2 研究方法

临床样本采集:在研究开始时,所有患者均进行了阴道分泌物的采集。采集的阴道分泌物样本被立即用于细菌培养、抗药性测试以及微生态分析。这些标本的采集严格遵循无菌操作,确保样本的代表性和实验的准确性。

细菌培养与鉴定:所有采集的样本首先通过常规的细菌培养方法进行处理。在培养过程中,针对常见的致病菌如金黄色葡萄球菌、大肠杆菌、厌氧菌等进行选择性培养。通过培养,能够分离出样本中的致病微生物,并进行细菌的鉴定。细菌鉴定主要基于其形态学特征、染色反应(如革兰氏染色)以及生化试验,进一步确认各类致病菌的种类和数量。

抗药性测试:细菌培养后,所有分离出的菌株均进行抗药性测试。抗药性测试采用药敏纸片法,评估不同分离菌株对常用抗生素的耐药情况,尤其是青霉素、头孢类、氨基糖苷类等常用抗生素。通过测试抗药性,可以了解细菌是否对当前临床上常用的抗生素产生耐药性,进而为临床用药提供参考依据。

微生态分析:为了进一步研究细菌性阴道病患者的阴道微生态变化,本研究采用16S rRNA基因高通量测序技术进行微生态分析。16S rRNA基因测序技术能够分析阴道菌群的多样性,并且能够深入评估各类细菌的丰度变化。通过这一技术,可以绘制出患者阴道内微生物群落的整体结构图谱,比较患者与健康女性的阴道微生物差异,分析与疾病相关的菌群特征。此外,还可以评估细菌性阴道病对阴道微生态的影响,探讨是否存在特定菌群失调的现象。

通过细菌培养、抗药性测试和微生态分析,本研究将全面揭示细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者的细菌学特征,了解其抗药性和菌群结构变化,为临床上有效的诊疗策略提供重要依据。这种多角度的研究方法能够为提高疾病的早期诊断、合理治疗和微生态干预提供重要的数据支持和理论依据。

3 细菌性阴道病与盆腔炎性疾病的临床特点

3.1 临床症状分析

本研究中的100例患者均表现出典型的细菌性阴道病(BV)症状。常见的临床表现包括阴道分泌物增多、异味明显以及外阴瘙痒等,这些症状是BV的标志性特征,通常与阴道内菌群失调密切相关。大部分患者的阴道分泌物呈现灰白色或黄色,且伴有异味,尤其是在性交后,异味更加明显。此外,约60%的患者伴有下腹痛、白带增多等盆腔炎

症的症状,提示患者可能存在盆腔炎性疾病(PID),这种情况通常与细菌性阴道病同时发生。

通过临床检查,发现大多数患者具有不同程度的盆腔压痛,尤其是在触诊过程中,宫颈处的压痛或触痛更为明显。宫颈触痛通常是盆腔炎性疾病的典型体征之一,说明患者可能存在宫颈炎或上行感染的风险。整体而言,细菌性阴道病伴盆腔炎症的患者症状较为复杂,且往往与其他并发症(如宫颈炎、输卵管炎等)相伴随,提示该病症的治疗需要更为综合的干预措施。

3.2 细菌培养结果

在对阴道分泌物进行细菌培养后,发现大多数患者的阴道分泌物中含有多种致病性菌群,特别是厌氧菌和其他致病性细菌。例如,大肠埃希氏菌(*E. coli*)、金黄色葡萄球菌(*S. aureus*)、厌氧菌(如加德氏菌、梭状芽孢杆菌等)等在多数患者的分泌物中得到了分离。这些细菌与细菌性阴道病(BV)和盆腔炎性疾病(PID)密切相关。

其中,厌氧菌是导致BV及PID的主要致病菌之一。其生长与乳酸菌数量的减少密切相关。正常情况下,阴道内的乳酸菌数量较为丰富,能够抑制其他有害细菌的生长。然而,当乳酸菌数量减少时,厌氧菌和其他致病菌便能迅速繁殖,引发阴道感染及盆腔炎症。这一现象也揭示了细菌性阴道病与菌群失调之间的密切关系,提示需要通过恢复阴道内正常菌群的平衡来进行有效治疗。

此外,金黄色葡萄球菌和大肠埃希氏菌等致病性细菌在细菌性阴道病和盆腔炎症的发病过程中也起着重要作用。这些细菌在阴道内的过度繁殖不仅会加重患者的症状,还可能导致并发症的发生,如尿路感染、子宫内膜炎等。因此,在临床治疗中,针对这些细菌的有效识别与抗菌治疗显得尤为重要[1]。

3.3 抗药性分布

细菌培养结果显示,约45%的患者分离出的致病菌对常用的抗生素(如青霉素、头孢菌素类)具有不同程度的耐药性。这种耐药性主要体现在氨苄青霉素和头孢噻肟的耐药率较高,显示出一些致病菌对传统抗生素的抵抗能力。抗药性菌株的存在使得治疗细菌性阴道病(BV)和盆腔炎性疾病(PID)变得更加复杂。尤其是针对广谱抗生素的耐药性,意味着患者可能需要更强效的抗生素或联合治疗来控制感染。

耐药菌株的增加不仅降低了抗生素治疗的有效性,还可能导致感染持续存在或加重,增加了治疗难度和医疗成本。因此,早期诊断和耐药性检测对于个体化治疗方案的制定至关重要。临床治疗时,除了常规的抗生素使用外,还应考虑菌株的耐药特性,选择合适的抗生素或联合用药,以提高治疗效果。

此外,抗药性问题的普遍存在也提示了公众和医疗机构需要更加关注抗生素的合理使用。滥用或不当使用抗生素

不仅加剧了抗药性菌株的传播,还可能引发更严重的健康问题。因此,采取精准的抗菌策略、加强抗药性监测,以及普及抗生素合理使用教育是当前解决抗药性问题的有效手段[2]。

4 阴道菌群微生态的改变

4.1 微生物多样性的分析

通过16S rRNA基因高通量测序技术,本研究对育龄期细菌性阴道病(BV)伴盆腔炎性疾病(PID)患者的阴道菌群进行了详细分析。研究结果显示,大多数患者的阴道菌群存在明显的失衡现象,表现为正常阴道菌群中的乳酸菌数量显著减少,取而代之的是大量厌氧菌和病原菌的过度生长。在正常情况下,健康女性的阴道菌群以乳酸菌(如*Lactobacillus* spp.)为主,这些乳酸菌通过产生乳酸维持阴道的酸性环境,抑制病原菌的生长。然而,在细菌性阴道病和盆腔炎性疾病患者中,乳酸菌的丰度显著降低,阴道内的pH值上升,提供了一个有利于厌氧菌和其他致病菌生长的环境。

特别是在盆腔炎性疾病患者中,阴道菌群的多样性进一步下降,细菌群体的稳定性较差。这意味着,在这些患者中,阴道微生态的紊乱不仅表现为菌群种类的变化,还表现在菌群的生态失衡,使得致病菌的繁殖得到抑制较少的制约,从而加重了感染的发生与发展。此外,微生态失衡可能还导致局部免疫力的下降,进一步加剧了疾病的慢性化和反复发作[3]。

4.2 阴道菌群的组成变化

进一步分析16S rRNA基因序列的比对结果,我们发现,育龄期细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者的阴道内主要致病菌包括加德氏菌(*Gardnerella vaginalis*)、丙酸杆菌(*Propionibacterium* spp.)和大肠杆菌(*E. coli*)等。这些病原菌在患者阴道内的数量大幅增加,导致阴道微生态的失衡。其中,加德氏菌作为细菌性阴道病的主要致病菌之一,能够在低乳酸环境中大量繁殖,并促进其他病原菌的生长和感染。此外,丙酸杆菌和大肠杆菌的增多与厌氧环境的形成密切相关,这些细菌的过度繁殖不仅会引发阴道的异味、炎症反应,还可能导致上行感染,引起盆腔炎症[4]。

与此同时,阴道微生态中一些有益菌的丰度较低。双歧杆菌(*Bifidobacterium* spp.)和乳酸杆菌(*Lactobacillus* spp.)等有益菌的数量明显减少,进一步削弱了阴道屏障的保护作用。乳酸杆菌是阴道健康的主要维护者,其产生的乳

酸可有效降低阴道的pH值,创造一个对病原菌不利的环境。而当这些有益菌的丰度下降时,阴道内的酸性环境遭到破坏,为病原菌的过度生长提供了条件,导致细菌性阴道病和盆腔炎性疾病的发生与恶化。

5 细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病的治疗策略

5.1 抗生素治疗策略

由于部分致病菌表现出较强的抗药性,传统的抗生素治疗方案往往难以奏效。因此,建议根据细菌培养及药敏试验的结果,选择最适合的抗生素进行针对性治疗。此外,联合使用不同机制的抗菌药物,或采用局部治疗手段,也能提高治疗效果。

5.2 微生态修复与治疗

针对阴道菌群失衡的患者,微生态修复治疗成为一种重要的辅助治疗手段。通过补充乳酸菌、益生菌等有益菌种,能够有效恢复阴道内的菌群平衡,改善患者的临床症状。结合微生态修复治疗和抗生素疗法,能够更有效地治愈细菌性阴道病及盆腔炎性疾病[5]。

6 结语

细菌性阴道病伴盆腔炎性疾病患者的阴道菌群呈现出严重的失衡状态,且部分致病菌表现出较强的抗药性,导致传统抗生素治疗效果差。微生态失衡不仅是细菌性阴道病的主要病因之一,也是盆腔炎性疾病的诱发因素。通过细菌培养、抗药性测试及微生态分析,本研究为临床治疗提供了新的思路。未来的研究需要进一步探索更为精确的治疗方法,以应对细菌耐药性问题,提高治疗效果。

参考文献

- [1] 张金甜,王刚,闫晔,等.育龄期子宫内膜息肉患者阴道微生态分析[J].中国实用妇科与产科杂志,2024,40(07):748-751.
- [2] 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(05):79-82.
- [3] 郭奕汝.清毒栓对高危型人乳头瘤病毒持续感染患者阴道菌群结构的影响[D].北京中医药大学,2024.
- [4] 孙盈利,安映霖,吴天晨,等.孕妇微生态菌群与妊娠期并发症和不良妊娠结局相关性的研究进展[J].中国妇幼卫生杂志,2024,15(01):67-71.
- [5] 秦瑶.阴道微环境改变及持续高危HPV感染与宫颈病变的相关性[D].安徽医科大学,2024.