

• 综述 •

男性精液微生态与精子质量的相关性研究进展*

苏兆洪^{1,2}综述,赵祖国^{1△}审校

1. 广东医科大学基础医学院,广东东莞 523808;2. 江门市中心医院生殖医学中心,广东江门 529000

摘要:精液微生态作为影响男性生育力的关键因素之一,其凭借在揭示精子质量下降机制和潜在诊疗靶点方面的价值,已成为生殖医学研究的重要方向。该综述系统地整合了现有的证据,回顾了精液微生物检测的发展历程,梳理了精液微生态基本特征以及不同菌群对精子质量参数关联分析的核心研究进展,探讨了微生物损害精子质量的潜在机制。最后指出当前研究仍受限于微生物功能活性解析不足、低丰度菌群作用不明确及宿主-微生物互作机制认知薄弱等关键问题。未来研究需结合多组学技术、体外功能验证模型及大队列研究,系统性揭示精液微生态的真实功能构成、宿主互作机制及其病理生理意义,最终推动靶向微生物干预策略的临床转化。

关键词:微生态; 生育力; 精子质量; 微生物**DOI:**10.3969/j.issn.1673-4130.2026.07.017**中图法分类号:**R378**文章编号:**1673-4130(2026)07-0867-06**文献标志码:**A**Research progress on the correlation between male semen microecology and sperm quality***SU Zhaohong^{1,2}, ZHAO Zuguo^{1△}

1. School of Basic Medical Sciences, Guangdong Medical University, Dongguan, Guangdong 523808, China; 2. Department of Reproductive Medicine Center, Jiangmen Central Hospital, Jiangmen, Guangdong 529000, China

Abstract: As one of the key factors influencing male fertility, semen microecology has emerged as a critical direction in reproductive medicine research due to its value in revealing the mechanisms of declining sperm quality and identifying potential diagnostic and therapeutic targets. This review systematically integrates existing evidence; it traces the development of semen microbial testing, summarizes fundamental characteristics of the seminal microecology and key findings on correlations between diverse microbial communities and sperm quality parameters, and explores potential mechanisms through which microorganisms impair sperm quality. In the end we point out that current research remains limited by critical issues such as insufficient of microbial functional activity, unclear roles of low-abundance microbiota, and weak understanding of host-microbe interaction mechanisms. Future research should integrate multi-omics technologies, in vitro functional validation models, and large cohort studies to systematically reveal the true functional composition of the seminal microecology, host-microbe interaction mechanisms, and their pathophysiological significance, ultimately facilitating the clinical translation of targeted microbial intervention strategies.

Key words: microecology; fertility; sperm quality; microorganism

不孕不育症是一种男性或女性生殖系统疾病,全球有 10%~15% 的夫妇存在不孕不育问题,其中男性病例比例达到了 30%~50%,近年来这一比例还在不断上升^[1-3]。随着男性不育人群的增多,研究者对男性生殖健康的研究也在不断深化。精子质量是男性生育力的关键决定因素,主要由精子数量、活动能力、形态结构以及 DNA 完整性等多个指标组成。有研究显示,全球男性的精液质量(特别是精子浓度和精子

数量)在过去几十年里呈现持续下降趋势^[4],较差的精子质量会影响妊娠结果^[5-6]。精子质量下降可能源于多种因素,包括年龄、心理健康、肥胖、生活方式以及环境污染等^[1,7-10]。此外,近年来越来越多的研究表明微生物在精子质量维持方面也起着重要作用,尤其是与精子存在直接接触关系的精液微生物^[11-14]。

人体内外存在多种微生物,它们广泛分布于皮肤表面、肠道、口腔以及生殖道等身体各部位,并在其中

* 基金项目:江门市医疗卫生领域科技计划项目(2024YL01026)。

△ 通信作者, E-mail: zhaozuguo@gdmu.edu.cn。

发挥着重要的生理功能^[15]。这些微生物与宿主之间通常维持着一种共生关系,共同促进宿主的健康和发育。然而,当这些微生态的平衡被打破,即菌群失衡时,可能会导致多种疾病的发生。如肠道微生物失衡与多种消化系统疾病有关^[16-17],口腔微生物失衡与龋齿以及牙周炎等口腔疾病的发展密切相关^[18],而生殖道微生物失衡则与不孕不育、性传播感染及不良妊娠结局等问题密切相关^[19-20]。

精液由睾丸、附睾、前列腺、精囊、球腺和尿道周围腺的分泌物组成,其营养成分为微生物生长提供了有利环境^[21]。精液中的微生物,包括细菌、病毒、真菌和原生动物,与男性生殖健康状态密切相关。这些微生物不仅在维持生殖道健康、防止病原体入侵方面发挥作用,还可能通过影响精子的数量、形态、活力和功能,进而影响男性的生育能力^[12,22-24]。

本文将系统梳理精液微生物的检测方法,概述微生态组成及其对精子质量的影响以及潜在影响机制。同时指出当前研究的局限性,旨在为理解其在男性生殖健康中的作用提供新见解。

1 精液微生物的检测方法

随着科学技术的不断进步,精液微生物检测技术也经历了从简单到复杂、从低分辨率到高分辨率的发展历程。不同检测技术在推动研究进展的同时,也各自存在优势与局限。

传统培养技术是早期研究精液微生物的主要手段,通过这种方法研究人员在精液中检测到了如葡萄球菌属、链球菌属、肠球菌属、肠杆菌属以及加德纳菌属等微生物的存在,并初步探究了细菌感染与精液参数异常的关联^[25-26]。尽管培养技术为精液微生物学提供了重要的见解,但许多微生物难以培养,导致对精液微生态的认识存在偏差,普遍认为精液是无菌的或微生物种类稀少。

聚合酶链反应(PCR)和实时荧光定量 PCR(qPCR)技术的引入,克服了传统微生物检测对活菌培养的依赖。JARVI 等^[27]开发基于 PCR 的检测精液细菌的方法,为生殖道感染诊断提供新工具。通过 PCR 技术,成功从精液中识别沙眼衣原体、淋病奈瑟菌、解脲支原体及厌氧细菌等难以培养的菌种^[28-29]。但这些分子技术的缺点是只能对已知的微生物进行检测,而难以实现对新发现或未知微生物的有效识别。

下一代测序(NGS)技术的出现使得对精液微生态的多样性分析成为可能。用于微生物组表征的两种主要 NGS 技术是 16S 核糖体核糖核酸(16S rRNA)测序和宏基因组二代测序(mNGS)^[30]。16S rRNA 基因作为细菌分类的“分子条形码”,其保守区与高变区的特殊结构使其成为理想的检测靶标。对

精液样本中微生物的 16S rRNA 基因高变区进行 PCR 扩增和高通量测序,结合生物信息学分析和数据库比对,能够实现细菌种类的精确鉴定和相对丰度定量^[31-34]。16S rRNA 测序技术虽然能够提供细菌群落的组成和多样性信息,但无法检测不含 16S rRNA 基因的真菌、病毒等其他微生物类型。此外,16S rRNA 测序分辨率通常止步于属水平,种水平鉴定准确性仍然有待提升^[35]。mNGS 可以直接对精液样本中的所有微生物(包括细菌、真菌、病毒、古菌等)的基因组 DNA 进行测序,相比于 16S rRNA 测序,它的优势在于可以无偏倚检测细菌、真菌、病毒及未知微生物。mNGS 不仅可以更全面地评估精液微生物之间及精液微生物与宿主之间的相互作用关系^[36-37],还可以解析微生物代谢途径对精子功能的影响^[38]。但由于精液样本中的人源 DNA 含量较高、mNGS 测序成本相对昂贵以及测序结果依赖强大的计算资源进行数据处理等限制^[30],因此目前 mNGS 在精液微生物研究中的应用还相对有限。

2 精液微生态概述

精液微生态与男性生殖健康密切相关,人们对其认知经历了从“病原体检测”到“微生态多样性”的转变。

在高通量技术应用前,受限于当时的技术手段,早期微生物检出率低或无法检出,导致研究者曾认为精液处于无菌状态^[39]。即使检出微生物也常被视为源于生殖道或尿路感染的病原体,多被归类为有害菌而非共生菌,并被认为对精子质量具有负面影响^[40]。此阶段的研究仅关注有限种类的微生物,无法阐明精液样本的整体微生物多样性。

随着 NGS 技术的不断发展,精液微生态的复杂性与多样性逐渐被揭示,研究人员逐渐认识到精液实际上是一个包含多种微生物的动态生态系统。2013 年 HOU 等^[31]首次使用 NGS 技术对精液微生物组进行研究,观察到健康精子捐献者和不育患者的精液样本均存在复杂的菌群结构,且两者无显著差异。该研究鉴定出丰度最高的菌属包括罗尔斯通菌属、葡萄球菌属、棒状杆菌属、链球菌属、乳酸杆菌属和普雷沃菌属。基于细菌组成相似性,样本被划分为 6 个聚类(I~VI 组),分别以高比例的链球菌/棒状杆菌、多种厌氧菌(如普雷沃菌)、棒状杆菌/葡萄球菌、罗尔斯通菌、乳酸杆菌或多种细菌为特征。值得注意的是,精液中检出的罗尔斯通菌属、普雷沃菌属和厌氧球菌属等机会性病原体与女性阴道菌群存在显著重叠,提示性伴侣间可能存在微生物交换。该研究首次系统地描绘了精液微生物组特征,为后续研究奠定了基础。

近年来,多项研究致力于探索“精液微生物组”的

核心特征,但结果呈现一定异质性。WENG 等^[33]对 96 例不育男性的研究显示,乳酸杆菌属、假单胞菌属、普雷沃氏菌属和加德纳菌属最为常见,样本可分为以假单胞菌、乳酸杆菌或普雷沃菌为主的 3 类分组。BAUD 等^[22]的研究进一步支持了存在乳酸杆菌主导型、普雷沃菌主导型或多微生物组型的分组模式。OKWELOGU 等^[34]指出,正常男性精液以乳酸杆菌属和加德纳菌属为优势菌属,而无精症患者精液中支原体属和脲原体属的相对丰度更高。BUKHARIN 等^[41]发现,健康与不育男性的精液中,葡萄球菌属、棒状杆菌属和肠球菌属最为普遍。CHEN 等^[42]对无精子症患者和健康对照受试者研究的结果显示,乳酸菌属、普雷沃菌属、变形杆菌属、假单胞菌属、韦荣菌属等是优势菌属。YANG 等^[32]的研究则显示,不孕症患者精液中乳酸杆菌属、拟杆菌属、德尔夫特菌属更为普遍,而健康对照组中佩洛单胞菌属、丙酸杆菌属、博西氏菌属含量更高。此外,BAUD 等^[22]针对白细胞精液症患者以及健康对照者的研究识别出富含乳酸杆菌与富含链球菌两种微生物群特征。

尽管不同研究揭示的精液微生态在具体细菌组成上存在差异,但包括乳酸杆菌属、假单胞菌属、普雷沃氏菌属、葡萄球菌属等在内的一些核心菌群在多项研究中被反复检测到,这提示精液微生态中可能存在相对保守的生态模式。

3 精液微生物与精子质量的相关性研究

精液微生物与精子质量参数(如浓度、活力、形态及 DNA 完整性)的关联性研究是当前生殖医学领域的研究热点。早期基于传统培养技术的研究初步揭示了细菌感染与精子质量下降的相关性。如 MERINO 等报道精液样本细菌培养阳性率高达 66%,且感染组精子活动度与存活率显著低于未感染组^[26]。这一发现得到了后续研究的支持,李文郎等亦观察到细菌感染组的精子存活率、前向运动比例和正常形态率均显著降低^[43]。

随着分子生物学技术和高通量测序技术的广泛应用,特定菌属丰度变化与精子质量间的关联逐渐被阐明。多数研究认为乳酸杆菌是健康精液微生态中的优势或有益菌群,其在精子参数正常样本中的相对丰度显著高于低精子质量样本,并与精子活力以及正常形态率呈正相关^[22,33,44-46]。有研究推测乳酸杆菌不仅可能是维持精液质量的潜在益生菌,还可能有助于拮抗普雷沃氏菌和假单胞菌的负面影响^[22,24]。然而,研究结果并非完全一致:YANG 等^[32]发现异常精液样本中乳酸菌总丰度反而升高;CHEN 等^[42]观察到梗阻性无精症(OA)和非梗阻性无精症(NOA)组的乳酸菌比例高于正常组;OSADCHIY 等^[47]进一步指出,特定菌种如嗜性乳酸杆菌在精子运动能力异常的

男性精液中丰度显著增高。这些差异可能源于研究方法、人群特征或地域环境的不同。

相较之下,普雷沃菌属对精液质量的负面影响研究共识较高。该菌属常在低精子质量或不育男性的精液样本中显著富集,其相对丰度增加与精子浓度降低、活力下降及不育状态密切相关^[12,22-32,33,38-39,46-47]。厌氧球菌属的富集也与精子质量下降相关^[31]。假单胞菌属同样与精液质量下降存在关联,尤其是在乳杆菌丰度较低的不育人群和的样本中^[33]。该菌属在高黏度、低精子数量和低运动性的精液样本中表现出富集^[48],其中荧光假单胞菌和施氏假单胞菌被证实与精液浓度异常相关^[47],但不同队列研究的结论仍存在分歧^[38,49]。此外,早期的培养和 PCR 研究普遍认为加德纳菌对精液有负面影响^[24];而近期的宏基因组研究发现,在精子参数正常的男性精液中,加德纳菌的丰度反而增加,并与精液质量改善相关^[33,42]。之前的研究发现葡萄球菌属在正常组相对丰度增加^[22],但新近研究发现其在精液参数异常组的丰度显著增加^[50],其中金黄色葡萄球菌可显著降低精子存活率及正常形态率^[51]。

此外,研究还记载了其他可能与精液参数异常相关的微生物。大肠埃希菌、克雷伯氏菌属以及奈瑟菌属等革兰阴性菌在不育男性中的检出频率显著升高,这些菌群的存在与精子活力降低、形态异常率增高以及精液液化延迟呈直接关联^[48,51]。革兰阳性菌如草绿色链球菌和粪肠球菌同样与精液质量下降相关^[25]。沙眼衣原体,微小脲原体 and 生殖支原体在不孕夫妇中呈现较高的流行率,感染者精子活力低于未感染组,精液质量整体下降^[29,52]。其中,沙眼衣原体感染导致精子浓度降低、快速活动率和线粒体膜电位下降,细胞凋亡标志物(活化的胱天蛋白酶 3 水平)显著上升,提示其可能诱导精子凋亡^[53]。支原体属的存在与精子浓度降低相关^[52],其中人型支原体与低精子活力和异常精子形态相关^[54],生殖支原体的检出与精子浓度呈负相关^[12]。除细菌外,某些病毒显示与精液质量关联。如寨卡病毒阳性样本的精子浓度和总活动率显著低于阴性样本^[55]。这些微生物对精液参数的影响虽存在分歧,但为未来的深入研究提供了一定方向。

尽管精液微生物与精子质量及男性生育能力关联的研究存在一定异质性,但现有证据已明确识别出部分有益菌及潜在有害菌种。这种差异可能源于样本量及人群特征差异、测序策略与分析流程的不一致以及微生物组本身的高度动态和复杂性等多种因素^[12]。未来亟需标准化流程、开展多中心大样本队列并结合多组学技术,深入解析关键微生物功能及其对精子发生和功能的影响机制,以推动其在男性不育精准诊疗中的应用。

4 影响精液质量的相关机制

目前关于精液微生态影响精子质量的分子机制尚未完全阐明,但有研究表明其可能通过多重途径参与男性不育的发生。

有研究认为,精液中的乳酸杆菌可能通过维持酸性环境抑制病原体生长来保护精子^[33]。但近期研究发现精液内的惰性乳杆菌可产生促炎性 L-乳酸,诱发局部炎症反应,进而损害精子运动能力^[47]。同时,假单胞菌可能通过干扰十六烷酰胺水平间接影响精子功能,该物质经体外及体内实验证实可显著提升精子活动力^[49]。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、阴沟肠杆菌等革兰阴性菌产生的精子制动因子或其类似物会对精子运动能力产生不良影响^[56],而沙眼衣原体在女性生殖研究中发现可通过分泌尿素酶降低生殖道 pH 值和黏附溶解细胞膜磷脂等方式引起不良妊娠^[57]。葡萄球菌过度增殖会显著增加活性氧生成,导致精子 DNA 断裂、线粒体膜电位下降及活力降低,伴随镁、钙离子浓度下降进一步证实其氧化损伤机制^[58]。此外,阴道加德纳菌被证实可直接破坏精子膜完整性,影响精子关键生理功能,但具体作用机制(如代谢产物的化学损伤或菌体吸附的机械损伤)还需要进一步研究。

总的来说,精液微生物可能通过代谢微环境改变、毒素直接作用、氧化应激及物理结构损伤等多种协同机制损害精子质量。但这些机制背后的具体分子通路目前尚未完全明确,仍需后续进行系统深入的研究加以阐释。

5 当前精液菌群研究的局限性

近年来,随着对微生物生理功能认知的深化及 NGS 技术的普及,精液微生物组与男性生育力关联的研究取得了重要进展,但当前的研究仍然存在诸多不足。

一方面,尽管高通量测序技术能够有效鉴定微生物的种类和丰度,但对微生物在精液微环境中的功能活性(如代谢产物分泌、精子表面受体互作)还研究相对较少。另一方面,尽管高通量测序技术能够检测到低丰度的微生物,但数据分析和解释时往往更关注优势菌属,对低丰度微生物的潜在作用及影响研究探讨不足,这些低丰度微生物可能在特定条件下发挥重要作用。此外,精液微生物与宿主之间的相互作用复杂,涉及微生物的代谢产物、宿主的免疫应答等多个方面,现有方法在解析这种复杂的互作机制方面还存在许多挑战。

综上所述,精液微生态作为一种独特的微生物生态位,正逐渐成为科研领域的关注焦点。但目前针对该领域深入系统的探索仍显不足,未来研究亟需通过严谨的实验设计、大队列样本与多维度的数据分析,

系统性地剖析精液微生态的真实构成、动态变化及其生理病理作用,从而为生殖医学领域的微生物干预策略提供坚实的理论依据。

参考文献

- [1] SALAS-HUETOS A, ROSIQUE-ESTEBAN N, BECERRA-TOMÁS N, et al. The effect of nutrients and dietary supplements on sperm quality parameters: a systematic review and meta-analysis of randomized clinical trials[J]. *Adv Nutr*, 2018, 9(6): 833-848.
- [2] EISENBERG M L, ESTEVES S C, LAMB D J, et al. Male infertility[J]. *Nat Rev Dis Primers*, 2023, 9(1): 49.
- [3] RAMA N, LESCAY H, RAHEEM O. Male factor infertility: What every OB/GYN should know[J]. *Obstet Gynecol Clin North Am*, 2023, 50(4): 763-777.
- [4] LEVINE H, JØRGENSEN N, MARTINO-ANDRADE A, et al. Temporal trends in sperm count: a systematic review and meta-regression analysis of samples collected globally in the 20th and 21st centuries[J]. *Hum Reprod Update*, 2023, 29(2): 157-176.
- [5] LI J, LUO L, DIAO J, et al. Male sperm quality and risk of recurrent spontaneous abortion in Chinese couples: a systematic review and meta-analysis[J]. *Medicine (Baltimore)*, 2021, 100(10): e24828.
- [6] ZHANG F, LI J, LIANG Z, et al. Sperm DNA fragmentation and male fertility: a retrospective study of 5114 men attending a reproductive center[J]. *J Assist Reprod Genet*, 2021, 38(5): 1133-1141.
- [7] KIM S, HAN D, RYU J, et al. Effects of mobile phone usage on sperm quality-no time-dependent relationship on usage: a systematic review and updated meta-analysis[J]. *Environ Res*, 2021, 202: 111784.
- [8] 杨天峰, 沈云芸, 徐方忠. 心理压力对精子质量影响的机制研究[J]. *预防医学*, 2024, 36(8): 683-686.
- [9] XU R, ZHONG Y, LI R, et al. Association between exposure to ambient air pollution and semen quality: a systematic review and meta-analysis [J]. *Sci Total Environ*, 2023, 870: 161892.
- [10] AMERATUNGA D, GEBEH A, AMOAKO A. Obesity and male infertility[J]. *Best Pract Res Clin Obstet Gynaecol*, 2023, 90: 102393.
- [11] HE J, MA M, XU Z, et al. Association between semen microbiome disorder and sperm DNA damage[J]. *Microbiol Spectr*, 2024, 12(8): e0075924.
- [12] FARAHANI L, THARAKAN T, YAP T, et al. The semen microbiome and its impact on sperm function and male fertility: a systematic review and meta-analysis[J]. *Andrology*, 2021, 9(1): 115-144.
- [13] ZUBER A, PERIC A, PLUCHINO N, et al. Human male genital tract microbiota[J]. *Int J Mol Sci*, 2023, 24(8): 6939.
- [14] MOWLA S, FARAHANI L, THARAKAN T, et al. Charac-

- terisation and comparison of semen microbiota and bacterial load in men with infertility, recurrent miscarriage, or proven fertility[J]. *eLife*, 2025, 13:RP96090.
- [15] DOMINGUEZ-BELLO M G, GODOY-VITORINO F, KNIGHT R, et al. Role of the microbiome in human development[J]. *Gut*, 2019, 68(6):1108-1114.
- [16] DE VOS W M, TILG H, VAN HUL M, et al. Gut microbiome and health: mechanistic insights[J]. *Gut*, 2022, 71(5):1020-1032.
- [17] GASALY N, DE VOS P, HERMOSO M A. Impact of bacterial metabolites on gut barrier function and host immunity: a focus on bacterial metabolism and its relevance for intestinal inflammation[J]. *Front Immunol*, 2021, 12:658354.
- [18] PENG X, CHENG L, YOU Y, et al. Oral microbiota in human systematic diseases[J]. *Int J Oral Sci*, 2022, 14(1):14.
- [19] ALTMÄE S, FRANASIAK J M, MÄNDAR R. The seminal microbiome in health and disease[J]. *Nat Rev Urol*, 2019, 16(12):703-721.
- [20] VENNERI M A, FRANCESCHINI E, SCIARRA F, et al. Human genital tracts microbiota: dysbiosis crucial for infertility[J]. *J Endocrinol Invest*, 2022, 45(6):1151-1160.
- [21] CANDENAS L, CHIANESE R. Exosome composition and seminal plasma proteome: a promising source of biomarkers of male infertility[J]. *Int J Mol Sci*, 2020, 21(19):7022.
- [22] BAUD D, PATTARONI C, VULLIEMOZ N, et al. Sperm microbiota and its impact on semen parameters[J]. *Front Microbiol*, 2019, 10:234.
- [23] JENDRASZAK M, SKIBINSKA I, KOTWICKA M, et al. The elusive male microbiome: revealing the link between the genital microbiota and fertility. Critical review and future perspectives[J]. *Crit Rev Clin Lab Sci*, 2024, 61(7):559-587.
- [24] ALQAWASMEH O, FOK E, YIM H, et al. The microbiome and male infertility: looking into the past to move forward[J]. *Hum Fertil (Camb)*, 2023, 26(3):450-462.
- [25] VOLZ Y, EBNER B, PFITZINGER P, et al. Asymptomatic bacteriospermia and infertility-what is the connection? [J]. *Infection*, 2022, 50(6):1499-1505.
- [26] MERINO G, CARRANZA-LIRA S, MURRIETA S, et al. Bacterial infection and semen characteristics in infertile men[J]. *Arch Androl*, 1995, 35(1):43-47.
- [27] JARVI K, LACROIX J M, JAIN A, et al. Polymerase chain reaction-based detection of bacteria in semen[J]. *Fertil Steril*, 1996, 66(3):463-467.
- [28] RIVERA V V, CARDONA MAYA W D, PUERTA-SUÁREZ J. The relationship between sexually transmitted microorganisms and seminal quality in asymptomatic men[J]. *Asian J Urol*, 2022, 9(4):473-479.
- [29] AHMADI K, MOOSAVIAN M, MARDANEH J, et al. Prevalence of chlamydia trachomatis, ureaplasma parvum and mycoplasma genitalium in infertile couples and the effect on semen parameters[J]. *Ethiop J Health Sci*, 2023, 33(1):133-142.
- [30] WENSEL C R, PLUZNICK J L, SALZBERG S L, et al. Next-generation sequencing: insights to advance clinical investigations of the microbiome[J]. *TJ Clin Invest*, 2022, 132(7):e154944.
- [31] HOU D, ZHOU X, ZHONG X, et al. Microbiota of the seminal fluid from healthy and infertile men[J]. *Fertil Steril*, 2013, 100(5):1261-1269.
- [32] YANG H, ZHANG J, XUE Z, et al. Potential pathogenic bacteria in seminal microbiota of patients with different types of dysspermatism[J]. *Sci Rep*, 2020, 10(1):6876.
- [33] WENG S L, CHIU C M, LIN F M, et al. Bacterial communities in semen from men of infertile couples; metagenomic sequencing reveals relationships of seminal microbiota to semen quality[J]. *PLoS One*, 2014, 9(10):e110152.
- [34] OKWELOGU S I, IKECHEBELU J I, AGBAKOBA N R, et al. Microbiome compositions from infertile couples seeking in vitro fertilization, using 16S rRNA gene sequencing methods: any correlation to clinical outcomes? [J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2021, 11:709372.
- [35] JOVEL J, PATTERSON J, WANG W, et al. Characterization of the gut Microbiome using 16S or shotgun metagenomics[J]. *Front Microbiol*, 2016, 7:459.
- [36] CORRAL-VAZQUEZ C, BLANCO J, AIESE CIGLIANO R, et al. A transcriptomic insight into the human sperm microbiome through next-generation sequencing [J]. *Syst Biol Reprod Med*, 2023, 69(3):188-195.
- [37] CONTRERAS M J, NÚÑEZ-MONTERO K, BRUNA P, et al. Mammals' sperm microbiome: current knowledge, challenges, and perspectives on metagenomics of seminal samples[J]. *Front Microbiol*, 2023, 14:1167763.
- [38] LUNDY S D, SANGWAN N, PAREKH N V, et al. Functional and taxonomic dysbiosis of the gut, urine, and semen microbiomes in male infertility[J]. *Eur Urol*, 2021, 79(6):826-836.
- [39] CHATZOKOU D, TSARNA E, DAVOUTI E, et al. Semen microbiome, male infertility, and reproductive health [J]. *Int J Mol Sci*, 2025, 26(4):1446.
- [40] HANNACHI H, ELLOUMI H, HAMDOUN M, et al. Bacteriospermia: effects on semen parameters[J]. *Gynecol Obstet Fertil Senol*, 2018, 46(6):518-523.
- [41] BUKHARIN O V, PERUNOVA N B, IVANOVA E V, et al. Semen microbiota and cytokines of healthy and infertile men[J]. *Asian J Androl*, 2022, 24(4):353-358.
- [42] CHEN H, LUO T, CHEN T, et al. Seminal bacterial composition in patients with obstructive and non-obstructive azoospermia[J]. *Exp Ther Med*, 2018, 15(3):

- 2884-2890.
- [43] 李文郎,唐恒锋,吴爱成,等. 男性不育患者精液细菌感染对精液常规指标及动态学参数影响的研究[J]. 中国微生物生态学杂志, 2013, 25(6): 699-701.
- [44] BRANDÃO P, GONÇALVES-HENRIQUES M, CESCHIN N. Seminal and testicular microbiome and male fertility: a systematic review[J]. Porto Biomed J, 2021, 6(6): e151.
- [45] YAO Y, QIU X J, WANG D S, et al. Semen microbiota in normal and leukocytospermic males[J]. Asian J Androl, 2022, 24(4): 398-405.
- [46] VAJPEYEE M, TIWARI S, YADAV L B. Characterization of seminal microbiome associated with semen parameters using next-generation sequencing[J]. Middle East Fertil S J, 2024, 29(1).
- [47] OSADCHIY V, BELARMINO A, KIANIAN R, et al. Semen microbiota are dramatically altered in men with abnormal sperm parameters[J]. Sci Rep, 2024, 14(1): 1068.
- [48] MONTEIRO C, MARQUES P I, CAVADAS B, et al. Characterization of microbiota in male infertility cases uncovers differences in seminal hyperviscosity and oligoasthenoteratozoospermia possibly correlated with increased prevalence of infectious bacteria[J]. Am J Reprod Immunol, 2018, 79(6): e12838.
- [49] HAN B, WANG Y, GE W, et al. Changes in seminal plasma microecological dynamics and the mechanistic impact of core metabolite hexadecanamide in asthenozoospermia patients[J]. iMeta, 2024, 3(2): e166.
- [50] CAO T, WANG S, PAN Y, et al. Characterization of the semen, gut, and urine microbiota in patients with different semen abnormalities [J]. Front Microbiol, 2023, 14: 1182320.
- [51] BERJIS K, GHIASI M, SANGY S. Study of seminal infection among an infertile male population in Qom, Iran, and its effect on sperm quality [J]. Iran J Microbiol, 2018, 10(2): 111-116.
- [52] RYBAR R, PRINOSILOVA P, KOPECKA V, et al. The effect of bacterial contamination of semen on sperm chromatin integrity and standard semen parameters in men from infertile couples[J]. Andrologia, 2012, 44(1): 410-418.
- [53] SELLAMI H, ZNAZEN A, SELLAMI A, et al. Molecular detection of chlamydia trachomatis and other sexually transmitted bacteria in semen of male partners of infertile couples in tunisia; the effect on semen parameters and spermatozoa apoptosis markers [J]. PloS One, 2014, 9(7): e98903.
- [54] DEGHAN A, POURMAND M R, SALIMI V, et al. The effects of chlamydia trachomatis, mycoplasma hominis, and ureaplasma urealyticum loads on semen quality: Detection and quantitative analysis [J]. Microb Pathog, 2022, 169: 105676.
- [55] VANEGAS H, GONZÁLEZ F, REYES Y, et al. Zika RNA and flavivirus-like antigens in the sperm cells of symptomatic and asymptomatic subjects [J]. Viruses, 2021, 13(2): 152.
- [56] MARCHIANI S, BACCANI I, TAMBURRINO L, et al. Effects of common Gram-negative pathogens causing male genitourinary-tract infections on human sperm functions [J]. Sci Rep, 2021, 11(1): 19177.
- [57] 肇昕, 郭孝, 单小飞, 等. 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 [J]. 中国病原生物学杂志, 2025, 20(2): 254-258.
- [58] DURAČKA M, HUSARČIKOVÁ K, JANČOV M, et al. Staphylococcus-induced bacteriospermia in vitro: consequences on the bovine spermatozoa quality, extracellular calcium and magnesium content [J]. Animals (Basel), 2021, 11(11): 3309.

(收稿日期: 2025-08-12 修回日期: 2025-11-20)

(上接第 866 页)

- [11] 张永珍, 王珊珊, 赵海灵, 等. 宫颈癌患者血清 miR-651、miR-630 水平及临床意义 [J]. 实用医学杂志, 2024, 40(2): 158-162.
- [12] LU C, WEI D, ZHANG Y, et al. Long non-coding RNAs as potential diagnostic and prognostic biomarkers in breast cancer: progress and prospects [J]. Front Oncol, 2021, 11(3): 71-78.
- [13] SHEN J, SU X, PAN M, et al. Current insights into the oncogenic roles of lncRNA LINC00355 [J]. Cancer Innov, 2023, 2(6): 448-462.
- [14] LUO X, ABUDUREYIMU M, YANG G, et al. LINC00355 triggers malignant progression of hepatocellular carcinoma via the sponge effect on miR-217-5p with the involvement of the Wnt/ β -catenin signaling [J]. J BUON, 2021, 26(5): 1964-1969.
- [15] SI C, YANG L, CAI X. LncRNA LINC00649 aggravates the progression of cervical cancer through sponging miR-216a-3p [J]. J Obstet Gynaecol Res, 2022, 48(11): 2853-2862.
- [16] QI ZY, WANG LL, QU X L. lncRNA LINC00355 acts as a novel biomarker and promotes glioma biological activities via the regulation of miR-1225/FNDC3B [J]. Dis Markers, 2021, 2(1): 16-23.
- [17] SAMJI P, RAJENDRAN M K, WARRIER V P, et al. Regulation of Hippo signaling pathway in cancer: a microRNA perspective [J]. Cell Signal, 2021, 78(2): 10-18.
- [18] CHEN X, CHEN S. LINC00649 promotes bladder cancer malignant progression by regulating the miR15a5p/HMGA1 axis [J]. Oncol Rep, 2021, 45(4): 8-15.

(收稿日期: 2025-08-22 修回日期: 2025-12-01)