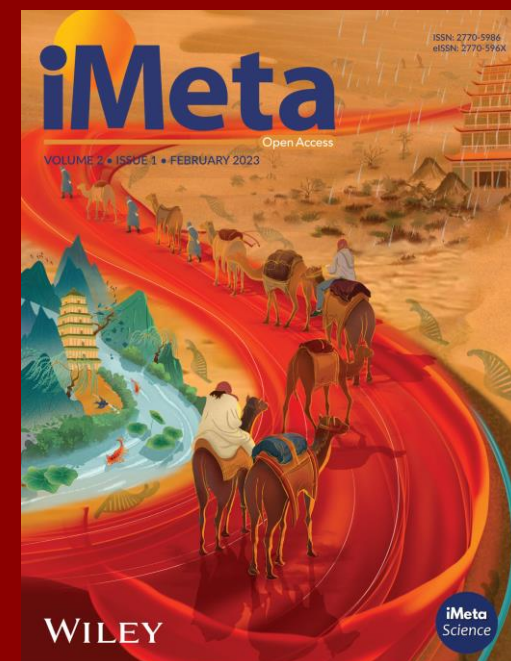




阴道微生物群影响不孕症女性体外受精的妊娠结局

王滔¹, 李鹏昊², 白雪^{3,4}, 田仕林⁵, 杨茂森⁴, 冷冬⁴, 奎华⁴, 张素娟², 闫晓苗², 郑渠², 罗普林², 何昌敏², 贾研², 吴周林⁵, 邱慧敏⁷, 李晶⁷, 万峰⁸, Muhammad Akhtar Ali⁹, 毛如荣², 刘永鑫³, 李地艳¹

¹ 成都大学药学院; ² 四川锦欣西囡妇女儿童医院; ³ 中国农业科学院深圳农业基因组研究所; ⁴ 四川农业大学动物科技学院; ⁵ 武汉大学生命科学院; ⁶ 成都大学食品与生物工程学院; ⁷ 昆明学院; ⁸ 成都中医药大学; ⁹ 旁遮普大学



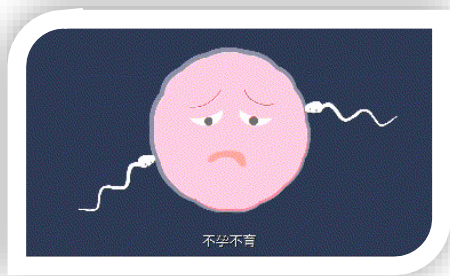
Wang, Tao, Penghao Li, Xue Bai, Shilin Tian, Maosen Yang, Dong Leng, Hua Kui, et al. 2024. “Vaginal Microbiota are Associated With In Vitro Fertilization During Female Infertility.” *iMeta* 3: e185. <https://doi.org/10.1002/imt2.185>



研究背景

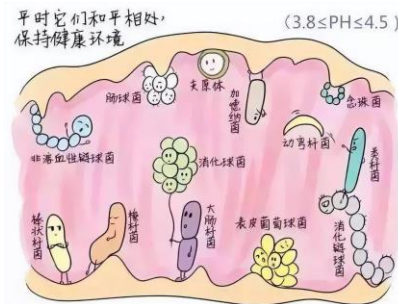
不孕症是一个全球性的健康问题，在20至44岁的女性中，约有2%-10.5%患有此病，可导致原发性和继发性不孕症。

- 原因：排卵问题、多囊卵巢综合征、输卵管问题、子宫问题和子宫内膜异位症。
- 不孕症患病率不断上升，导致对辅助生殖技术（ART）的需求越来越大，同时该技术也变得更加安全和有效。



阴道微生物群落是指生活在女性阴道内的微生物的群体，它对维持阴道健康和生殖健康起着重要作用。

- 导致细菌性阴道病（通常由阴道加德纳菌引起）的微生物群临床变化被认为与流产风险增加有关。
- 不孕症患者拥有独特的生殖道微生物群（下生殖道或上生殖道）。
- 不孕症微生物组的组成似乎也与自然受孕和ART周期成功的可能性有关。



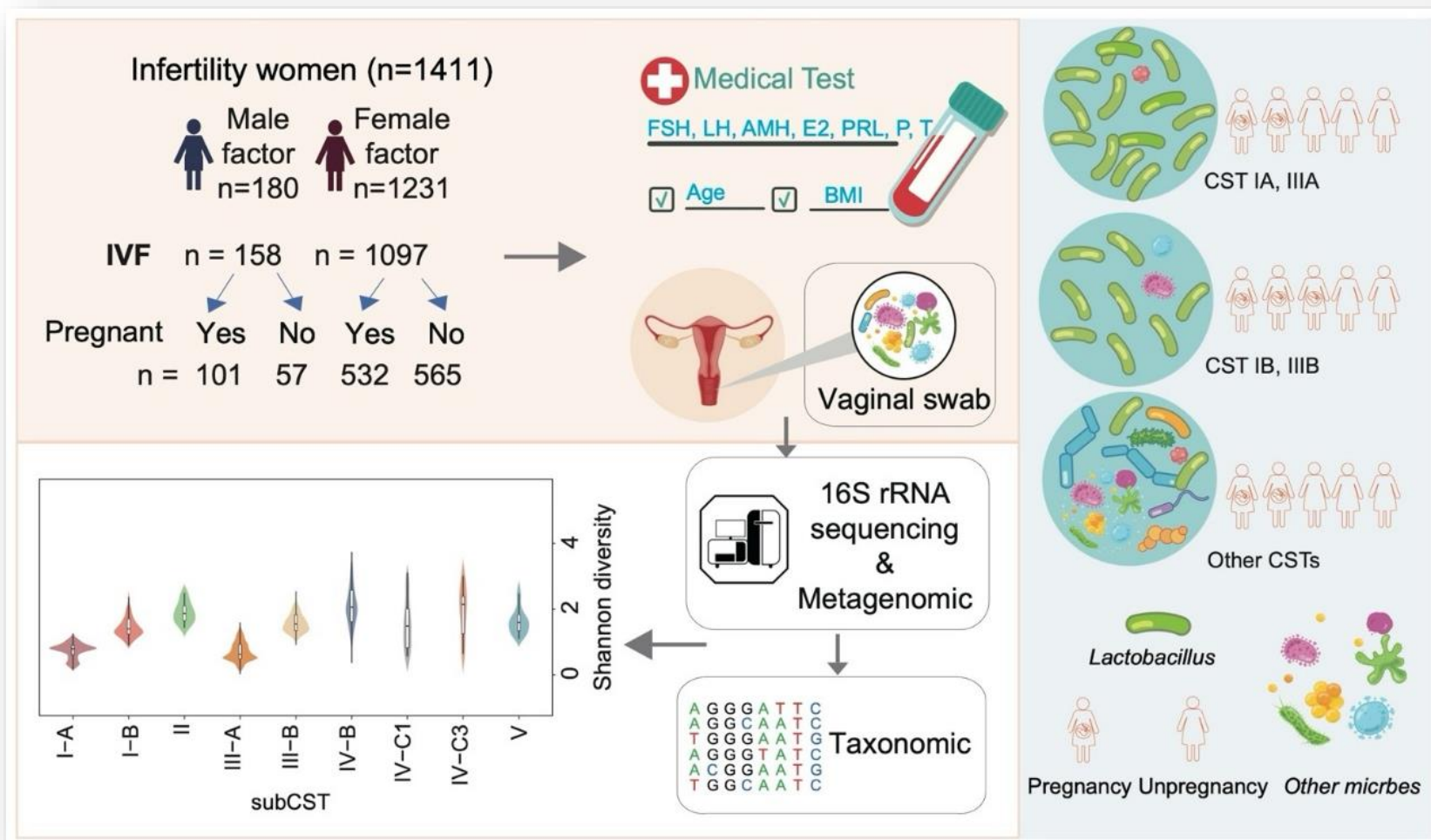
阴道微生物组可以预测IVF的结果



考虑不同类型不孕症妇女生殖道微生物组成是否会影响到IVF结果十分重要



简介

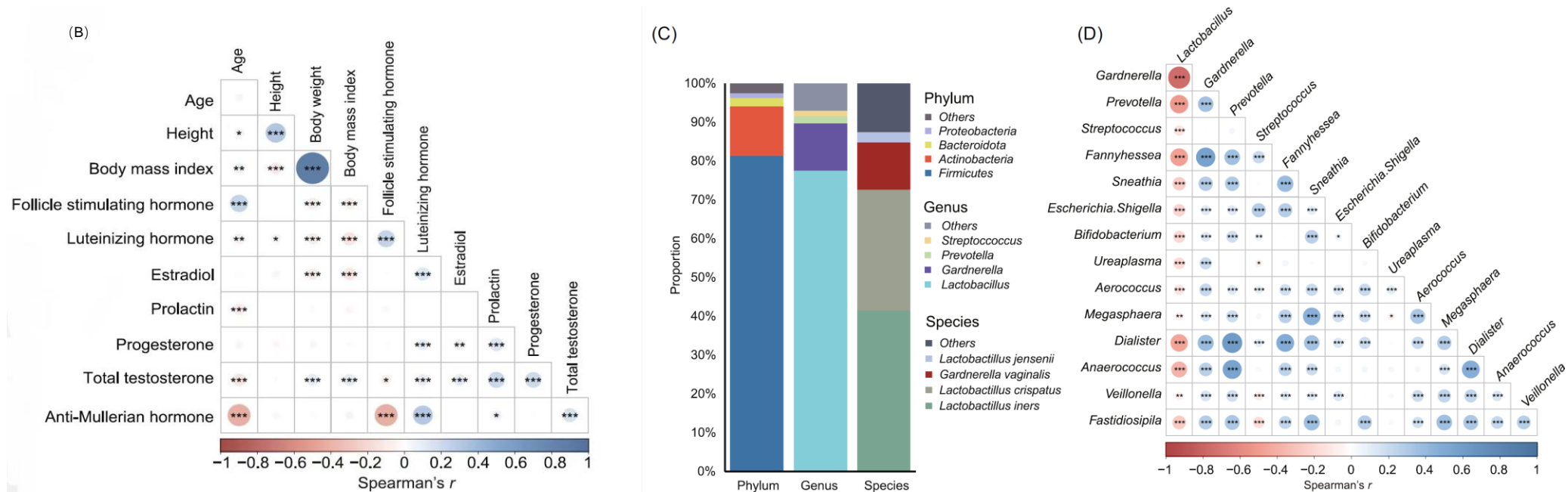


- 揭示生理生化指标与不孕之间的相关性;
- 确定与生理生化指标相关的微生物组特征;
- 分析出良好IVF结局的潜在细菌标志物。

Wang, Tao, Penghao Li, Xue Bai, Shilin Tian, Maosen Yang, Dong Leng, Hua Kui, et al. 2024. "Vaginal Microbiota are Associated With In Vitro Fertilization During Female Infertility." iMeta e185. <https://doi.org/10.1002/imt2.185>

结果

1. 表型和阴道微生物组成

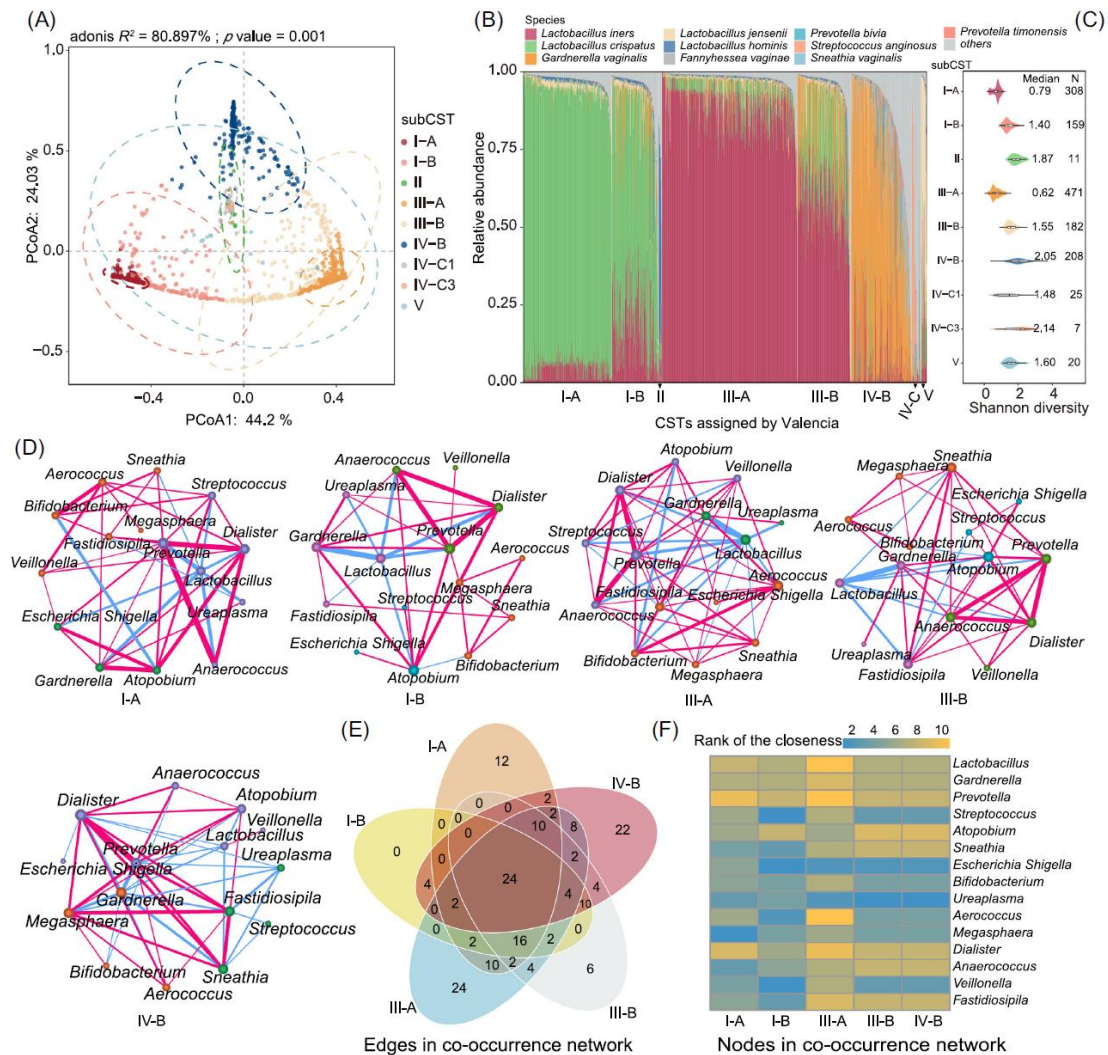


- 黄体生成素、催乳素和抗缪勒激素的水平与女性年龄呈负相关，促卵泡激素与其呈正相关。
- 种水平上，检测到属于乳酸杆菌属的菌种主要有：惰性乳杆菌（41.54%）、卷曲乳杆菌（31.12%）、詹氏乳杆菌（2.63%）和人乳杆菌（1.41%）。
- 乳酸菌属广泛存在，并且分别与其他14个属的丰度呈负相关。加德纳菌和普雷沃特氏菌分别与13属和11属呈显著正相关。



结果

2. 不孕症妇女阴道微生物群落类型

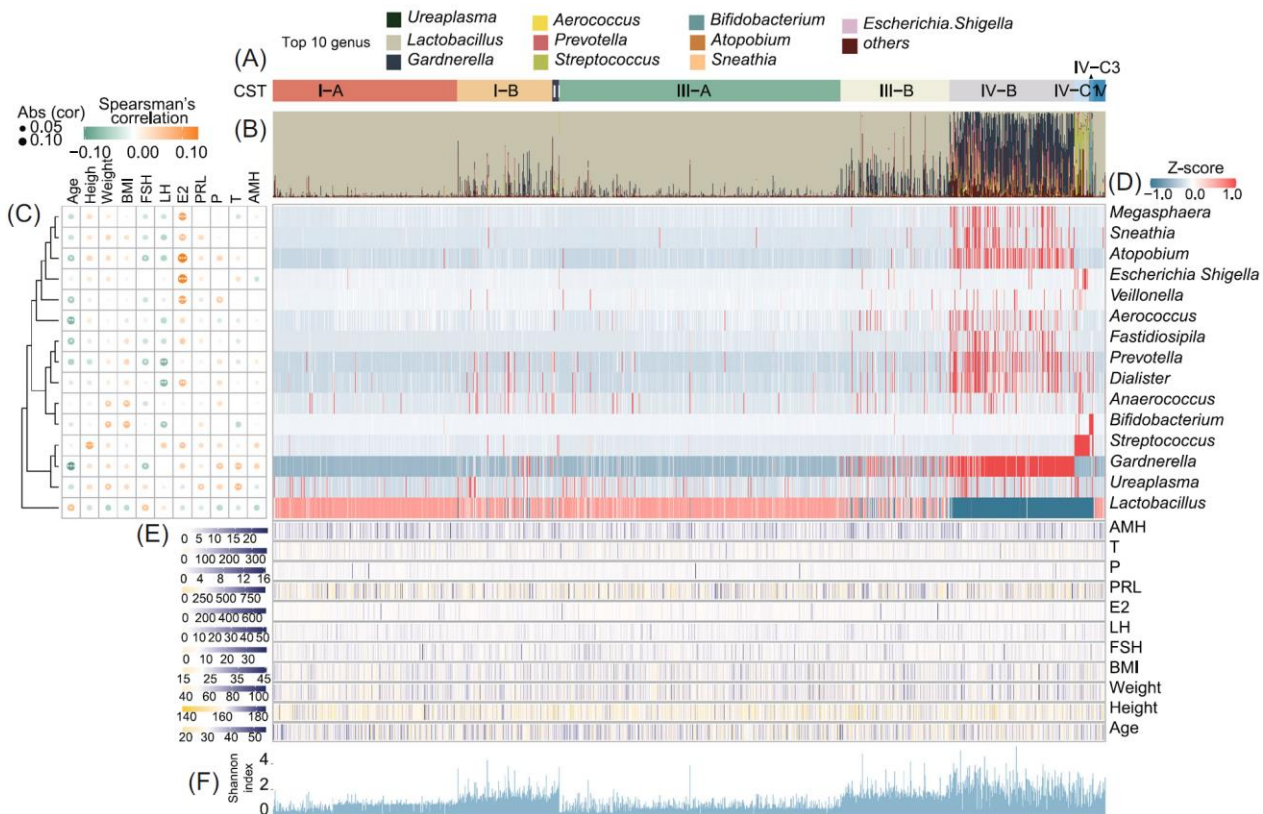


- 揭示微生物群落的五个主要类群和九个亚类。
- 每个CST样本的物种水平分类组成，通常与相关参考中心点的分类组成一致。
- 香农指数多样性在CSTs亚群中存在差异。
- 共存的阴道细菌网络显示出样本数超过180个的五种群落类型之间的差异。



结果

3. 阴道微生物群与生化和临床测量的关系

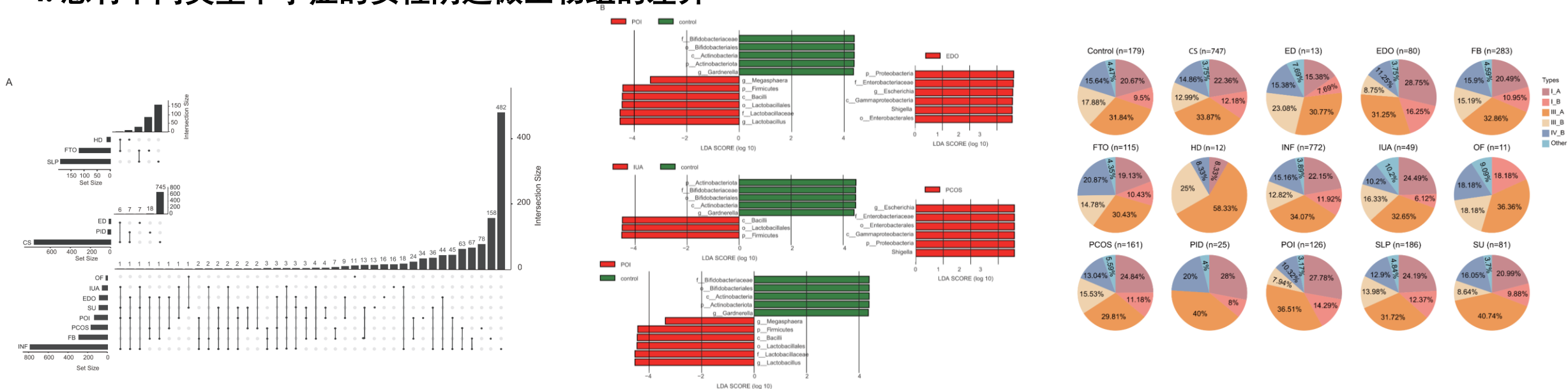


- 雌二醇（E2）与更多数量的微生物有显著相关。
- 在育龄妇女中，乳酸杆菌的相对丰度与年龄呈正相关。
——意味着随着女性年龄的增长，这些细菌在阴道中的定植量增加。
- 乳酸杆菌是年龄的生物标志物，阴道芽孢杆菌是体重的生物标志物。



结果

4. 患有不同类型不孕症的女性阴道微生物组的差异

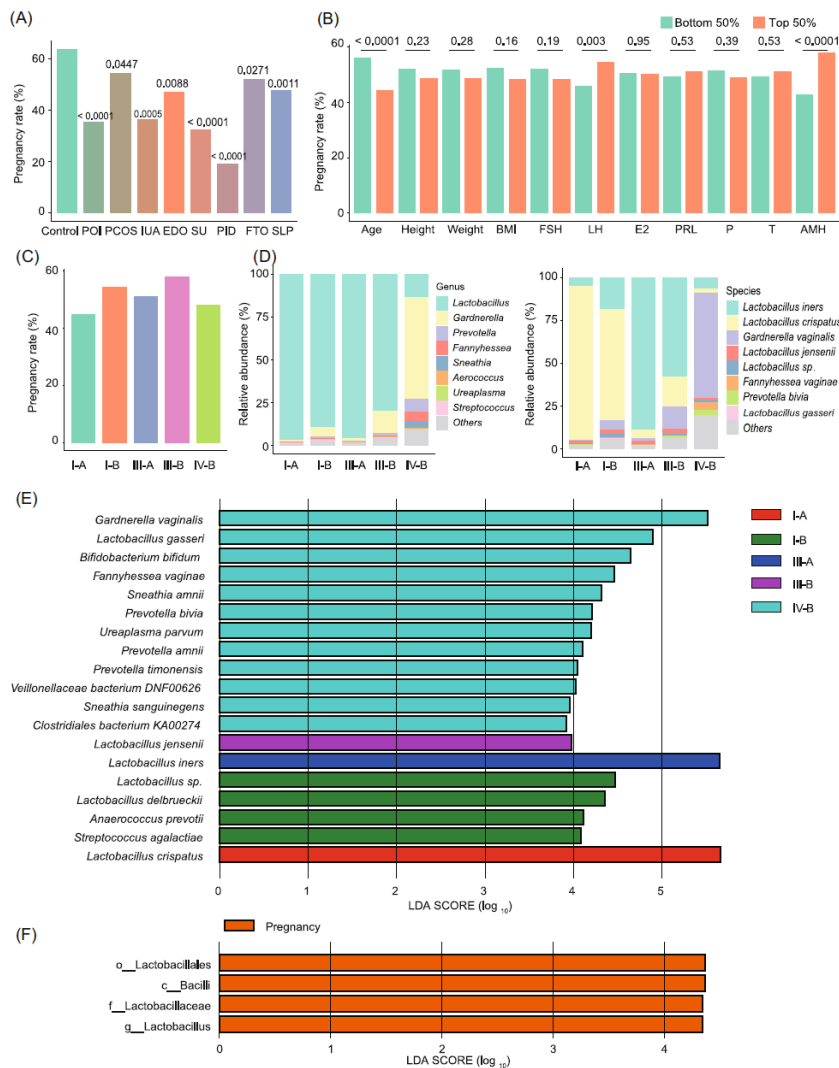


- 不孕女性大多（783人，63.61%）被诊断有炎症，包括慢性输卵管炎、子宫内膜炎和盆腔炎。
- 在AMH较低和宫腔黏连的女性中，分别鉴定出12和7个不孕相关细菌类群。
- 瘢痕子宫患者更多（n = 81）为III-A型。IV-B型中则含有更多的输卵管切除术的患者。



结果

5. 阴道微生物群组成与体外受精（IVF）结局的关系



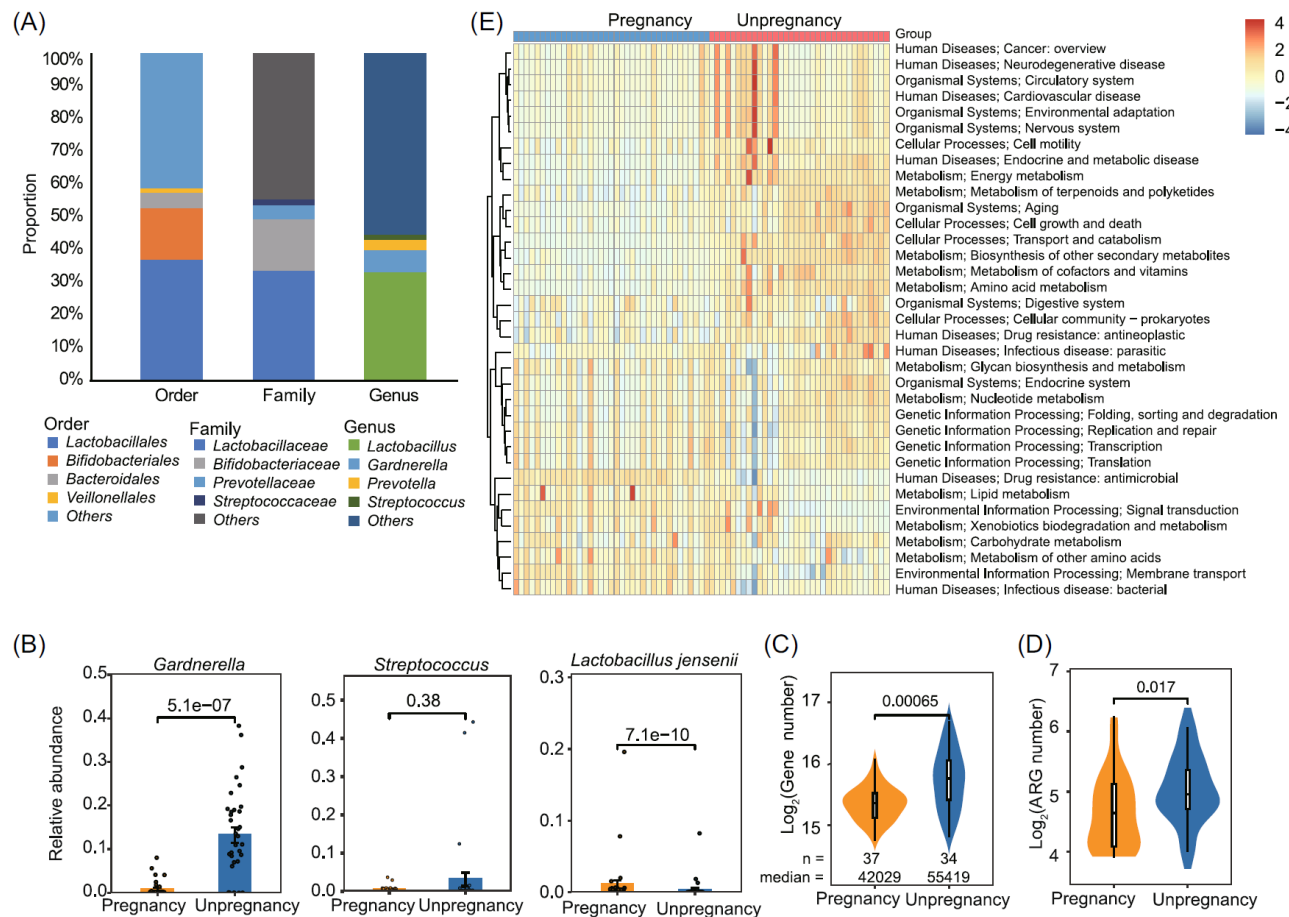
- 只有年龄、AMH和LH对妊娠率有显著影响。
- 细菌群落类型I型和III型的女性人数最多。
- 詹氏乳杆菌是该CST的生物标志物，其妊娠率最高。
- 在IV-B类群中，乳酸杆菌是怀孕的生物标志物。



结果

6. 从宏基因组角度看不孕症阴道微生物组

- 在属水平上，阴道菌群以乳杆菌为主，其次是加德纳菌和普雷沃氏菌属。
- 在物种水平上，詹氏乳杆菌在孕妇中表现出相对较高的丰度。
——詹氏乳杆菌是妊娠率最高的CST III-B的标志物。
- 与怀孕者相比，未怀孕者含有更多的注释基因和抗微生物耐药性基因。

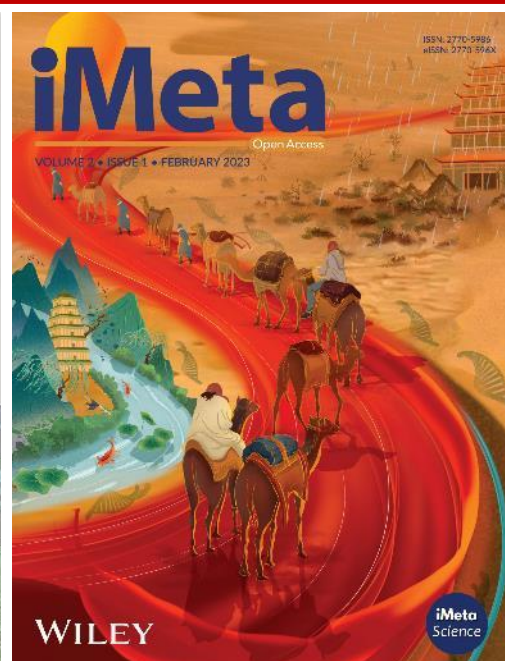
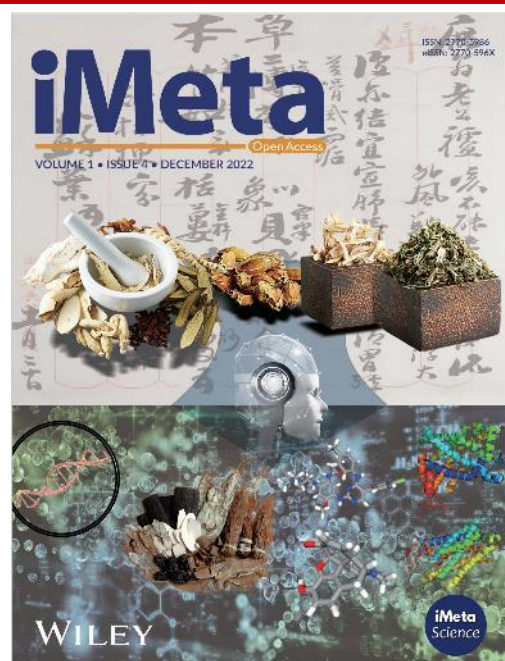
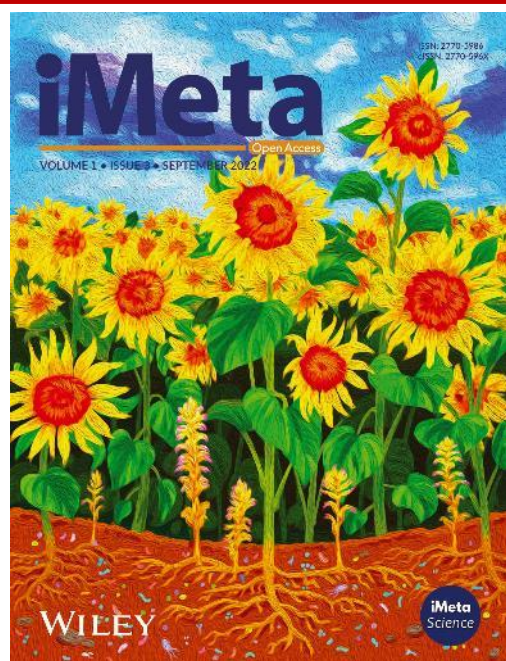




总结

- ❑ 不同阴道微生物群落的妇女怀孕率不同。
- ❑ 卷曲乳杆菌和惰性乳杆菌的丰度过高会对体外受精（IVF）结果产生负面影响。
- ❑ 中等丰度（约80%）的乳酸菌对怀孕更有益。
- ❑ 这些发现可能有助于制定预测阴道微生物群从而控制 IVF 结果的策略。

Wang, Tao, Penghao Li, Xue Bai, Shilin Tian, Maosen Yang, Dong Leng, Hua Kui, et al. 2024. “ Vaginal Microbiota are Associated With In Vitro Fertilization During Female Infertility. ” *iMeta* 3: e185. <https://doi.org/10.1002/imt2.185>



“**iMeta**”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF>20)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、中英双语、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月发行，相继被**ESCI**、**Google Scholar**、**DOAJ**、**Scopus**等数据库收录，发文161篇，被引2316次([Dimension](#), 2024/2/19)!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

