



中国女性阴道微生物组的全国性图谱揭示年龄 依赖性变化及生殖健康预测生物标志物

齐灿灿^{1,2}, 张莹轩^{1,2}, 卿维^{1,2}, 陈荣丹^{1,2}, 周祖怡^{1,2}, 刘玉梅^{1,2}, 陈恩中^{1,2}, 陈文怡^{1,2}, CALM2004 协作组⁴,

周宏伟^{1,2,3,5*}, 陈慕璇^{1,2,6*}

¹南方医科大学珠江医院

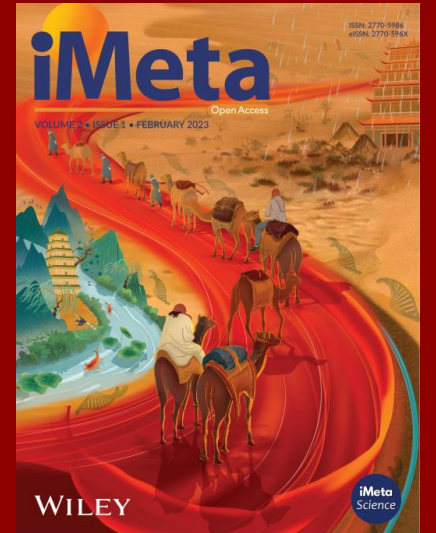
²广东省医学检验临床医学研究中心

³南方医科大学深圳医院

⁴CALM2004协作组

⁵南方医科大学器官衰竭防治国家重点实验室

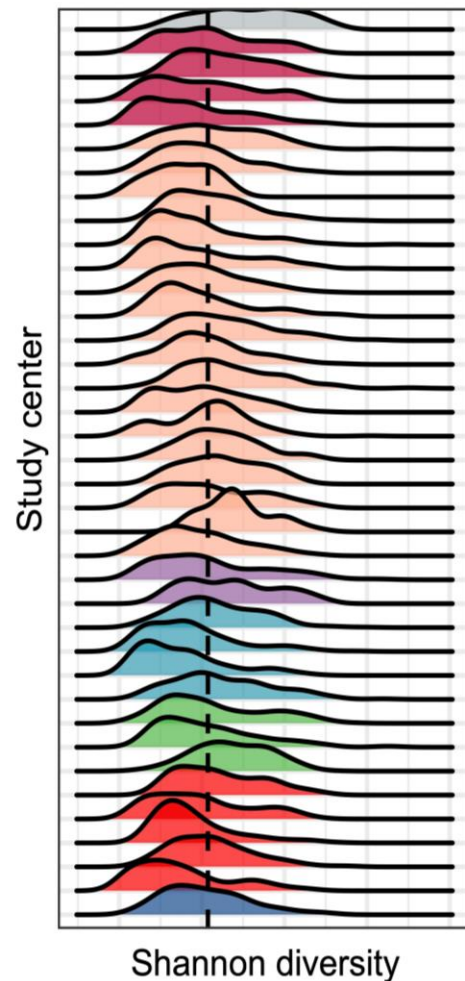
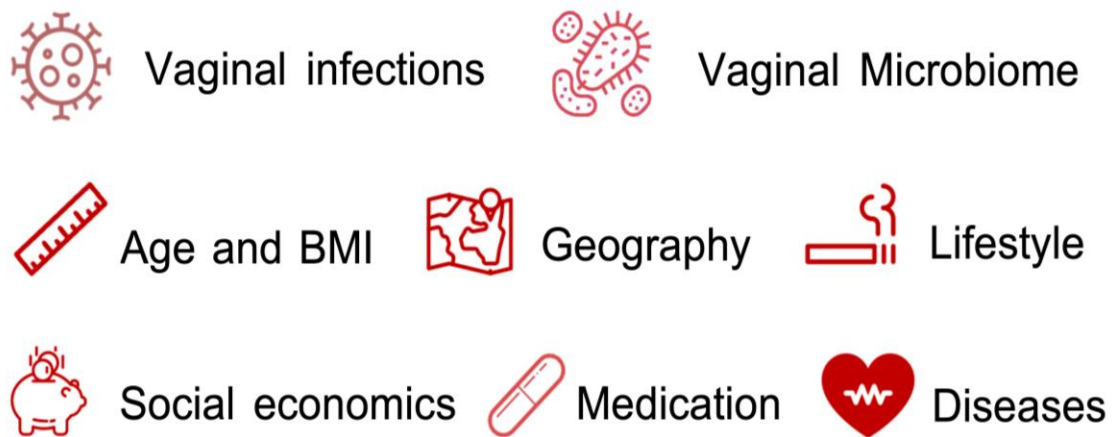
⁶深圳市眼科医院 (南方医科大学深圳眼科中心)



Cancan Qi, Yingxuan Zhang, Wei Qing, Rongdan Chen, Zuyi Zhou, Yumei Liu, Enzhong Chen, et al. 2025. Nationwide profiling of vaginal microbiota in Chinese women reveals age-dependent shifts and predictive biomarkers for reproductive health. *iMeta* 4: e70088. <https://doi.org/10.1002/imt2.70088>.



研究背景与设计



38 Study centers

18 Provinces

Central

East

North

Northeast

Northwest

South

Southwest

West

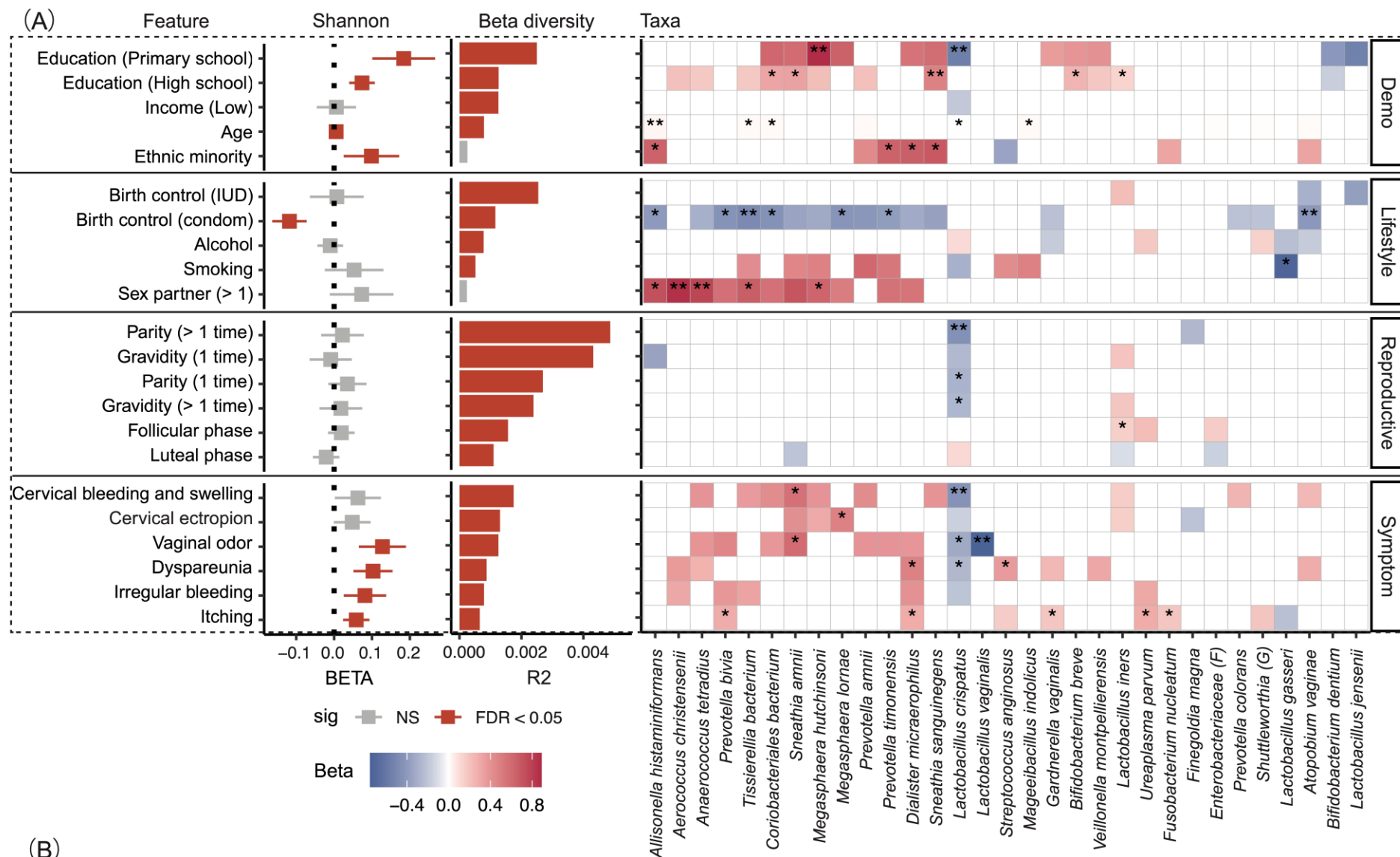
• 研究目标:

- 量化不同类型的宿主因素对微生物组变异的贡献;
- 揭示特定阴道微生物群落如何受宿主因素调控;
- 为阴道微生态在生殖健康中的作用提供更全面的解读。



宿主因素与阴道微生物之间的关联

- 方法：**宿主特征与阴道微生物组指标（包括 β 多样性、Shannon多样性和31个核心物种丰度）之间的关联分析。
- 发现：**临床症状相关性最强，其次是人口统计学因素与生活方式。
- 最显著的关联包括**避孕套使用、年龄、性伴侣数量、阴道瘙痒症状和中等教育水平。

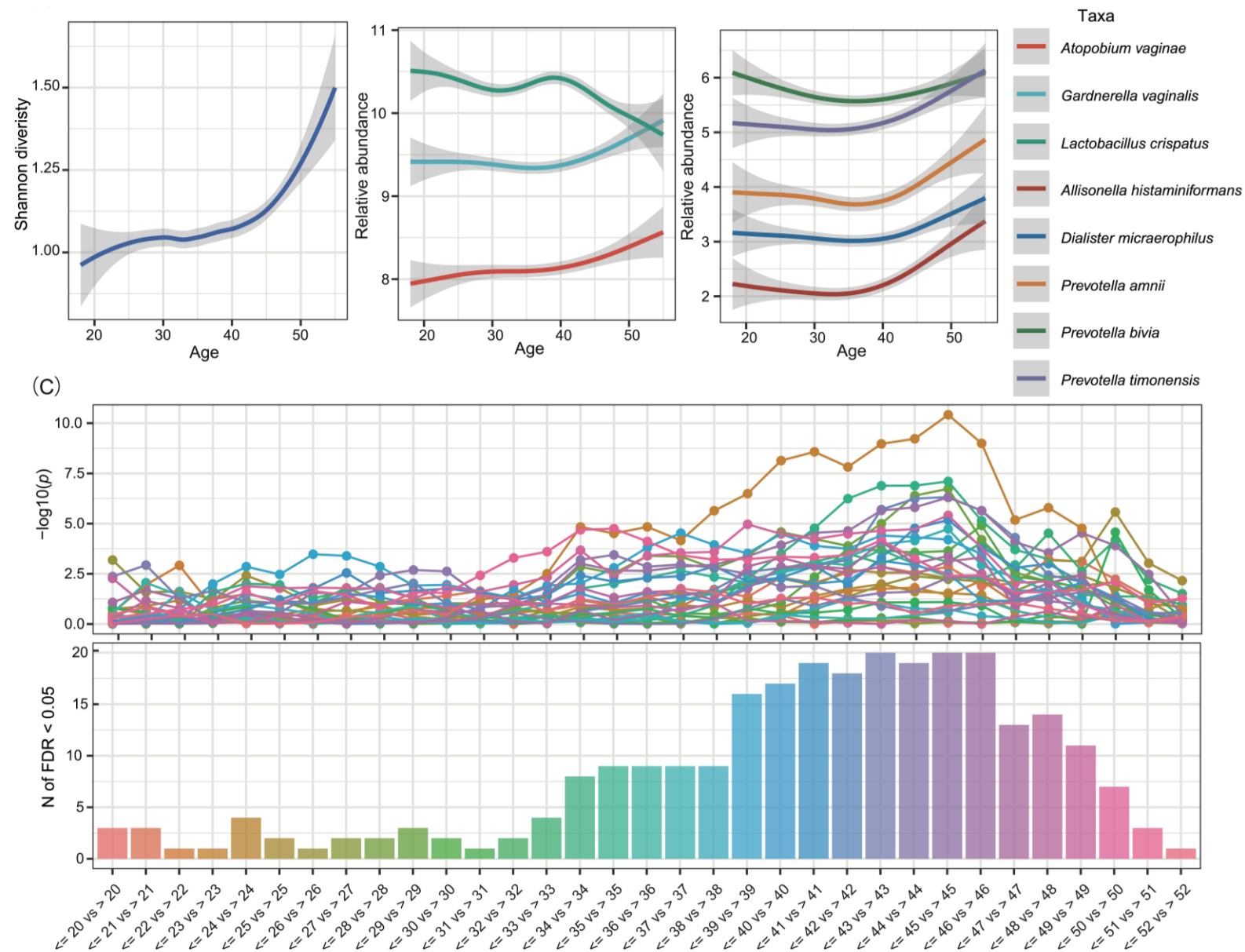


(B)



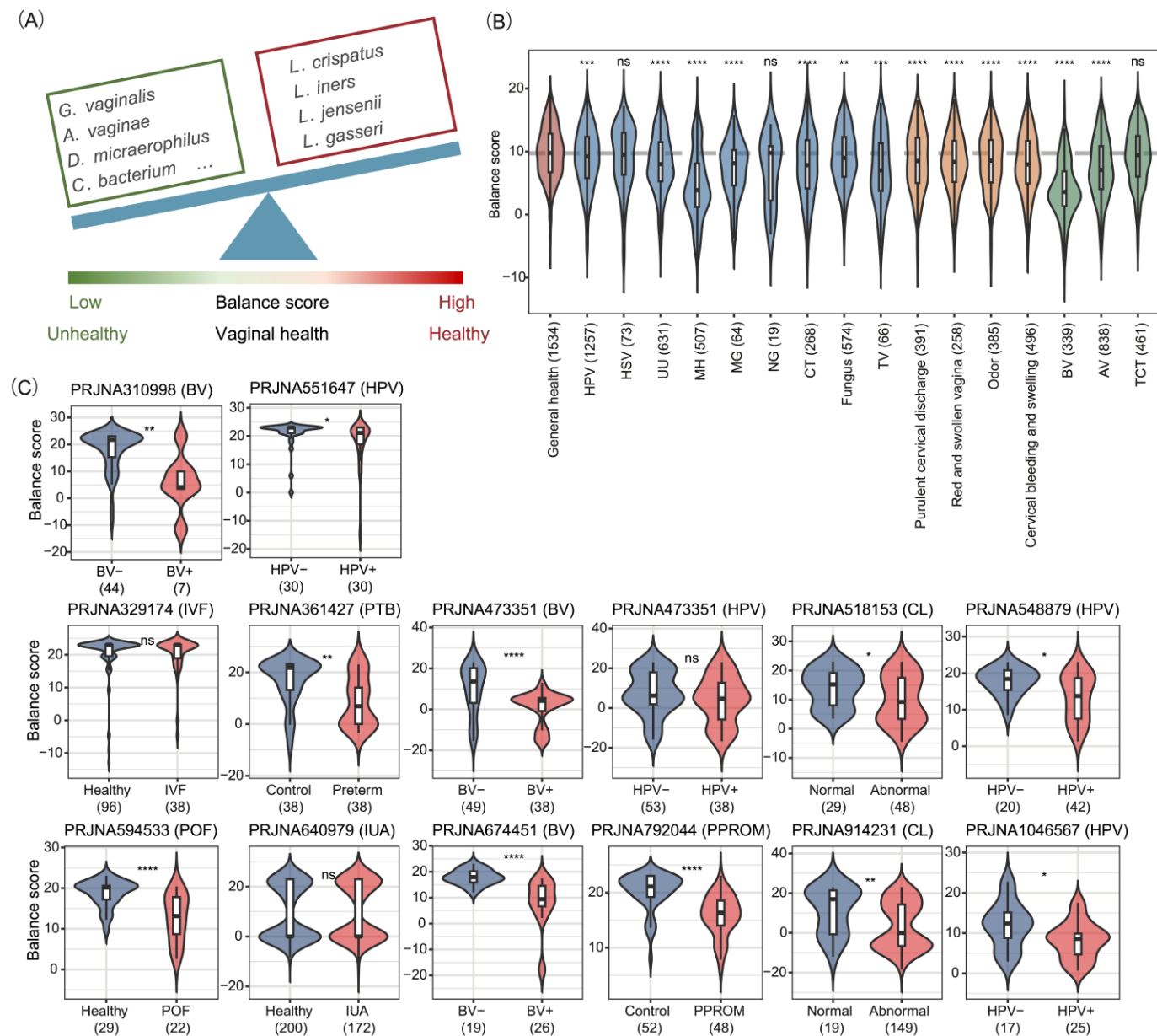
阴道微生物组在女性40岁左右发生显著转变

女性40岁左右时阴道微生物组结构发生显著转变，表现为Shannon多样性的下降，卷曲乳杆菌 (*Lactobacillus crispatus*, *L. crispatus*) 丰度下降以及与疾病相关物种，如阴道加德纳菌 (*Gardnerella vaginalis*) 的富集。





微生物组平衡指数提示阴道健康状态

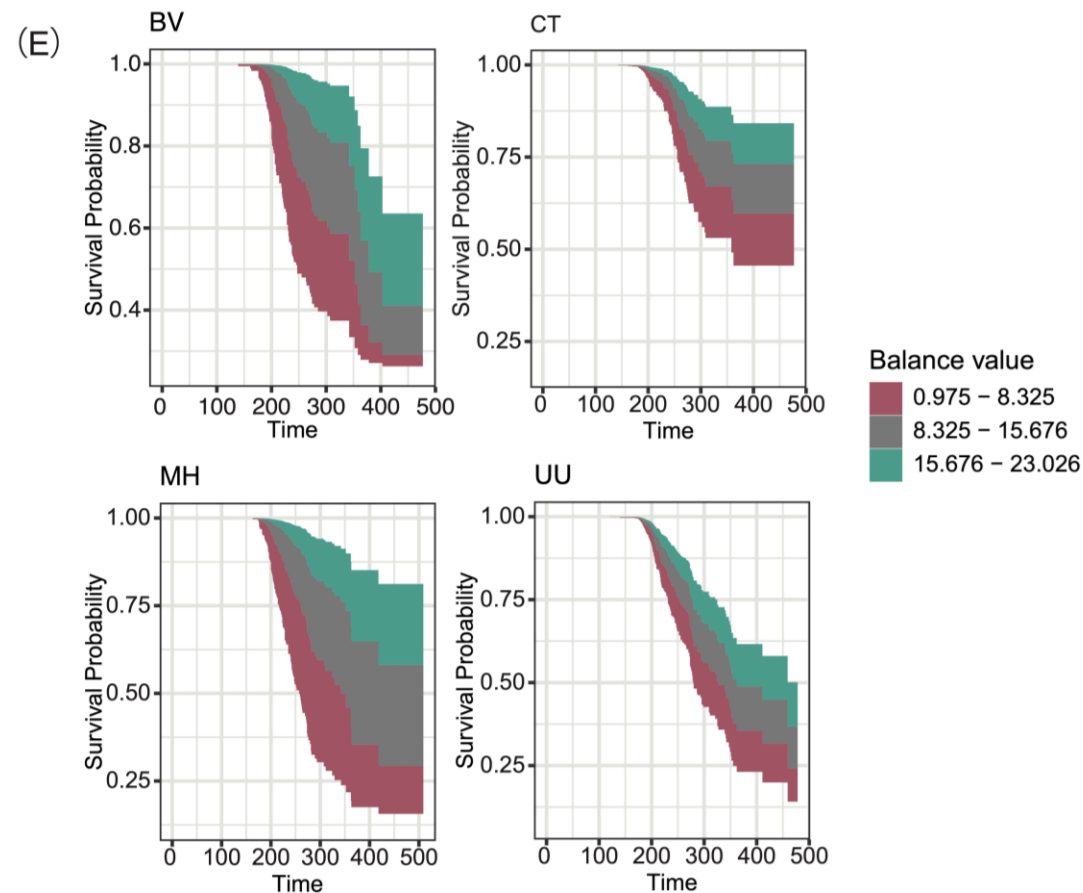
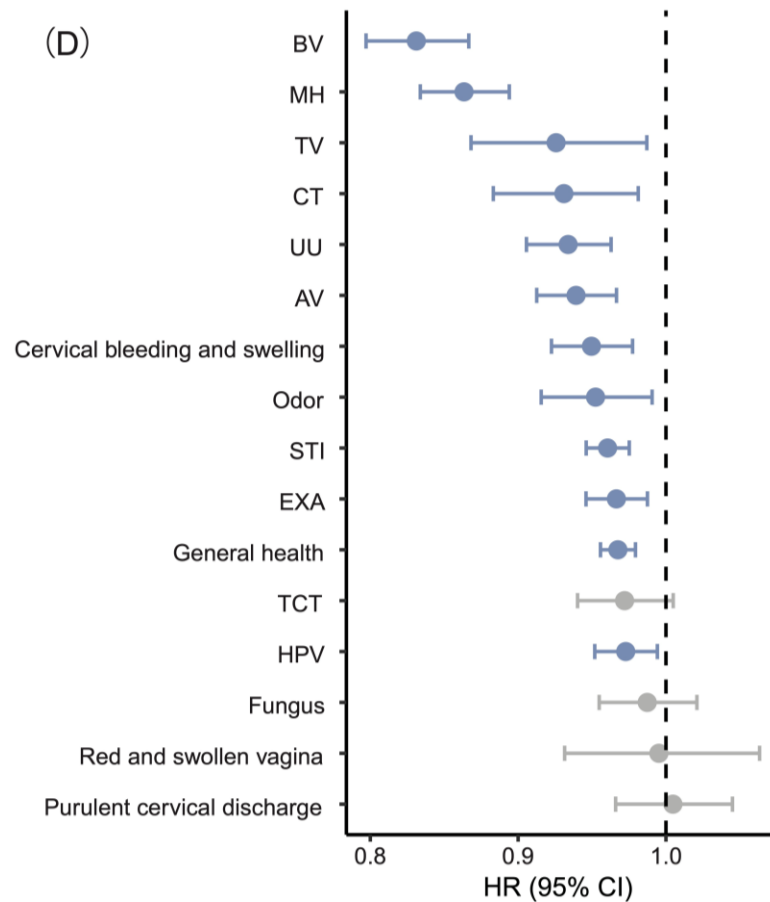


- 方法：** 计算在健康人群中富集的菌群与在非健康人群中富集的菌群的对数比值，构建阴道微生物平衡指数（BS）。
- 发现：** BS在不健康个体（包括患有性传播感染、生殖道相关症状或疾病的人群）中均显著降低。
- 验证：** 为评估BS的可重复性，在13个公开的阴道微生物组数据集中进行了验证，BS在大多数数据集中均得到有效复现。



微生物组平衡指数提示阴道健康状态

- **方法:** 利用纵向随访数据分析了基线BS对阴道健康结局进展的预测作用。
- **预测潜力:** 较高的基线BS与6个月随访期间较低的细菌性阴道病 (BV)、人型支原体 (*Mycoplasma hominis*, MH)、阴道毛滴虫 (*Trichomonas vaginalis*, TV) 和沙眼衣原体 (*Chlamydia trachomatis*, CT) 发生风险显著相关。

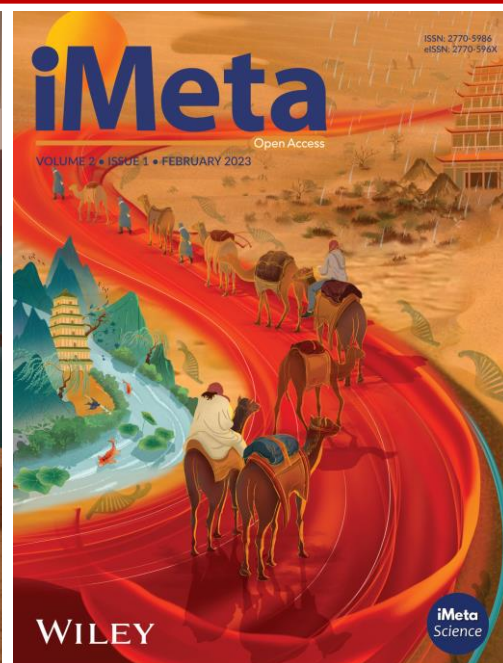
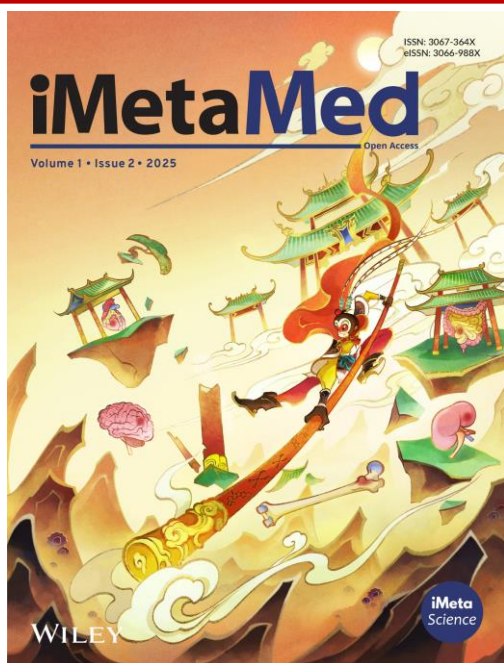




总结

- ❑ 研究对来自中国18个省份的6,423名育龄女性的阴道微生物组进行了特征描绘，并评估了其33项宿主因素的关联。
- ❑ 阴道微生物组在女性40岁左右发生显著转变，以卷曲乳杆菌的减少以及与菌群失调相关菌的富集为主要特征。
- ❑ 性伴侣数量、避孕方式和教育水平等是影响阴道菌群结构的关键宿主因素。
- ❑ 构建阴道微生物平衡指数，并在外部队列中验证了其可靠性，证明其对细菌性阴道病和性传播感染的发生具有较强的预测能力。

Cancan Qi, Yingxuan Zhang, Wei Qing, Rongdan Chen, Zuyi Zhou, Yumei Liu, Enzhong Chen, et al. 2025. Nationwide profiling of vaginal microbiota in Chinese women reveals age-dependent shifts and predictive biomarkers for reproductive health. *iMeta* 4: e70088. <https://doi.org/10.1002/imt2.70088>.



***iMeta*(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊***iMetaOmics*** (宏组学)、***iMetaMed*** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

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

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

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science
imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6