研究人员构建人类阴道微生物基因组库

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/27872.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究人员构建人类阴道微生物基因组库。6月21日，深圳市宝安中医院（集团）副院长黄链莎、转化医学中心助理研究员孙文与大连医科大学副教授鄢秋龙等课题组的最新合作成果发表于《自然—微生物学》。

人类女性阴道是一个包括细菌、真菌和病毒在内的复杂微生态系统，各微生物之间是相互制约、相互作用、相互依赖、对立统一的关系，其间的平衡关乎女性生殖健康及胎儿孕育。此前，跨multi-kingdom的阴道微生物组的基因组水平分析存在一定的限制性。

为此，研究团队通过宏基因组测序数据和微生物培养技术，建立了庞大的女性阴道微生物基因组库，为生殖道复杂的微生物生态系统提供了全面的表征，在理解人类生殖道微生物方面取得重要进展。

团队建立了包含786种原核生物、11种真菌和4263个病毒操作分类单元的人类阴道微生物基因组集合，总计超过33000个。

该成果首次发现了多种新型阴道病原体的基因组数据，并对其功能特性和生态位适应进行了描述，揭示了它们在维持生殖健康和导致疾病发生的潜在作用。借助该集合，研究人员还鉴定了原核生物和真核病毒关键基因组变异和功能特性，且该研究建立的人类阴道微生物基因组集合包含了100万个特殊的基因序列，在广度和深度上大大超越了现有的数据库，使深入探索生殖道微生态在女性生殖健康中的作用成为可能。

该成果揭示了前所未有的微生物多样性和对健康的潜在影响，是研究阴道微生物群及其对阴道健康影响的宝贵资源，为开发针对生殖疾病预防、诊断和治疗新方法等应用奠定基础。（来源：中国科学报 刁雯蕙）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41564-024-01751-5

作者：黄链莎等 来源：《自然—微生物学》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发