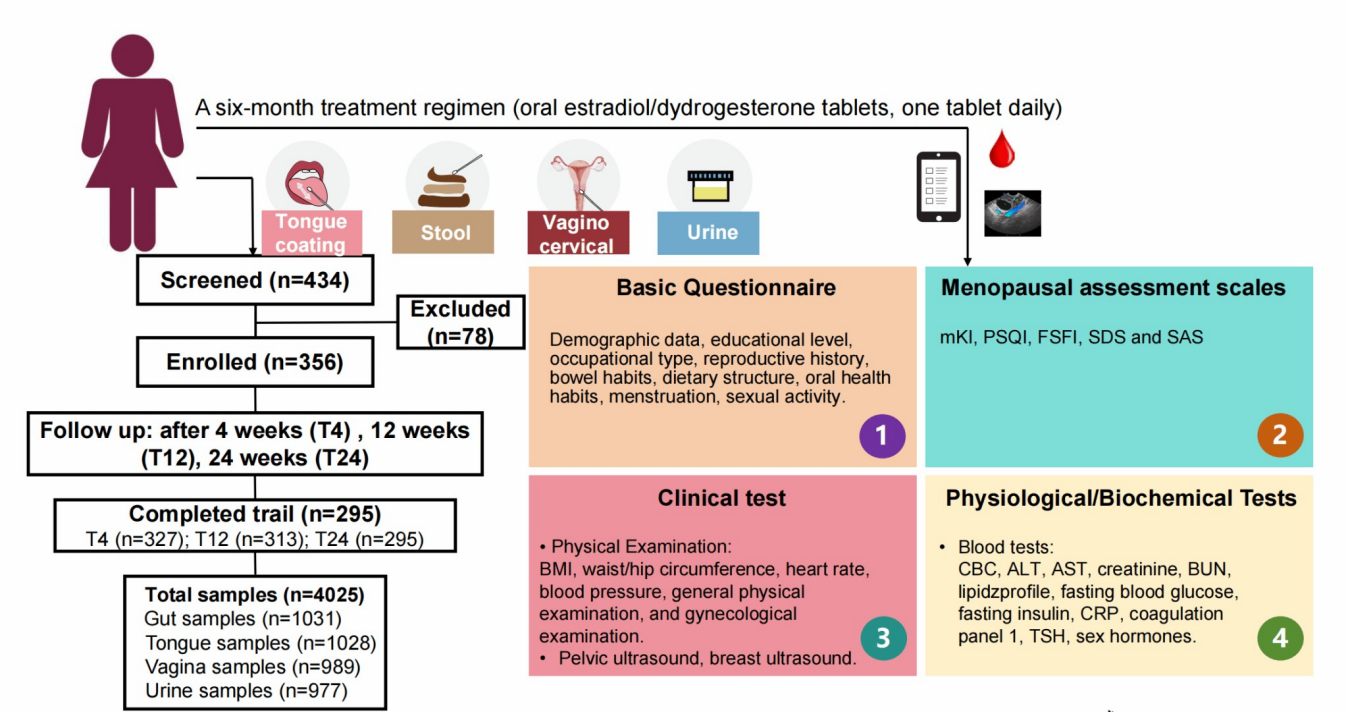
新研究发现菌群分型可预判更年期激素疗效

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/42982.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！

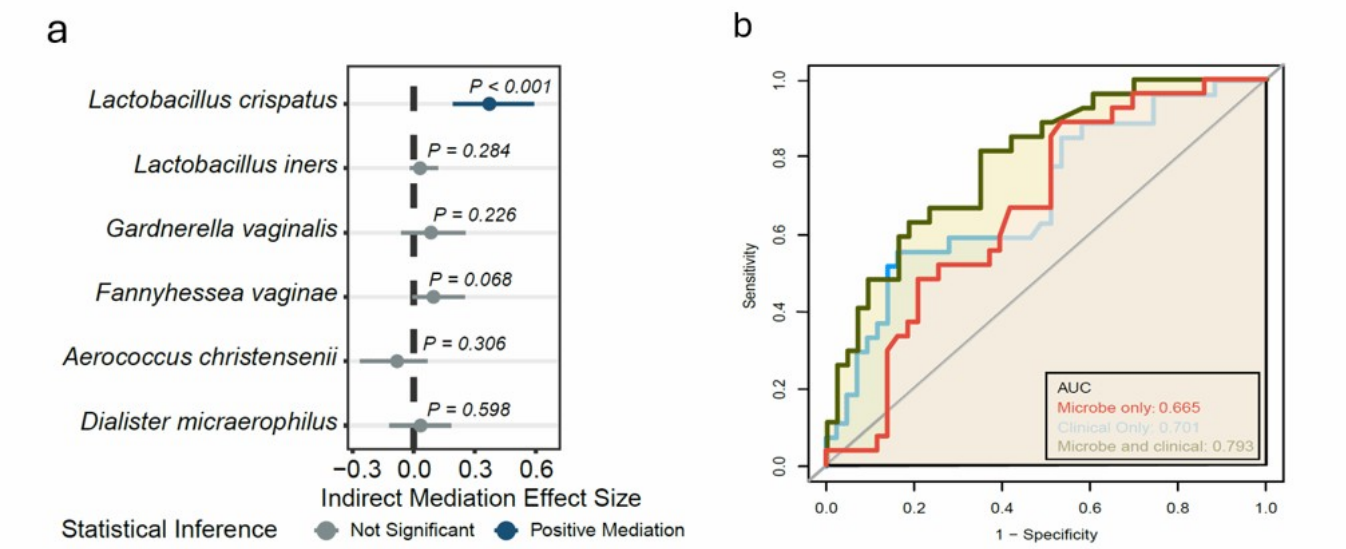
新研究发现菌群分型可预判更年期激素疗效。更年期激素治疗为何有人见效快、有人缓解慢？南方医科大学第五附属医院微生态医学中心教授陈晨团队与合作者的一项研究给出了微生态答案：治疗前的肠道与阴道菌群状态，在很大程度上决定了个体对绝经激素治疗（MHT）的应答轨迹。11月3日，相关成果在线发表于《自然—医学》。



全国多中心纵向绝经期激素治疗研究设计。研究团队供图，下同

据介绍，研究团队建立了涵盖356名有更年期症状女性的临床队列，进行为期6个月的随访。在治疗前及治疗4周、12周、24周四个时间点，同步采集神经内分泌与代谢指标、症状量表，并对肠道、舌苔、宫颈阴道、中段尿4个部位的微生物样本开展高深度宏基因组测序，构建起多部位、多时点的动态数据库。

该研究揭示了一个关键规律：口服激素对微生态的重塑具有鲜明的组织特异性。宫颈阴道和尿液等泌尿生殖道部位反应最明显，治疗可靶向富集有益的卷曲乳杆菌，抑制加德纳菌及条件致病厌氧菌，使阴道菌群向育龄期女性的健康群落转变，呈现逆龄化；而肠道菌群整体结构在治疗中保持较高稳定性，几乎不受干扰。



阴道微生物介导的性功能恢复与肠道-临床联合预测模型。

研究发现，三个关键发现构成了应答密码的核心：一是，卷曲乳杆菌是性功能改善的中间人：基线卷曲乳杆菌丰度较高的女性，治疗后性功能评分改善更明显；以惰性乳杆菌为主或菌群已紊乱者，则未观察到这一效果。二是，治疗前阴道菌群分型预示不同改善轨迹：以加德纳菌优势型为主的女性，菌群生态可塑性较高，能较快转向健康乳杆菌主导型；而菌群杂乱且失调者，改善幅度较微弱。三是，肠道菌群分型直接影响治疗达标率：GUT-Pv肠型女性中72.1%反应良好，GUT-P.cop肠型仅52.2%，前者获得理想疗效的优势比是后者的2.37倍。团队推测，这可能与两类菌株的β-葡萄糖醛酸酶活性差异有关，但具体机制仍需进一步验证。

基于上述规律，研究团队将菌群信息与临床特征结合，构建了随机森林机器学习模型，用于预测治疗4周后能否快速缓解，AUC达0.793，显著优于仅使用传统临床特征的模型（AUC=0.701）。AUC越接近1，表明模型区分会缓解与不会缓解人群的能力越强；菌群数据的加入，为传统临床指标之外提供了实质性的增量信息。

该研究首次绘制了女性多部位微生态对MHT的动态重塑全景图，为更年期管理从经验性试错用药转向微生态分型指导的精准干预提供了科学依据。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41591-026-04737-4

作者：陈晨 来源：《自然—医学》

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