



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2020-0047626
(43) 공개일자 2020년05월07일

- (51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12Q 1/6883 (2018.01) C12Q 1/6886 (2018.01)
C12Q 1/689 (2018.01) C12Q 1/70 (2006.01)
G16B 20/00 (2019.01) G16B 40/20 (2019.01)
- (52) CPC특허분류
C12Q 1/6883 (2018.05)
C12Q 1/6886 (2018.05)
- (21) 출원번호 10-2020-7008963
- (22) 출원일자(국제) 2018년08월28일
심사청구일자 없음
- (85) 번역문제출일자 2020년03월27일
- (86) 국제출원번호 PCT/US2018/048412
- (87) 국제공개번호 WO 2019/046347
국제공개일자 2019년03월07일
- (30) 우선권주장
62/551,155 2017년08월28일 미국(US)
(뒷면에 계속)

- (71) 출원인
소마젠 인크
미국 매릴랜드 20850, 록빌 스위트 205, 피카드
드라이브 1330
- (72) 발명자
압테, 재커리
미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이오미, 인코포레이
티드내
빅, 엘리자베스
미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이오미, 인코포레이
티드내
(뒷면에 계속)
- (74) 대리인
유미특허법인

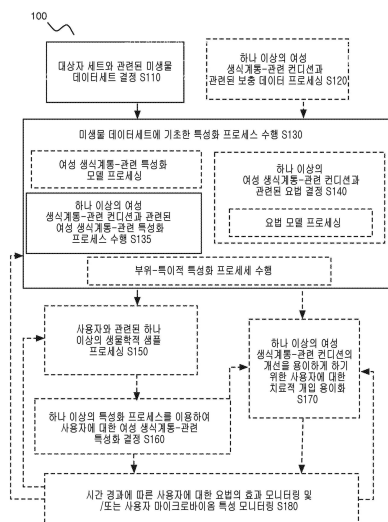
전체 청구항 수 : 총 23 항

(54) 발명의 명칭 미생물과 관련된 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화를 위한 방법 및 시스템

(57) 요약

하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하기 위한 방법 및/또는 시스템의 구현은 대상자 세트와 관련된 미생물 데이터세트를 결정하는 단계; 및/또는 미생물 데이터세트에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 특성화 프로세스를 수행하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 추가적으로 또는 대안적으로 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계 및/또는 하나 이상의 요법을 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

대표도 - 도1a



(52) CPC특허분류

C12Q 1/689 (2018.05)
C12Q 1/708 (2013.01)
G16B 20/00 (2019.02)
G16B 40/20 (2019.02)
C12Q 2600/106 (2013.01)
C12Q 2600/16 (2013.01)

(72) 발명자

버드, 사라 더블유.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

레온, 루이스

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

니에토, 파멜라 에이.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

알레그리아-메라, 빅터

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

브라보, 크리스티안

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

카르데나스, 후안 피.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

코바루비아스, 파울로

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

굽타, 사라 엘.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

하만, 키라

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

히메네스, 후안

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

멜리스-아코스, 펠리페

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

나바스, 카밀라 에프.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
 301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
 티드내

(30) 우선권주장

62/585,131 2017년11월13일 미국(US)
 62/653,402 2018년04월05일 미국(US)

누네즈, 해럴드

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

올리바레스, 에두아르도

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

오르테네스-애니산슬린스, 니콜라스

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

오스산돈, 프란시스코 제이.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

바라스, 이그나시오

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

베라-울프, 패트리샤

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

혼고, 도나 마리 비.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

크랄, 로렌스

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

월턴, 나타니엘 에이.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

모턴, 아만다

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

부스타만테, 후안 피.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

아다에, 크와시

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

가스, 그레이엄

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

소토-리베, 카티아

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

유가데, 후안 에이.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

모랄레스, 에두아르도 에이치.

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

알모나시드, 다니엘

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

리치맨, 제시카

미국, 캘리포니아 94103, 샌프란시스코 스위트
301, 랭톤 스트리트 360, 유바이옴, 인코포레이
티드내

명세서

청구범위

청구항 1

적어도 하나의 여성 생식계통(female reproductive system)-관련 조건과 관련된 적어도 하나의 샘플을 포함하며, 대상자 세트(set of subjects)와 관련된, 샘플로부터의 미생물 핵산에 기초하여, 대상자 세트와 관련된 미생물 서열 데이터세트(dataset)를 결정하는 단계;

대상자 세트에 대해, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 보충 데이터를 수집하는 단계;

미생물 서열 데이터세트에 기초하여, 마이크로바이옴 조성(composition) 특징의 세트를 결정하는 단계;

보충 데이터 및 마이크로바이옴 조성 특징의 세트에 기초하여, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된, 여성 생식계통-관련 특성화(characterization) 모델을 생성하는 단계;

여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건에 대한 사용자에 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 및

여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건의 개선을 용이하게 (facilitating)하기 위한 요법(therapy)을 사용자에게 제공하는 단계

를 포함하는, 미생물과 관련된 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건을 특성화하는 방법.

청구항 2

제1항에 있어서, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건은 HPV 감염 및 박테리아성 질염, 자궁 경부염, 골반염증성 질환, 특발성 불임, 호기성 질염 및 불임 중 적어도 하나를 포함하고,

상기 마이크로바이옴 조성 특징의 세트는 박테리아 표적의 세트와 관련된 마이크로바이옴 조성 특징의 제1 서브 세트, 및 HPV 표적의 세트와 관련된 마이크로바이옴 조성 특징의 제2 서브 세트를 포함하고,

상기 박테리아 표적의 세트는 에어로코쿠스(Aerococcus)(속), 에어로코쿠스 크리스텐센니(Aerococcus christensenii)(종), 아토포비움(Atopobium)(속), 아토포비움 바지네(Atopobium vaginae)(종), 클라미디아 트라코마티스(Chlamydia trachomatis)(종), 디알리스터 미크라에로필러스(Dialister microaerophilus)(종), 푸소박테리움(Fusobacterium)(속), 푸소박테리움 뉴클리아툼(Fusobacterium nucleatum)(종), 가드네렐라(Gardnerella)(속), 가드네렐라 바지날리스(Gardnerella vaginalis)(종), 제멜라(Gemella)(속), 락토바실러스(Lactobacillus)(속), 락토바실러스 이너스(Lactobacillus iners)(종), 락토바실러스 젠센니(Lactobacillus jensenii)(종), 메가스페라(Megasphaera)(속), 모빌룬쿠스(Mobiluncus)(속), 모빌룬쿠스 쿠르티시(Mobiluncus curtisii)(종), 모빌룬쿠스 물리에리스(Mobiluncus mulieris)(종), 미코플라즈마 제니탈리움(Mycoplasma genitalium)(종), 나이세리아 고노르호에(Neisseria gonorrhoeae)(종), 파필리박터(Papillibacter)(속), 파르비모나스(Parvimonas)(속), 펩토니필루스(Peptoniphilus)(속), 펩토스트렙토코쿠스(Peptostreptococcus)(속), 포르피로모나스(Porphryomonas)(속), 프리보텔라(Prevotella)(속), 프리보텔라 암니(Prevotella amnii)(종), 프리보텔라 티몬렌시스(Prevotella timonensis)(종), 스니치아(Sneathia)(속), 스타필로코쿠스 아우레우스(스타필로코쿠스 aureus)(종), 스트렙토코쿠스 아갈락티에(Streptococcus agalactiae)(종), 및 트레포네마 팔리둠(Treponema pallidum)(종) 중 적어도 하나를 포함하고, 그리고

상기 HPV 표적의 세트는 HPV 타입(types) 6, 11, 42, 43, 44, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 및 68 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 3

제1항에 있어서, 상기 보충 데이터는 대상자 세트로부터 대상자의 서브세트에 대한 적어도 하나의 여성 생식계

통-관련 컨디션의 결여를 나타내며,

여기서 마이크로바이옴 특징의 세트를 결정하는 단계는 미생물 서열 데이터 세트에 기초하여, 대상자의 서브세트와 관련된 건강한 기준(reference) 마이크로바이옴 파라미터 범위를 결정하는 단계를 포함하고, 그리고

상기 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계는 보충 데이터 및 건강한 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 4

제1항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 클라미디아, 자궁 내막증, 생식기 포진, 생식기 혹, 임질, 생리통(painful periods), 다낭성 난소 증후군, 요로 감염 및 효모 감염 중 적어도 하나를 포함하고,

상기 마이크로바이옴 조성 특징의 세트는 다음 중 적어도 하나와 연관되는, 방법: 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22, 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12, 액티노박테리아(*Actinobacteria*), 박테로이달레스(*Bacteroidales*), 박테로이데스(*Bacteroides*), 박테로이테테스(*Bacteroidetes*), 박테로이디아(*Bacteroidia*), 바르네시엘라(*Barnesiella*), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinihominis*), 베타프로테오박테리아(*Betaproteobacteria*), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(*Burkholderiales*), 클로스트리디아(*Clostridia*), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*) 콜린셀라(*Collinsella*), 코리오박테리알레스(*Coriobacteriales*), 도레아(*Dorea*), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*), 에게르텔라(*Eggerthella*), 아이센베르지엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 플라보박테리알레스(*Flavobacteriales*), 플라보박테리아(*Flavobacteriia*), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 라크노스피라 펙티노슈자(*Lachnospira pectinoschiza*), 락토바실라시에(*Lactobacillaceae*), 메가스페라(*Megasphaera*), 오도리박터(*Odoribacter*), 오실로스피라시에(*Oscillospiraceae*), 로제부리아(*Roseburia*), 로제부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 루미노코카시에(*Ruminococcaceae*), 사르시나(*Sarcina*), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variabile*), 슈테렐라시에(*Sutterellaceae*), 테리스포로박터(*Terrisporobacter*), 비피도박테리움(*Bifidobacterium*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) HGB5, 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 박테로이데스 아시디파시엔스(*Bacteroides acidifaciens*), 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 비피도박테리아시에(*Bifidobacteriaceae*), 비피도박테리알레스(*Bifidobacteriales*), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 모리엘라(*Moryella*), 네가티브이큐테스(*Negativicutes*), 셀레노모나달레스(*Selenomonadales*), 베일로넬라시에(*Veillonellaceae*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(*Bacteroides caccae*), 박테로이데스 불가투스(*Bacteroides vulgatus*), 빌로필라(*Bilophila*) sp. 4_1_30, 인테스티니모나스(*Intestinimonas*), 프리보텔라시에(*Prevotellaceae*), 알리스티페스 푸트레디니스(*Alistipes putredinis*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) NML05A004, 알파프로테오박테리아(*Alphaproteobacteria*), 바실리(*Bacilli*), 박테로이다시에(*Bacteroidaceae*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) SLC1-38, 블라우티아(*Blautia* sp.) YHC-4, 블라우티아 스테르코리스(*Blautia stercoris*), 블라우티아 웨슬러레(*Blautia wexlerae*), 부티리시모나스(*Butyricimonas*), 클로스트리디아시에(*Clostridiaceae*), 클로스트리디움(*Clostridium*), 콜린셀라 에어로파시엔스(*Collinsella aerofaciens*), 코리오박테리아시에(*Coriobacteriaceae*), 코리오박테리아(*Coriobacteriia*), 디엘마(*Dielma*), 도레아 포르미시제네란스(*Dorea formicigenerans*), 에게르텔라(*Eggerthella* sp.) HGA1, 아이센베르지엘라(*Eisenbergiella*), 페칼리박테리움(*Faecalibacterium*), 퍼미큐티스(*Firmicutes*), 플라보박테리아시에(*Flavobacteriaceae*), 락토바실라레스(*Lactobacillales*), 락토바실러스(*Lactobacillus*), 마르빈브리안티아(*Marvinbryantia*), 오도리박터 스플란크니쿠스(*Odoribacter splanchnicus*), 파라박테로이데스(*Parabacteroides*), 포르피로모나다시에(*Porphyromonadaceae*), 로도스피릴라레스(*Rhodospirillales*), 로세부리아 이눌리니보란스(*Roseburia inulinivorans*), 서브돌리그라눌룸(*Subdoligranulum*), 아시다미노코카시에(*Acidaminococcaceae*), 액티노마이세탈레스(*Actinomycetales*), 아네로코쿠스(*Anaerococcus*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) EBA5-17, 코리네박테리아시에(*Corynebacteriaceae*), 코리네박테리알레스(*Corynebacteriales*), 코리네박테리움(*Corynebacterium*), 엔테로라브더스(*Enterorhabdus*), 에리시페라토클로스트리디움(*Erysipelatoclostridium*), 에리시페로트리차세(*Erysipelotrichaceae*), 에리시펠로트리칼레스(*Erysipelotrichales*), 에리시펠로트리키아(*Erysipelotrichia*),

오실로스피라시예(Oscillospiraceae), 파스콜락토박테리움(Phascolarctobacterium), 프로테오박테리아(Proteobacteria), 슈테렐라 와드워스텐시스(Sutterella wadsworthensis), 베루코미크로비아에(Verrucomicrobiae) 및 베루코미크로비알레스(Verrucomicrobiales) 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 5

제1항에 있어서, 상기 요법은 소비재(consumable), 장치-관련 요법, 외과 수술, 심리적-연관 요법 및 행동 변형 요법 중 하나 이상을 포함하고, 여기서 요법을 제공하는 단계는 사용자와 관련된 컴퓨팅 장치에서 사용자에게 요법을 위한 추천(recommendation)을 제공하는 단계를 포함하는 방법.

청구항 6

적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물에 상응하는 미생물 핵산을 포함하는 샘플을 사용자로부터 수집하는 단계;

샘플의 미생물 핵산에 기초하여 사용자와 관련된 미생물 데이터세트를 결정하는 단계;

미생물 데이터세트에 기초하여, 사용자 마이크로바이옴 조성 특징들이 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된, 사용자 마이크로바이옴 조성 특징들을 결정하는 단계;

사용자 마이크로바이옴 특징에 기초하여 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화(characterization)를 결정하는 단계; 및

여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션의 개선을 용이하게(facilitate) 하기 위해 사용자에게 대한 요법과 관련한 치료적 개입을 용이하게 하는 단계

를 포함하는, 미생물과 관련된 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하는 방법.

청구항 7

제6항에 있어서, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 HPV 감염 및 박테리아성 질염, 자궁 경부염, 골반 염증성 질환, 특발성 불임, 호기성 질염 및 불임 중 적어도 하나를 포함하고,

상기 사용자 마이크로바이옴 조성 특징의 세트는 박테리아 표적의 세트와 관련된 사용자 마이크로바이옴 조성 특징의 제1 서브 세트, 및 HPV 표적의 세트와 관련된 사용자 마이크로바이옴 조성 특징의 제2 서브 세트를 포함하고,

상기 박테리아 표적의 세트는 에어로코쿠스(Aerococcus)(속), 에어로코쿠스 크리스텐센니(Aerococcus christensenii)(종), 아토포비움(Atopobium)(속), 아토포비움 바지네(Atopobium vaginae)(종), 클라미디아 트라코마티스(Chlamydia trachomatis)(종), 디알리스터 미크라에로필러스(Dialister microaerophilus)(종), 푸소박테리움(Fusobacterium)(속), 푸소박테리움 뉴클리아툼(Fusobacterium nucleatum)(종), 가드네렐라(Gardnerella)(속), 가드네렐라 바지날리스(Gardnerella vaginalis)(종), 제멜라(Gemella)(속), 락토바실러스(Lactobacillus)(속), 락토바실러스 이너스(Lactobacillus iners)(종), 락토바실러스 젠세니(Lactobacillus jensenii)(종), 메가스페라(Megasphaera)(속), 모빌룬쿠스(Mobiluncus)(속), 모빌룬쿠스 쿠르티시(Mobiluncus curtisii)(종), 모빌룬쿠스 물리에리스(Mobiluncus mulieris)(종), 미코플라즈마 제니탈리움(Mycoplasma genitalium)(종), 나이세리아 고노르호에(Neisseria gonorrhoeae)(종), 파필리박터(Papillibacter)(속), 파르비모나스(Parvimonas)(속), 펩토니필루스(Peptoniphilus)(속), 펩토스트렙토코쿠스(Peptostreptococcus)(속), 포르피로모나스(Porphryomonas)(속), 프리보텔라(Prevotella)(속), 프리보텔라 암니(Prevotella amni)(종), 프리보텔라 티몬렌시스(Prevotella timonensis)(종), 스니치아(Sneathia)(속), 스타필로코쿠스 아우레우스(스타필로코쿠스 aureus)(종), 스타필로코쿠스 아갈락티에(Streptococcus agalactiae)(종), 및 트레포네마 팔리둠(Treponema pallidum)(종) 중 적어도 하나를 포함하고, 그리고

상기 HPV 표적의 세트는 HPV 타입(types) 6, 11, 42, 43, 44, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 및 68 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 8

제6항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 클라미디아, 자궁 내막증, 생식기 포진, 생식기 흑, 임질, 생리통(painful periods), 다낭성 난소 증후군, 요로 감염 및 효모 감염 중 적어도 하나를 포함하고, 그리고

상기 사용자 마이크로바이옴 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는, 방법: 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22, 알리스트이페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12, 액티노박테리아(*Actinobacteria*), 박테로이달레스(*Bacteroidales*), 박테로이데스(*Bacteroides*), 박테로이데테스(*Bacteroidetes*), 박테로이디아(*Bacteroidia*), 바르네시엘라(*Barnesiella*), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinhominis*), 베타프로테오박테리아(*Betaproteobacteria*), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(*Burkholderiales*), 클로스트리디아(*Clostridia*), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*) 콜린셀라(*Collinsella*), 코리오박테리알레스(*Coriobacteriales*), 도레아(*Dorea*), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*), 에게르텔라(*Eggerthella*), 아이센베르지엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 플라보박테리알레스(*Flavobacteriales*), 플라보박테리아(*Flavobacteriia*), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 라크노스피라 펙티노슈자(*Lachnospira pectinoschiza*), 락토바실라시에(*Lactobacillaceae*), 메가스페라(*Megasphaera*), 오도리박터(*Odoribacter*), 오실로스피라시에(*Oscillospiraceae*), 로제부리아(*Roseburia*), 로제부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 루미노코카시에(*Ruminococcaceae*), 사르시나(*Sarcina*), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variabile*), 슈테렐라시에(*Sutterellaceae*), 테리스포로박터(*Terrisporobacter*), 비피도박테리움(*Bifidobacterium*), 알리스트이페스(*Alistipes* sp.) HGB5, 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 박테로이데스 아시디파시엔스(*Bacteroides acidifaciens*), 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 비피도박테리아시에(*Bifidobacteriaceae*), 비피도박테리알레스(*Bifidobacteriales*), 플라보니프락토르플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 모리엘라(*Moryella*), 네가티브큐테스(*Negativicutes*), 셀레노모나달레스(*Selenomonadales*), 베일로넬라시에(*Veillonellaceae*), 알리스트이페스(*Alistipes* sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(*Bacteroides caccae*), 박테로이데스 불가투스(*Bacteroides vulgatus*), 빌로필라(*Bilophila*) sp. 4_1_30, 인테스티니모나스(*Intestinimonas*), 프리보텔라시에(*Prevotellaceae*), 알리스트이페스 푸트레디니스(*Alistipes putredinis*), 알리스트이페스(*Alistipes* sp.) NML05A004, 알파프로테오박테리아(*Alphaproteobacteria*), 바실리(*Bacilli*), 박테로이다시에(*Bacteroidaceae*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) SLC1-38, 블라우티아(*Blautia* sp.) YHC-4, 블라우티아 스테르코리스(*Blautia stercoris*), 블라우티아 웨슬러레(*Blautia wexlerae*), 부티리시모나스(*Butyricimonas*), 클로스트리디아시에(*Clostridiaceae*), 클로스트리디움(*Clostridium*), 콜린셀라 에어로파시엔스(*Collinsella aerofaciens*), 코리오박테리아시에(*Coriobacteriaceae*), 코리오박테리아(*Coriobacteriia*), 디엘마(*Dielma*), 도레아 포르미시제네란스(*Dorea formicigenerans*), 에게르텔라(*Eggerthella* sp.) HGA1, 아이센베르지엘라(*Eisenbergiella*), 페칼리박테리움(*Faecalibacterium*), 피미큐티스(*Firmicutes*), 플라보박테리아시에(*Flavobacteriaceae*), 락토바실랄레스(*Lactobacillales*), 락토바실러스(*Lactobacillus*), 마르빈브리안티아(*Marvinbryantia*), 오도리박터 스플란크니쿠스(*Odoribacter splanchnicus*), 파라박테로이데스(*Parabacteroides*), 포르피로모나다시에(*Porphyromonadaceae*), 로도스피릴랄레스(*Rhodospirillales*), 로세부리아 이눌리니보란스(*Roseburia inulinivorans*), 서브돌리그라눌룸(*Subdoligranulum*), 아시다미노코카시에(*Acidaminococcaceae*), 액티노마이세탈레스(*Actinomycetales*), 아네로코쿠스(*Anaerococcus*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) EBA5-17, 코리네박테리아시에(*Corynebacteriaceae*), 코리네박테리알레스(*Corynebacteriales*), 코리네박테리움(*Corynebacterium*), 엔테로라브더스(*Enterorhabdus*), 에리시페라토클로스트리디움(*Erysipelatoclostridium*), 에리시페로트리차세(*Erysipelotrichaceae*), 에리시펠로트리칼레스(*Erysipelotrichales*), 에리시펠로트리키아(*Erysipelotrichia*), 오실로스피라시에(*Oscillospiraceae*), 파스콜락토박테리움(*Phascolarctobacterium*), 프로테오박테리아(*Proteobacteria*), 슈테렐라 와드워드텐시스(*Sutterella wadsworthensis*), 베루코미크로비아에(*Verrucomicrobiae*) 및 베루코미크로비아알레스(*Verrucomicrobiales*).

청구항 9

제8항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 자궁 내막증, 요로 감염 및 효모 감염 중 적어도 하나를 포함하고,

여기서 사용자 마이크로바이옴 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는, 방법: 액티노박테리아(Actinobacteria), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12, 박테로이달레스(Bacteroidales), 박테로이데스(Bacteroides), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22, 박테로이데테스(Bacteroidetes), 박테로이디아(Bacteroidia), 바르네시엘라(*Barnesiella*), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinihominis*), 베타프로테오박테리아(Betaproteobacteria), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(Burkholderiales), 클로스트리디아(Clostridia), 클로스트리디알레스(Clostridiales) 콜린셀라(*Collinsella*), 코리오박테리알레스(Coriobacteriales), 도레아(*Dorea*), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*), 에게르텔라(*Eggerthella*), 아이센베르기엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 플라보박테리알레스(Flavobacteriales), 플라보박테리아(Flavobacteriia), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 락노스피라 펙티노쉬자(*Lachnospira pectinoschiza*), 락토바실라시에(Lactobacillaceae), 메가스페라(*Megasphaera*), 오도리박터(*Odoribacter*), 오실로스피라시에(Oscillospiraceae), 로제부리아(*Roseburia*), 로제부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 루미노코카시에(Ruminococcaceae), 사르시나(*Sarcina*), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variabile*), 슈테렐라시에(Sutterellaceae), 테리스포로박터(*Terrisporobacter*), 아시다미노코카시에(Acidaminococcaceae), 액티노마이세탈레스(Actinomycetales), 아네로코쿠스(*Anaerococcus*), 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 바실리(Bacilli), 박테로이다시에(Bacteroidaceae), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) EBA5-17, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) SLC1-38, 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 비피도박테리아시에(Bifidobacteriaceae), 비피도박테리알레스(Bifidobacteriales), 비피도박테리움(*Bifidobacterium*), 블라우티아(*Blautia* sp.) YHC-4, 부티리시모나스(*Butyricimonas*), 클로스트리디아시에(Clostridiaceae), 콜린셀라 에어로파시엔스(*Collinsella aerofaciens*), 코리오박테리아시에(Coriobacteriaceae), 코리오박테리아(Coriobacteriia), 코리네박테리아시에(Corynebacteriaceae), 코리네박테리알레스(Corynebacteriales), 코리네박테리움(*Corynebacterium*), 도레아 포르미시제네란스(*Dorea formicigenerans*), 아이센베르지엘라(*Eisenbergiella*), 엔테로라브더스(*Enterorhabdus*), 에리시페라토클로스트리디움(*Erysipelatoclostridium*), 에리시페로트리차세(Erysipelotrichaceae), 에리시펠로트리칼레스(Erysipelotrichales), 에리시펠로트리키아(Erysipelotrichia), 피미큐티스(Firmicutes), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 락토바실랄레스(Lactobacillales), 락토바실러스(*Lactobacillus*), 마르브브리안티아(*Marvinbryantia*), 모리엘라(*Moryella*), 네가티비큐테스(Negativicutes), 오도리박터 스플란크니쿠스(*Odoribacter splanchnicus*), 오실로스피라(Oscillospira), 파라박테로이데스(*Parabacteroides*), 파스콜락토박테리움(*Phascolarctobacterium*), 프리보텔라(*Prevotella*), 로세부리아 이눌리니보란스(*Roseburia inulinivorans*), 셀레노모나달레스(Selenomonadales), 서브돌리그라눌룸(*Subdoligranulum*), 슈테렐라 와드워드텐시스(*Sutterella wadsworthensis*), 베일로넬라시에(*Veillonellaceae*), 베루코미크로비아에(Verrucomicrobiae) 및 베루코미크로비알레스(Verrucomicrobiales).

청구항 10

제8항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 생리통 및 다낭성 난소 증후군 중 적어도 하나를 포함하고,

여기서 사용자 마이크로바이옴 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는, 방법: 액티노박테리아(Actinobacteria), 알리스티페스 푸트레디니스(*Alistipes putredinis*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12, 알리스티페스(*Alistipes* sp.) NML05A004, 알파프로테오박테리아(Alphaproteobacteria), 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 바실리(Bacilli), 박테로이다시에(Bacteroidaceae), 박테로이달레스(Bacteroidales), 박테로이데스(Bacteroides), 박테로이데스 카카에(*Bacteroides caccae*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) SLC1-38, 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 박테로이데테스(Bacteroidetes), 박테로이디아(Bacteroidia), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinihominis*), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 블라우티아(*Blautia* sp.)

YHC-4, 블라우티아 스테르코리스(*Blautia stercoris*), 블라우티아 웨슬러레(*Blautia wexlerae*), 부티리시모나스(*Butyricimonas*), 클로스트리디아(*Clostridia*), 클로스트리디아시예(*Clostridiaceae*), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*), 클로스트리디움(*Clostridium*), 콜린셀라(*Collinsella*), 콜린셀라 에어로파시엔스(*Collinsella aerofaciens*), 코리오박테리아시예(*Coriobacteriaceae*), 코리오박테리알레스(*Coriobacteriales*), 코리오박테리아(*Coriobacteriia*), 디엘마(*Dielma*), 도레아 포르미시제네란스(*Dorea formicigenerans*), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*), 에게르텔라(*Eggerthella*), 에게르텔라(*Eggerthella* sp.) HGA1, 아이센베르지엘라(*Eisenbergiella*), 아이센베르지엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*), 페칼리박테리움(*Faecalibacterium*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 피미큐티스(*Firmicutes*), 플라보박테리아시예(*Flavobacteriaceae*), 플라보박테리알레스(*Flavobacteriales*), 플라보박테리아(*Flavobacteriia*), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 라크노스피라 펙티노슈자(*Lachnospira pectinoschiza*), 락토바실라시예(*Lactobacillaceae*), 락토바실랄레스(*Lactobacillales*), 락토바실러스(*Lactobacillus*), 마르빈브리안티아(*Marvinbryantia*), 메가스페라(*Megasphaera*), 모리엘라(*Moryella*), 오도리박터(*Odoribacter*), 오도리박터 스플란크니쿠스(*Odoribacter splanchnicus*), 오실로스피라시예(*Oscillospiraceae*), 파라박테로이데스(*Parabacteroides*), 포르피로모나다시예(*Porphyromonadaceae*), 로도스피릴랄레스(*Rhodospirillales*), 로세부리아 이눌리니보란스(*Roseburia inulinivorans*), 로세부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 루미노코카시예(*Ruminococcaceae*), 사르시나(*Sarcina*), 셀레노모나달레스(*Selenomonadales*), 서브돌리그라눌룸(*Subdoligranulum*), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variable*), 및 테리스포박터(*Terrisporobacter*).

청구항 11

제8항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 클라미디아, 생식기 포진, 생식기 혹 및 임질 중 적어도 하나를 포함하고,

여기서 사용자 마이크로바이옴 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는, 방법: 비피도박테리움(*Bifidobacterium*), 액티노박테리아(*Actinobacteria*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) HGB5, 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 박테로이데스 아시디파시엔스(*Bacteroides acidifaciens*), 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 비피도박테리아시예(*Bifidobacteriaceae*), 비피도박테리알레스(*Bifidobacteriales*), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 라크노스피라 펙티노슈자(*Lachnospira pectinoschiza*), 모리엘라(*Moryella*), 오실로스피라시예(*Oscillospiraceae*), 로세부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variable*), 클로스트리디아(*Clostridia*), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*), 네가티비큐테스(*Negativicutes*), 셀레노모나달레스(*Selenomonadales*), 베일로넬라시예(*Veillonellaceae*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(*Bacteroides caccae*), 박테로이데스 불가투스(*Bacteroides vulgatus*), 빌로필라(*Bilophila*) sp. 4_1_J30, 인테스티니모나스(*Intestinimonas*) 및 프리보텔라시예(*Prevotellaceae*).

청구항 12

제6항에 있어서, 상기 요법은 소비재(*consumable*), 장치-관련 요법, 외과 수술, 심리적-연관 요법 및 행동 변형 요법 중 하나 이상을 포함하고, 여기서 치료적 개입을 용이하게 하는 단계는 사용자와 관련된 컴퓨팅 장치에서 사용자에게 요법을 위한 추천(*recommendation*)을 제공하는 단계를 포함하는 방법.

청구항 13

적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물에 상응하는 미생물 핵산을 포함하는 샘플을 사용자로부터 수집하는 단계;

샘플의 미생물 핵산에 기초하여 사용자와 관련된 미생물 데이터세트를 결정하는 단계;

미생물 데이터세트에 기초하여, 사용자 마이크로바이옴 특징들이 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된, 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계; 및

사용자 마이크로바이옴 특징에 기초하여 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화(characterization)를 결정하는 단계를 포함하는, 미생물과 관련된 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하는 방법.

청구항 14

제13항에 있어서, 미생물 데이터 세트를 결정하는 단계는,

적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 박테리아 표적에 대해 제1 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계; 및

적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 HPV 표적에 대해 제2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 15

제14항에 있어서, 상기 HPV 표적은 HPV 타입 42, 39, 56, 35, 66, 33 및 42 중 적어도 하나를 포함하고, 그리고 여기서 HPV 표적에 대해 제2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계는 제1 HPV-관련 프라이머 및 제2 HPV-관련 프라이머 중 적어도 하나를 이용한 제2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함하고, 여기서 상기 제1 HPV-관련 프라이머는 CGTCCTAAAGGGAATTGATC를 포함하는 제1 프라이머 서열을 포함하고, 제2 HPV-관련 프라이머는 GCACAAGGCCATAATAATGG를 포함하는 제2 프라이머 서열을 포함하는, 방법.

청구항 16

제14항에 있어서, 상기 HPV 표적에 대해 제2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계는

HPV 표적의 L1 단백질과 관련된 프라이머 세트, 및

HPV 표적의 적어도 하나의 서열 영역과 유사한 ATGC 조성을 갖는 알려진 스크램블된(scrambled) 뉴클레오티드 서열을 포함하고 알려진 농도의 합성 dsDNA 스파이크 분자 세트를

를 포함하는 부품(components)의 세트를 이용하여 제2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함하며,

여기서 사용자 마이크로바이옴 특징은 HPV 표적과 합성 dsDNA 스파이크 분자 세트 사이의 시퀀싱 리드(sequencing reads)의 적어도 하나의 비율을 포함하고; 그리고

여기서 상기 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는 상기 HPV 표적과 합성 dsDNA 스파이크 분자 세트 사이의 시퀀싱 리드의 적어도 하나의 비율에 기초하여 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 17

제13항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 박테리아 표적 및 HPV 표적과 관련되고, 상기 미생물 데이터세트를 결정하는 단계는,

미생물 핵산으로부터 유래된 서열 리드(sequence reads)의 제1 세트의 필터링에 기초하여 박테리아 표적과 관련된 가공된(processed) 서열 리드의 제1 세트를 결정하는 단계; 및

미생물 핵산으로부터 유래된 서열 리드의 제2 세트의 필터링에 기초하여 HPV 표적과 관련된 가공된 서열 리드의

제2 세트를 결정하는 단계;

를 포함하며,

상기 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계는 가공된 서열 리드의 제1 및 제2 세트에 기초하여 상기 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 18

제17항에 있어서, 상기 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계는,

박테리아 표적과 관련된 16S rRNA 유전자 서열에 대한 가공된 서열 리드의 제1 세트의 정렬(alignment)에 기초하여 제1 정렬 데이터를 결정하는 단계;

HPV 표적과 관련된 HPV 서열에 대한 가공된 서열 리드의 제2 세트의 정렬에 기초하여 제2 정렬 데이터를 결정하는 단계; 및

제1 및 제2 정렬 데이터에 기초하여 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 19

제13항에 있어서, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건은 HPV 감염 및 박테리아성 질염, 자궁 경부염, 골반 염증성 질환, 특발성 불임, 호기성 질염 및 불임 중 적어도 하나를 포함하고,

상기 사용자 마이크로바이옴 특징은 박테리아 표적의 세트와 관련된 사용자 마이크로바이옴 특징의 제1 서브 세트, 및 HPV 표적의 세트와 관련된 사용자 마이크로바이옴 특징의 제2 서브 세트를 포함하고,

상기 박테리아 표적의 세트는 에어로코쿠스(*Aerococcus*)(속), 에어로코쿠스 크리스텐센니(*Aerococcus christensenii*)(종), 아토포비움(*Atopobium*)(속), 아토포비움 바지네(*Atopobium vaginae*)(종), 클라미디아 트라코마티스(*Chlamydia trachomatis*)(종), 디알리스터 미크라에로필러스(*Dialister microaerophilus*)(종), 푸소박테리움(*Fusobacterium*)(속), 푸소박테리움 뉴클리아툼(*Fusobacterium nucleatum*)(종), 가드네렐라(*Gardnerella*)(속), 가드네렐라 바지날리스(*Gardnerella vaginalis*)(종), 제멜라(*Gemella*)(속), 락토바실러스(*Lactobacillus*)(속), 락토바실러스 이너스(*Lactobacillus iners*)(종), 락토바실러스 젠세니(*Lactobacillus jensenii*)(종), 메가스페라(*Megasphaera*)(속), 모빌룬쿠스(*Mobiluncus*)(속), 모빌룬쿠스 쿠르티시(*Mobiluncus curtisii*)(종), 모빌룬쿠스 물리에리스(*Mobiluncus mulieris*)(종), 미코플라즈마 제니탈리움(*Mycoplasma genitalium*)(종), 나이세리아 고노르호에(*Neisseria gonorrhoeae*)(종), 파필리박터(*Papillibacter*)(속), 파르비모나스(*Parvimonas*)(속), 펩토니필루스(*Peptoniphilus*)(속), 펩토스트렙토코쿠스(*Peptostreptococcus*)(속), 포르피로모나스(*Porphyromonas*)(속), 프리보텔라(*Prevotella*)(속), 프리보텔라 암니(*Prevotella amnii*)(종), 프리보텔라 티모넨시스(*Prevotella timonensis*)(종), 스니치아(*Sneathia*)(속), 스타필로코쿠스 아우레우스(*Staphylococcus aureus*)(종), 스타필로코쿠스 아갈락티에(*Streptococcus agalactiae*)(종), 및 트레포네마 팔리둠(*Treponema pallidum*)(종) 중 적어도 하나를 포함하고, 그리고

상기 HPV 표적의 세트는 HPV 타입(types) 6, 11, 42, 43, 44, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 및 68 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 20

제19항에 있어서, 상기 박테리아 표적의 세트는 액티노마이세스(*Actinomyces*)(속), 알로이오코쿠스(*Alloiococcus*)(속), 아네로코쿠스(*Anaerococcus*)(속), 아네로글로부스(*Anaeroglobus*)(속), 아네로스티페스(*Anaerostipes*)(속), 아네로트룬쿠스(*Anaerotruncus*)(속), 아카노박테리아(*Arcanobacterium*)(속), 아르트로스피라(*Arthrospira*)(속), 박테로이데스(*Bacteroides*)(속), 불레이디아(*Bulleidia*)(속), 캄필로박터(*Campylobacter*)(속), 카테니박테리움(*Catenibacterium*)(속), 코리오박테리아시에(*Coriobacteriaceae*)(과), 코리네박테리움(*Corynebacterium*)(속), 디알리스터(*Dialister*)(속), 에게르텔라(*Eggerthella*)(속), 엔테로코쿠스(*Enterococcus*)(속), 에세리키아(*Escherichia*)(속), 피네골디아(*Fingoldia*)(속), 락토바실라시에

(Lactobacillaceae)(과), 락토바실랄레스(Lactobacillales)(강), 렙토티키아(Leptotrichia)(속), 모리엘라(Moryella)(속), 미코플라즈마(Mycoplasma)(속), 펩토코쿠스(Peptococcus)(속), 포르피로모나다시예(Porphyrimonadaceae)(과), 프리보텔라시예(Prevotellaceae)(과), 슈도모나스(Pseudomonas)(속), 루미노코쿠스(Ruminococcus)(속), 세그닐리파라스(Segniliparas)(속), 시겔라(Shigella)(속), 스타필로코쿠스(스타필로코쿠스)(속), 스트렙토코쿠스(Streptococcus)(속), 트레포네마(Treponema)(속), 우레아플라즈마(Ureaplasma)(속), 베일로넬라(Veillonella)(속), 베일로넬라시예(Veillonellaceae)(과), 에어로코쿠스(Aerococcus spp.)(속), 알고리파구스 아쿠아틸리스(Algoriphagus aquatilis)(종), 아네로코쿠스(Anaerococcus sp.)(속), 아네로코쿠스 테트라디우스(Anaerococcus tetradius)(종), 아네로코쿠스 바지날리스(Anaerococcus vaginalis)(종), 아녹시바실러스 푸시키노엔시스(Anoxybacillus pushchinoensis)(종), 아토포비움(Atopobium spp.)(속), 박테로이데스 프라질리스(Bacteroides fragilis)(종), 박테로이데스(Bacteroides spp.)(속), 비피도박테리움 아니말리스 subsp. 락티스(Bifidobacterium animalis subsp. lactis)(종), 비피도박테리움 덴티움(Bifidobacterium dentium)(종), 비피도박테리움 락티스(Bifidobacterium lactis)(종), 비피도박테리움 롱굼 subsp. 수이스(Bifidobacterium longum subsp. suis)(종), 불레이디아 엑스트룩타(Bulleidia extracta)(종), 버크홀데리아 풍고름(Burkholderia fungorum)(종), 버크홀데리아 페놀리룹트릭스(Burkholderia phenoliruptrix)(종), 칼디셀룰로시롭토르 사카롤리티쿠스(Caldicellulosiruptor saccharolyticus)(종), 캄필로박터(Campylobacter spp.)(속), 캄필로박터 우레올리티쿠스(Campylobacter ureolyticus)(종), 칸디다 알비칸스(Candida albicans)(종), 칸디다 글라브라타(Candida glabrata)(종), 칸디다 크루세이(Candida krusei)(종), 칸디다 루시타니아에(Candida lusitaniae)(종), 칸디다테스 미코플라즈마 지레르디(Candidates Mycoplasma girerdii)(종), 카테니박테리움(Catenibacterium spp.)(속), 콘드로마이세스 로부스투스(Chondromyces robustus)(종), 클로스트리디알레스(Clostridiales) BVAB2(종), 클로스트리디알레스(Clostridiales) BVAB3(종), 클로스트리디움 카벤디시(Clostridium cavendishii)(종), 클로스트리디움 비리데(Clostridium viride)(종), 크리오박테리움 싸이크로필룸(Cryobacterium psychrophilum)(종), 디케이야 크리산테미(Dickeya chrysanthemi)(종), 에게르티아 카테나포르미스(Eggerthia cateniformis)(종), 어위니아 크리산테미(winia chrysanthemi)(종), 에세리키아 콜라이(Escherichia coli)(종), 에세리키아 페르구소니(Escherichia fergusonii)(종), 엑시구오박테리움 아세틸리쿰(Exiguobacterium acetylicum)(종), 푸소박테리움(Fusobacterium spp.)(속), 가르드네렐라(Gardnerella spp.)(속), 제멜라(Gemella sp.)(속), 헤모필러스 두크레이(Haemophilus ducreyi)(종), 클렙시엘라 그라놀로마티스(Klebsiella granulomatis)(종), 라크노스피라시예(Lachnospiraceae) BVAB1(종), 락토바실러스 아시도필러스(Lactobacillus acidophilus)(종), 락토바실러스 브레비스(Lactobacillus brevis)(종), 락토바실러스 카세이(Lactobacillus casei)(종), 락토바실러스 카세이 시로타(Lactobacillus casei Shirota)(종), 락토바실러스 크리스파투스(Lactobacillus crispatus)(종), 락토바실러스 델부룩키(Lactobacillus delbrueckii)(종), 락토바실러스 페르멘툼(Lactobacillus fermentum)(종), 락토바실러스 가세리(Lactobacillus gasserii)(종), 락토바실러스 존소니(Lactobacillus johnsonii)(종), 락토바실러스 케피라노파시엔스(Lactobacillus kefiranofaciens)(종), 락토바실러스 파라카세이(Lactobacillus paracasei) FJ861111.1(종), 락토바실러스 펜토수스 스트레인(Lactobacillus pentosus strain) S-PT84(종), 락토바실러스 플란타룸(Lactobacillus plantarum)(종), 락토바실러스 루테리(Lactobacillus reuteri)(종), 락토바실러스 루테리(Lactobacillus reuteri) RC-14(종), 락토바실러스 람노수스(Lactobacillus rhamnosus)(종), 락토바실러스 람노수스(Lactobacillus rhamnosus) 스트레인(strain) BMX 54(종), 락토바실러스 람노수스(Lactobacillus rhamnosus) GR-1(종), 락토바실러스 살리바리우스(Lactobacillus salivarius)(종), 락토바실러스 바지날리스(Lactobacillus vaginalis)(종), 렙토티키아(Leptotrichia spp.)(속), 마리박터 오리엔탈리스(Maribacter orientalis)(종), 메가스페라 게노모스(Megasphaera genomosp)(종), 메가스페라 마이크로누시포르미스(Megasphaera micronuciformis)(종), 메가스페라(Megasphaera spp.)(속), 마이크로박테리움 할로필룸(Microbacterium halophilum)(종), 무렐라 글리세리니(Moorella glycerini)(종), 미코플라스마 호미니스(Mycoplasma hominis)(종), 미코플라스마 무리스(Mycoplasma muris)(종), 패니클로스트리디움 소르델리(Paeniclostridium sordellii)(종), 파필리박터(Papillibacter spp.)(속), 파라스트렙토마이세스 앵세스수스(Parastreptomyces abscessus)(종), 파르비모나스 미크라(Parvimonas micra)(종), 파르비모나스(Parvimonas spp.)(속), 파스투렐라 물토시다(Pasteurella multocida)(종), 페디오코쿠스 에타놀리두란스(Pediococcus ethanolidurans)(종), 펩토니필루스 하레이(Peptoniphilus harei)(종), 펩토니필루스 인돌리쿠스(Peptoniphilus indolicus)(종), 펩토니필루스(Peptoniphilus spp.)(속), 펩토스트렙토코쿠스 아네로비우스(Peptostreptococcus anaerobius)(종), 펩토스트렙토코쿠스 마실리에(Peptostreptococcus massiliae)(종), 펩토스트렙토코쿠스(Peptostreptococcus spp.)(속), 포르피로모나스 진지발리스(Porphyrimonas gingivalis)(종), 포르피로모나스 레비(Porphyrimonas levii)(종),

포르피로모나스(*Porphyromonas* sp.)(속), 포르피로모나스 우에노니스(*Porphyromonas uenonis*)(종), 프리보텔라 비비아(*Prevotella bivia*)(종), 프리보텔라 디시엔스(*Prevotella disiens*)(종), 프리보텔라 인터메디아(*Prevotella intermedia*)(종), 프리보텔라 오랄리스(*Prevotella oralis*)(종), 프리보텔라 오리시(*Prevotella oris*)(종), 슈도모나스(*Pseudomonas* spp.)(속), 랄스토니아 피케티(*Rpalstonia pickettii*)(종), 루미노코쿠스(*Ruminococcus* spp.)(속), 상귀박터 케디에이(*Sanguibacter keddiei*)(종), 스니치아 암니(*Sneathia amnii*)(종), 스니치아 생귀네겐(*Sneathia sanguinegens*)(종), 스니치아(*Sneathia* spp.)(속), 스타필로코쿠스 물란스(*Staphylococcus mulans*)(종), 스타필로코쿠스 파스퇴리(*Staphylococcus pasteurii*)(종), 스타필로코쿠스 시미에(*Staphylococcus simiae*)(종), 스타필로코쿠스 시물란스(*Staphylococcus simulans*)(종), 스타필로코쿠스(*Staphylococcus* spp.)(속), 스타필로코쿠스 와네리(*Staphylococcus warneri*)(종), 스트렙토코쿠스 안지노수스(*Streptococcus anginosus*)(종), 스트렙토코쿠스 인터메디우스(*Streptococcus intermedius*)(종), 스트렙토코쿠스 피오제네스(*Streptococcus pyogenes*)(종), 스트렙토코쿠스 비리단스(*Streptococcus viridans*)(종), 테르모 시포 아틀란티쿠스(*Thermosiphon atlanticus*)(종), 테르모비르가 리에니(*Thermovirga lienii*)(종), 트리코모나스 바지날리스(*Trichomonas vaginalis*)(종), 트루페렐라 베르나르디에(*Trueperella bernardiae*)(종), 우레아플라즈마 파룸(*Ureaplasma parvum*)(종), 우레아플라즈마 우레알리티쿰(*Ureaplasma urealyticum*)(종), 베일로넬라 몬트펠리에렌시스(*Veillonella montpellierensis*)(종), 베일로넬라 파르볼라(*Veillonella parvula*)(종), 버지 바실러스 프루미(*Virgibacillus proomii*)(종), 및 조벨리아 라미나리에(*Zobellia laminariae*)(종) 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 21

제13항에 있어서, 상기 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건은 클라미디아, 자궁 내막증, 생식기 포진, 생식기 혹, 임질, 생리통(painful periods), 다낭성 난소 증후군, 요로 감염 및 효모 감염 중 적어도 하나를 포함하고,

상기 사용자 마이크로바이옴 특징은 다음 중 적어도 하나와 연관되는, 방법: 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29, 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22, 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12, 액티노박테리아(*Actinobacteria*), 박테로이달레스(*Bacteroidales*), 박테로이데스(*Bacteroides*), 박테로이테테스(*Bacteroidetes*), 박테로이디아(*Bacteroidia*), 바르네시엘라(*Barnesiella*), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinhominis*), 베타프로테오박테리아(*Betaproteobacteria*), 블라우티아 루티(*Blautia luti*), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(*Burkholderiales*), 클로스트리디아(*Clostridia*), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*) 콜린셀라(*Collinsella*), 코리오박테리알레스(*Coriobacteriales*), 도레아(*Dorea*), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*), 에게르텔라(*Eggerthella*), 아이젠베르기엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*), 플라보박테리알레스(*Flavobacteriales*), 플라보박테리아(*Flavobacteriia*), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*), 라크노스피라 펙티노슈자(*Lachnospira pectinoschiza*), 락토바실라시에(*Lactobacillaceae*), 메가스페라(*Megasphaera*), 오도리박터(*Odoribacter*), 오실로스피라시에(*Oscillospiraceae*), 로제부리아(*Roseburia*), 로제부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39, 루미노코카시에(*Ruminococcaceae*), 사르시나(*Sarcina*), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(*Subdoligranulum variabile*), 슈테렐라시에(*Sutterellaceae*), 테리스포로박터(*Terrisporobacter*), 비피도박테리움 알리스티페스(*Bifidobacterium*, *Alistipes* sp.) HGB5, 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA, 박테로이데스 아시디파시엔스(*Bacteroides acidifaciens*), 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*), 비피도박테리아시에(*Bifidobacteriaceae*), 비피도박테리알레스(*Bifidobacteriales*), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*), 푸지카테니박터(*Fusicatenibacter*), 헤스펠리아(*Hespellia*), 모리엘라(*Moryella*), 네가티비큐테스(*Negativicutes*), 셀레노모나달레스(*Selenomonadales*), 베일로넬라시에(*Veillonellaceae*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(*Bacteroides caccae*), 박테로이데스 불가투스(*Bacteroides vulgatus*), 빌로필라(*Bilophila*) sp. 4_1_30, 인테스티니모나스(*Intestinimonas*), 프리보텔라시에(*Prevotellaceae*), 알리스티페스 푸트레디니스(*Alistipes putredinis*), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) NML05A004, 알파프로테오박테리아(*Alphaproteobacteria*), 바실리(*Bacilli*), 박테로이다시에(*Bacteroidaceae*), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) SLC1-38, 블라우티아(*Blautia* sp.) YHC-4, 블라우티아 스테르코리스(*Blautia stercoris*), 블라우티아 웨슬러레(*Blautia wexlerae*), 부티리시모나스(*Butyricimonas*), 클로스트리디아시에(*Clostridiaceae*), 클로스트리디움(*Clostridium*), 콜린셀라 에어로파시엔스(*Collinsella aerofaciens*), 코리오

박테리아시에(Coriobacteriaceae), 코리오박테리아(Coriobacteriia), 디엘마(Dielma), 도레아 포르미시제네란스(Dorea formicigenerans), 에게르텔라(Eggerthella sp.) HGA1, 아이센베르지엘라(Eisenbergiella), 페칼리박테리움(Faecalibacterium), 피미큐티스(Firmicutes), 플라보박테리아시에(Flavobacteriaceae), 락토바실랄레스(Lactobacillales), 락토바실러스(Lactobacillus), 마르빈브리안티아(Marvinbryantia), 오도리박터 스플란크니쿠스(Odoribacter splanchnicus), 파라박테로이데스(Parabacteroides), 포로피로모나다시에(Porphromonadaceae), 로도스피릴랄레스(Rhodospirillales), 로세부리아 이놀리니보란스(Roseburia inulinivorans), 서브돌리그라눌룸(Subdoligranulum), 아시다미노코카시에(Acidaminococcaceae), 액티노마이세탈레스(Actinomycetales), 아네로코쿠스(Anaerococcus), 박테로이데스(Bacteroides sp.) EBA5-17, 코리네박테리아시에(Corynebacteriaceae), 코리네박테리알레스(Corynebacteriales), 코리네박테리움(Corynebacterium), 엔테로라브더스(Enterorhabdus), 에리시페라토클로스트리디움(Erysipelatoclostridium), 에리시페로트리차세(Erysipelotrichaceae), 에리시펠로트리칼레스(Erysipelotrichales), 에리시펠로트리키아(Erysipelotrichia), 오실로스피라시에(Oscillospiraceae), 파스콜락토박테리움(Phascolarctobacterium), 프로테오박테리아(Proteobacteria), 슈테렐라 와드워스텐시스(Sutterella wadsworthensis), 베루코미크로비아에(Verrucomicrobiae) 및 베루코미크로비알레스(Verrucomicrobiales) 중 적어도 하나를 포함하는, 방법.

청구항 22

제21항에 있어서, 상기 샘플은 내장 부위(gut site)와 관련되고, 상기 사용자 마이크로바이옴 특징은 내장 부위와 관련된 부위-특이적 조성 특징을 포함하고, 상기 부위-특이적 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는 것인 방법: 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR20, 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR29, 박테로이데스(Bacteroides sp.) D22, 알리스티페스(Alistipes sp.) EBA6-25c12, 액티노박테리아(Actinobacteria), 박테로이달레스(Bacteroidales), 박테로이데스(Bacteroides), 박테로이데테스(Bacteroidetes), 박테로이디아(Bacteroidia), 바르네시엘라(Barnesiella), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(Barnesiella intestinhominis), 베타프로테오박테리아(Betaproteobacteria), 블라우티아 루티(Blautia luti), 블라우티아(Blautia sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(Burkholderiales), 클로스트리디아(Clostridia), 클로스트리디알레스(Clostridiales) 콜린셀라(Collinsella), 코리오박테리알레스(Coriobacteriales), 도레아(Dorea), 도레아 롱기카테나(Dorea longicatena), 에게르텔라(Eggerthella), 아이센베르기엘라 타이(Eisenbergiella tayi), 페칼리박테리움 프로스니치(Faecalibacterium prausnitzii), 플라보박테리알레스(Flavobacteriales), 플라보박테리아(Flavobacteriia), 푸지카테니박터 사카리보란스(Fusicatenibacter saccharivorans), 라크노스피라 펙티노쉬자(Lachnospira pectinoschiza), 락토바실라시에(Lactobacillaceae), 메가스페라(Megasphaera), 오도리박터(Odoribacter), 오실로스피라시에(Oscillospiraceae), 로세부리아(Roseburia), 로세부리아(Roseburia sp.) 11SE39, 루미노코카시에(Ruminococcaceae), 사르시나(Sarcina), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(Subdoligranulum variabile), 슈테렐라시에(Sutterellaceae), 테리스포로박터(Terrisporobacter), 비피도박테리움 알리스티페스(Bifidobacterium, Alistipes sp.) HGB5, 아네로스티페스(Anaerostipes sp.) 5_1_63FAA, 박테로이데스 아시디파시엔스(Bacteroides acidifaciens), 박테로이데스 테타이오타오미크론(Bacteroides thetaiotaomicron), 비피도박테리아시에(Bifidobacteriaceae), 비피도박테리알레스(Bifidobacteriales), 플라보니프락토르 플라우티(Flavonifractorplautii), 푸지카테니박터(Fusicatenibacter), 헤스펠리아(Hespellia), 모리엘라(Moryella), 네가티비큐테스(Negativicutes), 셀레노모나달레스(Selenomonadales), 베일로넬라시에(Veillonellaceae), 알리스티페스(Alistipes sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(Bacteroides caccae), 박테로이데스 불가투스(Bacteroides vulgatus), 빌로필라(Bilophila) sp. 4_1_30, 인테스티니모나스(Intestinimonas), 프리보텔라시에(Prevotellaceae), 알리스티페스 푸트레디니스(Alistipes putredinis), 알리스티페스(Alistipes sp.) NML05A004, 알파프로테오박테리아(Alphaproteobacteria), 박테로이다시에(Bacteroidaceae), 박테로이데스(Bacteroides sp.) SLC1-38, 블라우티아(Blautia sp.) YHC-4, 블라우티아 스테르코리스(Blautia stercoris), 블라우티아 웨슬러에(Blautia wexlerae), 부트리시모나스(Butyricimonas), 클로스트리디아시에(Clostridiaceae), 클로스트리디움(Clostridium), 콜린셀라 에어로파시엔스(Collinsella aerofaciens), 코리오박테리아시에(Coriobacteriaceae), 코리오박테리아(Coriobacteriia), 디엘마(Dielma), 도레아 포르미시제네란스(Dorea formicigenerans), 에게르텔라(Eggerthella sp.) HGA1, 아이센베르지엘라(Eisenbergiella), 페칼리박테리움(Faecalibacterium), 플라보박테리아시에(Flavobacteriaceae), 락토바실러스(Lactobacillus), 마르빈브리안티아(Marvinbryantia), 오도리박터 스플란크니쿠스(Odoribacter splanchnicus), 파라박테로이데스(Parabacteroides), 로도스피릴랄레스(Rhodospirillales), 로세부리아 이놀리니보란스(Roseburia

inulinivorans), 서브돌리그라눌룸(Subdoligranulum), 아시다미노코카시에(Acidaminococcaceae), 박테로이데스(Bacteroides sp.) EBA5-17, 코리네박테리아시에(Corynebacteriaceae), 코리네박테리알레스(Corynebacteriales), 코리네박테리움(Corynebacterium), 엔테로라브더스(Enterorhabdus), 에리시페라토클로스 트리디움(Erysipelatoclostridium), 에리시페로트리차세(Erysipelotrichaceae), 에리시펠로트리칼레스(Erysipelotrichales), 에리시펠로트리키아(Erysipelotrichia), 퍼미큐티스(Firmicutes), 오실로스피라시에(Oscillospiraceae), 파스콜락토박테리움(Phascolarctobacterium), 프로테오박테리아(Proteobacteria), 슈테렐라 와드워스텐시스(Sutterella wadsworthensis), 베루코미크로비아에(Verrucomicrobiae) 및 베루코미크로비알레스(Verrucomicrobiales).

청구항 23

제21항에 있어서, 상기 샘플이 피부 부위, 생식기 부위, 입 부위 및 코 부위 중 적어도 하나를 포함하는 신체 부위와 관련되고, 여기서 상기 사용자 마이크로바이옴 특징은 신체 부위와 관련된 부위-특이적 조성 특징을 포함하고, 여기서 상기 부위-특이적 조성 특징은 다음 중 적어도 하나와 관련되는 것인 방법: 액티노박테리아(Actinobacteria), 바실리(Bacilli), 퍼미큐티스(Firmicutes), 락토바실라시에(Lactobacillaceae), 락토바실랄레스(Lactobacillales), 락토바실러스(Lactobacillus), 포르피로모나다시에(Porphyrimonadaceae), 박테로이달레스(Bacteroidales), 박테로이디아(Bacteroidia), 액티노마이세탈레스(Actinomycetales), 아네로코쿠스(Anaerococcus), 코리네박테리아시에(Corynebacteriaceae), 코리네박테리알레스(Corynebacteriales) 및 코리네박테리움(Corynebacterium).

발명의 설명

기술 분야

- [0001] 관련 출원에 대한 상호 참조
- [0002] 본 출원은 2017년 8월 28일에 출원된 미국 가출원 시리얼 번호 62/551,155, 2017년 11월 13일에 출원된 미국 가출원 시리얼 번호 62/585,131, 및 2018년 4월 5일에 출원된 미국 가출원 시리얼 번호 62/653,402의 우선권을 주장하며, 이들 출원 각각은 이의 전체가 본원에 참조로 포함된다.
- [0003] 본 출원은 2016년 6월 30일에 출원된 미국 출원 시리얼 번호 15/198,818에 관한 것으로, 이는 2015년 6월 30일에 출원된 미국 가출원 시리얼 번호 62/186,793의 우선권을 주장하며, 이들 출원 각각은 이의 전체가 본원에 참조로 포함된다.
- [0004] 기술분야
- [0005] 본 개시사항은 일반적으로 유전체학 및 미생물학에 관한 것이다.

배경 기술

- [0006] 마이크로바이옴(microbiome)은 유기체와 관련된 커멘설(commensal), 공생(symbiotic), 및 병원성 미생물의 생태 공동체를 포함할 수 있다. 인간의 마이크로바이옴의 특성화는 복잡한 프로세스이다. 인간의 마이크로바이옴은 인간 세포보다 10배를 초과하는 더 많은 미생물 세포를 포함하지만, 인간의 마이크로바이옴의 특성화는 샘플 프로세싱 기술, 유전자 분석 기술 및 대량의 데이터를 프로세싱하기 위한 자원의 한계로 인해 여전히 초기 단계에 있다. 현재의 지식은 여러 건강 컨디션과의 마이크로바이옴 연관 역할의 역할을 명확하게 확립했으며, 인간 질병 발달에 대한 숙주 유전적 및 환경적 요인의 증가적으로 인식된 매개자가 되었다. 마이크로바이옴은 다수의 건강/질병-관련 상태에서 적어도 부분적인 역할을 하는 것으로 의심된다. 또한, 마이크로바이옴은 인간, 식물 및/또는 동물 건강에 대한 환경적 요인의 영향을 매개할 수 있다. 사용자의 건강에 영향을 미치는 마이크로바이옴의 깊은 의미를 고려하면, 마이크로바이옴의 특성화와 관련된 노력, 특성화로부터 통찰력의 생성 및 장내 세균 불균형(dysbiosis)의 상태를 교정하도록 구성된 치료제의 생성이 추구되어야 한다. 그러나, 인간의 마이크로바이옴을 분석하고 그리고/또는 얻은 통찰력에 기초한 치료적 조치를 제공하기 위한 기존의 접근법은 많은 의문에 답하지 못하였다.
- [0007] 자궁 경부암은 여성의 암 관련 사망의 주요 원인 중 하나이며 연간 세계 사망률은 250,000이다. 인체 파필로마 바이러스(human papillomavirus, HPV) DNA는 모든 (> 99 %) 자궁 경부암 시료에서 대부분 검출될 수 있으며,

따라서 HPV는 자궁 경부암의 주요 원인 물질로 간주된다.

[0008] 여성의 건강은 그녀의 일반적인 복지 및 생식 성공에 중요하며, 부분적으로는 마이크로바이옴 조성, 성병 감염 (sexually transmitted infections, STI)과 관련된 병원체의 존재, 및 생식기 혹 또는 자궁 경부암을 유발할 수 있는 인체 파필로마바이러스(HPV) 타입의 존재에 의해 결정된다. 예를 들어, 여성의 질 마이크로바이옴의 조성은 여성의 건강 및 생식 성공에 중요한 역할을 할 수 있다.

[0009] 이와 같이, 미생물학 분야에서, 개별화 및/또는 전체 인구범위에 대한 사용을 위한 것과 같이, 여성 건강과 관련된 하나 이상의 건강 컨디션에서의 특성화, 모니터링, 진단 및/또는 개입을 위한 새롭고 유용한 방법 및/또는 시스템이 필요하다.

발명의 내용

도면의 간단한 설명

- [0010] 도 1a-1c는 방법의 구현의 변형을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 2는 방법 및 시스템의 구현을 포함하며;
- 도 3은 방법의 구현의 변형을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 4는 방법의 구현의 변형을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 5는 기준 상대 풍부도 범위(reference relative abundance ranges)를 나타내는 차트의 특정한 예를 포함하며;
- 도 6은 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 연관된 표적의 특정한 예를 포함하며;
- 도 7a-7d는 건강 기준 상대 풍부도 범위(reference relative abundance ranges)의 특정한 예를 포함하며;
- 도 8은 방법의 구현의 변형에서 증폭을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 9는 방법의 구현의 변형에서 증폭을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 10은 방법의 구현의 변형에서 증폭을 나타내는 플로우차트를 포함하며;
- 도 11은 프라이머의 특정한 예를 포함하며;
- 도 12a-12b는 합성 DNA(sDNA)의 검출 한계의 특정한 예를 포함하며;
- 도 13은 표적에 대한 성능 매트릭스의 특정한 예를 포함하며;
- 도 14는 실행 내 및 실행 간 가변성의 특정한 예를 포함하며;
- 도 15는 실험적 검증의 특정한 예를 포함하며;
- 도 16은 실험적 검증의 특정한 예를 포함하며;
- 도 17은 실험적 검증의 특정한 예를 포함하며;
- 도 18은 실험적 검증의 특정한 예를 포함하며;
- 도 19는 방법의 구현에서 특성화 모델을 생성하는 방법의 변형을 포함하며;
- 도 20은 방법의 구현에서 프로바이오틱-기반 요법 오퍼레이션에 의한 메카니즘의 변형을 포함하며;
- 도 21은 방법의 구현에서 샘플 프로세싱의 변형을 포함하며;
- 도 22는 통지 제공의 예를 포함하며;
- 도 23은 방법의 구현의 변형을 나타내는 개략도를 포함하며;
- 도 24a-24b는 모델로 특성화 프로세스를 수행하는 변형을 포함하며;
- 도 25는 방법의 구현에서 요법을 촉진(promoting)하는 것을 포함하며;
- 도 26a-26f는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화에 기초한 통지의 특정한 예를 포함한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0011] 이하의 구현들의 설명은 구현들을 한정하려는 것이 아니라, 어느 당업자가 만들고 사용할 수 있게 하기 위한 것이다.

[0012] **1. 개요**

[0013] 도 1a-1c에 도시된 바와 같이, 방법(100)(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건을 특성화하기 위한)의 구현은: 사용자의 세트와 관련된 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트, 미생물 서열 데이터세트에 기반한 것과 같은 마이크로바이옴 조성 다양성 데이터세트, 미생물 서열 데이터세트에 기반한 것과 같은 미생물 기능 다양성 데이터세트 등)를 결정하는 단계(예를 들어, 대상자의 세트로부터 샘플에 기반한 미생물 데이터세트를 결정하는 단계)(S110); 및/또는 미생물 데이터세트에 기초하여(예를 들어, 미생물 데이터세트로부터 유래되고 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 마이크로바이옴 조성 특징 및/또는 마이크로바이옴 기능 특징 등에 기초하여), 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 특성화 프로세스를 수행하는 단계(예를 들어, 프리-프로세싱, 특징 결정, 특징 프로세싱, 여성 생식계통-관련 특성화 모델 프로세싱 등)(S130)를 포함할 수 있으며, 여기서 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 추가적으로 또는 대안적으로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대한 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계(S135), 및/또는 하나 이상의 요법을 결정하는 단계(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건의 위험을 감소, 예방, 개선시키고 그리고/또는 그렇지 않으면 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건을 향상시키기 위한 요법을 결정하는 단계 등)(S140)을 포함할 수 있다.

[0014] 상기 방법(100)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 보충 데이터(supplementary data)(예를 들어, 정보; 설명; 표지; 상관성 등)를 프로세싱하는 단계(S120); 사용자(예를 들어, 대상자, 인간, 동물, 환자 등)와 관련된 하나 이상의 생물학적 샘플을 프로세싱하는 단계(S150); 하나 이상의 특성화 프로세스로, 사용자의 생물학적 샘플과 관련된 사용자 미생물 데이터세트(예를 들어, 사용자 미생물 서열 데이터세트; 사용자 마이크로바이옴 조성 데이터세트; 사용자 마이크로바이옴 기능 데이터세트; 사용자 미생물 데이터세트로부터 유래된 사용자 마이크로바이옴 특징(여기서 사용자 마이크로바이옴 특징은 하나 이상의 특성화 프로세스로부터 결정된 마이크로바이옴 특징에 대한 특징 값에 상응할 수 있음) 등)에 기초하여, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계(S160); (예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 요법 모델 등에 기초하여) 사용자에게 대한 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대한 치료적 개입을 용이하게 하는 단계(S170); 시간 경과에 따라 하나 이상의 요법의 효과를 모니터링하거나 및/또는 (예를 들어, 사용자로부터 일련의 생물학적 샘플을 프로세싱하는 것에 기초하여) 사용자에게 대해 다른 적절한 구성 요소들(예를 들어, 마이크로바이옴 특성 등)을 모니터링하는 단계(예를 들어, 시간 경과에 따라 사용자에게 대해, 요법과 관련된 사용자 마이크로바이옴 조성 특징 및/또는 기능 특징과 같은 사용자 마이크로바이옴 특성화를 평가하는 것과 같은)(S180); 미생물 데이터베이스를 프로세싱하는 단계(S185); 검증하는 단계(validating)(S190); 및/또는 어느 다른 적절한 프로세스 중 하나 이상을 포함할 수 있다.

[0015] 특정한 예로, 상기 방법(100)(예를 들어, 미생물과 관련된 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건을 특성화하기 위한, 등)은, 대상자 세트와 관련된 샘플로부터의 미생물 핵산에 기초하여, 대상자 세트(예를 들어, 여성 생식계통-관련 조건을 가진 대상자를 포함함; 여성 생식계통-관련 조건을 갖지 않는 환자를 포함함(여기서 이러한 대상자들과 관련된 샘플 및/또는 데이터는 컨트롤로서 작용할 수 있음) 등)와 관련된 미생물 서열 데이터세트를 결정하는 단계로서, 여기서 샘플은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 적어도 하나의 샘플을 포함하는, 미생물 서열 데이터세트를 결정하는 단계; 대상자 세트에 대해, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 보충 데이터를 수집하는 단계; 미생물 서열 데이터세트에 기초하여, 마이크로바이옴 조성 특징의 세트 및 마이크로바이옴 기능 특징의 세트 중 적어도 하나를 포함하는 마이크로바이옴 특징의 세트를 결정하는 단계; 보충 데이터 및 마이크로바이옴 특징의 세트에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계로서, 여기서 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된, 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계; 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 및 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대해 사용자에게 대한 치료적 개입을 용이하게 하는 단계(facilitating)(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건의 향상을 용이하게 하기 위해 사용자에게 요법을 제공하는 단계 등)를 포함할 수 있다.

- [0016] 특정한 예로, 상기 방법(100)(예를 들어, 미생물과 관련된 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하는 것에 대한 것 등)은(예를 들어, 샘플 키트 제공 및 수집 등을 통해) 사용자로부터 샘플을 수집하는 단계로서, 여기서 샘플은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물에 상응하는 미생물 핵산을 포함하는, 샘플을 수집하는 단계; 샘플의 미생물 핵산에 기초하여(예를 들어, 샘플 제조 및/또는 샘플을 이용한 시퀀싱 등에 기초하여) 사용자와 관련된 미생물 데이터세트를 결정하는 단계; 미생물 데이터세트에 기초하여(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 조성 특징 및 사용자 마이크로바이옴 기능 특징 등 중 적어도 하나를 포함하는) 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계로서, 여기서 사용자 마이크로바이옴 특징은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되는, 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계; 사용자 마이크로바이옴 특징에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 및/또는 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 향상을 용이하게 하기 위해 사용자에게 대한 요법과 관련된 치료적 개입을 용이하게 하는 단계(예를 들어, 사용자에게 요법을 촉진시키는 단계 등)를 포함할 수 있다.
- [0017] 특정한 예에서, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 HPV 감염 및 박테리아성 질염, 자궁 경부염, 골반 염증성 질환, 특발성 불임, 호기성 질염 및 불임 중 적어도 하나를 포함할 수 있고; 마이크로바이옴 조성 특징의 세트는 한 세트의 박테리아 표적과 관련된 마이크로바이옴 조성 특징의 제 1 서브세트, 및 한 세트의 HPV 표적과 관련된 마이크로바이옴 특징의 제 2 서브세트를 포함할 수 있고; 박테리아 표적 세트는 에어로코쿠스(*Aerococcus*)(속), 에어로코쿠스 크리스텐세니(*Aerococcus christensenii*)(종), 아토포비움(*Atopobium*)(속), 아토포비움 바지네(*Atopobium vaginae*)(종), 클라마디아 트라코마티스(*Chlamydia trachomatis*)(종), 디알리스터 미크라에로필러스(*Dialister microaerophilus*)(종), 푸소박테리움(*Fusobacterium*)(속), 푸소박테리움 뉴클리아툼(*Fusobacterium nucleatum*)(종), 가드네렐라(*Gardnerella*)(속), 가드네렐라 바지날리스(*Gardnerella vaginalis*)(종), 제멜라(*Gemella*)(속), 락토바실러스(*Lactobacillus*)(속), 락토바실러스 이너스(*Lactobacillus iners*)(종), 락토바실러스 젠세니(*Lactobacillus jensenii*)(종), 메가스페라(*Megasphaera*)(속), 모빌룬쿠스(*Mobiluncus*)(속), 모빌룬쿠스 쿠르티시(*Mobiluncus curtisii*)(종), 모빌룬쿠스 무리에리스(*Mobiluncus mulieris*)(종), 미코플라즈마 제니탈리움(*Mycoplasma genitalium*)(종), 나이세리아 고노르호에(*Neisseria gonorrhoeae*)(종), 파필리박터(*Papillibacter*)(속), 파르비모나스(*Parvimonas*)(속), 펩토니필루스(*Peptoniphilus*)(속), 펩토스트렙토코쿠스(*Peptostreptococcus*)(속), 포르피로모나스(*Porphyromonas*)(속), 프리보텔라(*Prevotella*)(속), 프리보텔라 암니(*Prevotella amnii*)(종), 프리보텔라 티몬렌시스(*Prevotella timonensis*)(종), 스니치아(*Sneathia*)(속), 스타필로코쿠스 아우레우스(스타필로코쿠스 *aureus*)(종), 스트렙토코쿠스 아갈락티에(*Streptococcus agalactiae*)(종), 및 트레포네마 팔리둠(*Treponema pallidum*)(종) 중 적어도 하나를 포함할 수 있고; HPV 표적 세트는 HPV 타입 6, 11, 42, 43, 44, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 및 68 중 적어도 하나를 포함할 수 있다.
- [0018] 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션 자체를 특성화하는 것, 예컨대 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관적인 및/또는 다르게는 관련된 마이크로바이옴 특징을 결정하는 것; 하나 이상의 사용자에게 대해 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하는 것, 예컨대 하나 이상의 사용자에게 대해 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 경향 메트릭스(propensity metrics)를 결정하는 것, 등) 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 하나 이상의 사용자를 특성화하는(예를 들어, 평가(assess), 평가(evaluate), 진단, 기술하는 등)기능할 수 있다.
- [0019] 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은 다음 중 하나 이상을 조합할 수 있는 여성 건강 분석을 가능하게 하고, 제공하고, 용이하게 하고, 분석하고, 포함하고/하거나 이와 관련된 추가적으로 또는 대안적으로 기능할 수 있다: 자가 샘플링, 시퀀싱(sequencing)-기반 HPV 검출 및 유전자형 분석, 마이크로바이옴 분석(예를 들어, 질 마이크로바이옴 분석 등) 및/또는 STI-관련 병원체 검출. 특정한 예에서, 구현은 14 hrHPV 타입, 5 저-위험 HPV 타입(1rHPV)의 유전자형 및 검출 및/또는 STI에 관여하는 4가지 병원균(예를 들어, 클라마디아 트라코마티스(*Chlamydia trachomatis*), 미코플라즈마 제니탈리움(*Mycoplasma genitalium*), 나이세리아 고노르호에(*Neisseria gonorrhoeae*) 및 트레포네마 팔리둠(*Treponema pallidum*), 이들은 각각 클라마디아, 생식기관(genital tract) 감염, 임질 및 매독 등을 각각 유발할 수 있음), 락토바실러스(*Lactobacillus*), 스니치아(*Sneathia*), 및/또는 가드네렐라(*Gardnerella*)를 포함하는 임상적으로 중요한 32 가지 박테리아 분류군의 상대적 풍부도를 포함하는 분석을 예컨대 높은 감도, 특이성 및 재현성으로 가능하게 하고, 제공하고, 분석을 용이하게 하고, 포함하고/포함하거나 관련될 수 있다. 특정한 예에서, 구현은 HPV가 샘플에 존재하는지 여부를 검출할 수 있을뿐만 아니라 자궁 경부암 병변에 가장 널리 사용되는 hrHPV 타입(예를 들어, 16 및 18)을 포함하는

것과 같은 시퀀싱 분석을 사용하여 하나 이상의 특정 타입의 HPV의 존재를 식별할 수 있고, 추가적으로 또는 대안적으로, 광범위한 프라이머를 적용하는 것과 같은 추가의 hrHPV 타입 (예를 들어, 12 개 이상의 추가적인 타입)을 검출할 수 있는, 여성 건강 분석을 가능하게 하고, 제공하고, 분석을 용이하게 하고, 포함하고/포함하거나 관련될 수 있다. 이러한 HPV 적용 범위는 새로 도입된 HPV 백신의 세팅에 변화를 줄 수 있는 hrHPV 타입의 발병률(prevalences) 변화를 설명할 수 있다. 특정한 예에서, 여성 건강 분석은 샘플 (예를 들어, 질 샘플)에서 공생균 및 병원성 박테리아 (및/또는 여성 건강과 관련된 어느 적절한 미생물)의 상대적 풍부도를 추가적으로 또는 대안적으로 검출 및 보고할 수 있다.

[0020] 추가적으로 또는 대안적으로, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은 바이오마커로서 사용하기 위한 것과 같이(예를 들어, 진단 프로세스용, 치료 프로세스 용 등), 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징 및/또는 다른 적절한 데이터(예를 들어, 이와 긍정적으로 상관적인, 부정적으로 상관적인 것 등)를 식별하도록 기능할 수 있다. 예로서, 여성 생식계통-관련 특성화는 마이크로바이옴 조성(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 다양성 등), 마이크로바이옴 기능(예를 들어, 마이크로바이옴 기능적 다양성 등), 및/또는 다른 적절한 마이크로바이옴-관련 건지 중 적어도 하나 이상과 관련될 수 있다. 예로서, 미생물 특징(예를 들어, 조성 설명, 기능, 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 나타내는 대상자 등에 대한 것과 같이, 사용자의 마이크로바이옴에 존재하는 미생물의 상대적 풍부도와 관련된 것과 같은 인식가능한 패턴의 다양성) 및/또는 미생물 데이터세트(예를 들어, 이로부터 마이크로바이옴 특징이 유래될 수 있는 것 등)가 바이오인포매틱스 파이프라인, 분석 기술, 및/또는 본원에 기술된 다른 적절한 접근법을 사용하는 것에 의한 것과 같이, 특성화(예를 들어, 진단, 위험 평가 등), 치료적 개입 용이화(facilitation), 모니터링, 및/또는 다른 적절한 목적을 위해 사용될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은, 사용자를 특성화하고(예를 들어, 진단; 관련된 정보 제공 등) 및/또는 치료하는 맥락에서와 같이, (예를 들어, 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션들 사이의 상관성, 공분산(covariance), 동반질병(comorbidity), 및/또는 다른 적절한 관련성과 같이, 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화 프로세스를 수행하는 것과 같이) 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 교차-컨디션 분석을 수행하도록 기능할 수 있다.

[0021] 추가적으로 또는 대안적으로, 구현은 관련 요법의 촉진을 통해서와 같이(예를 들어, 내장 부위, 피부 부위, 코 부위, 입 부위, 생식기 부위, 다른 적절한 신체 부위와 같은 특정 신체 부위, 다른 수집 부위; 요법 모델에 의해 결정되는 요법 등과 관련되어), 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 치료적 개입(예를 들어, 요법 선택; 요법 촉진 및/또는 제공; 요법 모니터링; 요법 평가 등)을 용이하게 하도록 기능할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 구현은 (예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징; 임상 진단으로서, 동반 진단(companion diagnostic) 등으로서) 사용자의 마이크로바이옴에 기초하여 사용자를 특성화하고 그리고/또는 진단하는 데 사용될 수 있으며, 그리고/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 대상자를 위한 요법을 선택 및/또는 제공하는 데 사용될 수 있는 모델과 같은 (예를 들어, 표현형 예측을 위한 것과 같은 여성 생식계통-관련 특성화; 요법 결정을 위한 것과 같은 요법 모델; 특징 프로세스를 위한 것과 같은 기계 학습 모델 등과 같이) 모델을 생성하도록 기능할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 구현은 본원에 기술된 어느 적절한 기능성을 수행할 수 있다.

[0022] 이와 같이, 사용자의 집단(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 대상자의 집단; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 긍정적 또는 부정적으로 상관된 대상자의 집단 등)으로부터의 데이터는, 미생물-관련 건강 상태 및/또는 향상 영역을 나타내기 위한 것과 같이, 후속의 사용자를 특성화하기 위해, 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 것과 같이, 치료적 개입을 용이하게 하기 위해(예를 들어, 하나 이상의 요법의 촉진; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 향상된 건강 상태와 상관된 상태와 같은, 하나 이상의 원하는 평형 상태의 세트를 향한 사용자의 마이크로바이옴의 조성 및/또는 기능적 다양성의 조절을 용이하게 하는 것) 사용될 수 있다. 상기 방법(100)의 변형은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 것과 같이, 시간 경과에 따라 프로세싱 보충 데이터에 추가적으로 또는 대안적으로, 시간 경과에 따라 (예를 들어, 요법 레지멘(regimen)의 코스 동안, 여성 생식계통-관련 컨디션을 가진 사용자의 경험의 정도 등을 통해), 신체 부위를 가로질러(예를 들어, 내장 부위, 입 부위, 코 부위, 피부 부위, 생식기 부위 등과 같은 특정 신체 부위 타입에 상응하는 수집 부위와 같은, 사용자의 샘플 수집 부위를 가로질러) 사용자로부터 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 이용하여) 추가적인 샘플의 수집 및 분석과 같이, 사용자에게 제공되는 요법의 선택, 모니터링(예를 들어, 효능 모니터링 등) 및/또는 조절을 더욱 용이하게 할 수 있다. 그러나, 집단, 서브그룹, 개체, 및/또는 다른 적절한 엔티티(entities)로부터의 데이터가 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 적절한 부분에 의해 어느 적절한 목적을 위해 사용될 수 있다.

- [0023] 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은 바람직하게 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 위한 특성화 및/또는 요법을 결정하고 그리고/또는 촉진(예를 들어, 관련된 것을 제공; 제시; 통지 등)할 수 있으며, 그리고/또는 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 적절한 부분은 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 수행될 수 있다. 특정한 예에서, 도 26a-26f에 도시된 바와 같이, 하나 이상의 특성화에 기초한 통지가 하나 이상의 사용자에게 제공될 수 있다.
- [0024] 여성 생식계통-관련 컨디션은 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: HPV 감염, 자궁 경부암, 매독, 편평 상피내 병변 (고급 및 저급), 자궁 경부염, 골반염 질환, 박테리아성 질염, 호기성 질염, 특발성 불임, 클라미디아, 자궁 내막증, 생식기 포진, 생식기 흑, 임질, 고통스러운 시기, 다낭성 난소 증후군, 요로 감염, STI, 여성 건강 관련 컨디션 및/또는 여성 생식계 및/또는 여성 건강과 관련된 어느 적절한 컨디션.
- [0025] 추가적으로 또는 대안적으로, 여성 생식계통-관련 컨디션은 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 질병, 증상, 원인(예를 들어, 트리거 등), 관련 심각도, 행동(예를 들어, 신체 활동 행동; 알코올 소비; 흡연 행동; 스트레스-관련 특성; 다른 심리적 특성; 질환; 사회적 행동; 카페인 소비; 알코올 소비; 수면 습관; 기타 습관; 섬유질 섭취, 과일 섭취, 야채 섭취와 같은 다이어트-관련 행동; 명상 및/또는 다른 이완 행동; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 라이프스타일 컨디션; 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 진단 및/또는 치료적 개입을 알리고, 관련시키거나, 지시하거나, 촉진시키거나 그리고/또는 이와 관련된 다른 라이프스타일 컨디션; 여성 생식계 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션에 영향을 미치거나 그리고/또는 이와 관련된 행동 등), 환경적 요인, 인구통계-관련 특성(예를 들어, 나이, 체중, 인종, 성별 등), 표현형(예를 들어, 인간, 동물, 식물, 균체(fungi body)에 대해 측정 가능한 표현형; 여성 생식계 및/또는 기타 관련 견지와 관련된 표현형 등), 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 어느 다른 적절한 견지. 예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션은 정상적인 신체적, 정신적, 사회적 및/또는 정서적 기능을 방해할 수 있다.
- [0026] 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은, 여성 생식계통-관련 특성화, 치료적 개입의 용이화 및/또는 다른 적절한 목적을 위해, 사용자로부터, 하나 이상의 샘플 수집 프로세스 및/또는 하나 이상의 생물학적 샘플(예를 들어, 하나 이상의 수집 부위를 가로질러 수집된 것과 같은)을 프로세싱하기 위한 특성화 프로세스를 적용하는 것과 관련된 것과 같이, 단일 사용자에게 구현될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 구현은 대상자의 집단에 대해 실시될 수 있으며(예를 들어, 사용자 포함, 사용자 제외), 여기서 대상자의 집단은 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션, 인구통계 특성, 행동, 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능 등과 관련하여) 어느 적절한 타입의 특성에 대해 어느 다른 대상자와 유사하거나 그리고/또는 유사하지 않은 대상자를 포함할 수 있으며; 사용자의 서브 그룹에 대해 실시될 수 있으며(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 요법 결정에 영향을 미치는 특성과 같은 특성을 공유하는 것 등); 식물, 동물, 미생물 및/또는 다른 적절한 엔티티를 위해 실시될 수 있다. 따라서, 대상자 세트(예를 들어, 대상자의 집단, 대상자 세트, 사용자의 서브그룹 등)로부터 유래된 정보는 후속 사용자에게 추가적인 통찰력을 제공하기 위해 사용될 수 있다. 변형으로, 생물학적 샘플의 집계 집합은 바람직하게, 상이한 인구통계 특성(예를 들어, 성별, 나이, 결혼 상태, 인종, 국적, 사회경제적 상태, 성적 취향 등), 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 건강 및 질병 상태; 상이한 유전 성향 등), 상이한 생활 상황(예를 들어, 독거, 애완 동물과 함께 사는 것, 중요한 다른 사람과 함께 사는 것, 아이들과 함께 사는 것 등), 상이한 식습관(예를 들어, 잡식성, 채식주의자, 완전 채식주의자, 설당 소비, 산 소비, 카페인 소비 등), 상이한 행동 경향(예를 들어, 신체 활동 수준, 약물 사용, 알코올 사용, 등), 상이한 수준의 이동성(예를 들어, 주어진 시간 내에 이동한 거리와 관련됨) 및/또는 어느 다른 적합한 특성(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능에 영향을 미치는 특성, 이와 상관 관계가 있는 특성 및/또는 기타 이와 관련된 특성 등) 중 하나 이상의 대상자를 포함하는 것과 같이, 광범위하게 다양한 대상자들과 관련되고 프로세싱된다. 예로서, 대상자의 수가 증가함에 따라, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 일부에서 실시된 프로세스의 예측력은, (예를 들어, 사용자에게 대한 샘플에 대한 상이한 수집 부위와 관련하여) 이들의 마이크로바이옴에 기초하여, 예를 들어, 후속 사용자를 특성화하는 것과 관련하여(예를 들어, 특성이 변하는 등) 증가할 수 있다. 그러나, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 일부는 어느 적절한 엔티티 또는 엔티티들에 대해 어느 적절한 방식으로 수행 및/또는 구성될 수 있다.
- [0027] 변형으로, 방법(100)의 구현의 일부는 어느 적절한 순서로 반복적으로 수행될 수 있으며 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 적절한 구성 요소는, 예컨대 방법(100)의 구현의 어느 적절한 부분 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 적절한 구성 요소를 개선하도록 반복적으로 적용될 수 있다. 예로서, 방법(100)의 구현의 일부는 하나 이상의 미생물 데이터베이스의 개량(refine)(예를 들어, 예컨대 시간 경과에 대하여, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 및/또는 치료 개개 과정에서 대상자로부터 수집된 샘플과 같은 추가적인 샘플을 수집 및 분석함으

로써 다른 분류군 및/또는 조건과 관련된 새로운 마커를 식별하는 것을 통한 분류학적 데이터의 개선 등); 특성화 프로세스의 개량(예를 들어, 임상적으로 관련된 결과를 식별하기 위해 표적의 사용자 상대적 상대 풍부도를 비교하기 위해 사용된 기준 풍부도의 업데이트를 통해; 특성화 모델의 생성 및 업데이트를 통해; 단일 생물학적 샘플을 사용하여 특성화될 수 있는 조건의 수를 증가시킴으로써 등); 요법 프로세스(예를 들어, 시간 경과에 따라 특성화 프로세스를 반복적으로 수행하는 것과 같이 시간 경과에 따라 요법으로 마이크로바이옴 조성을 모니터링 및 조절하는 것(여기서 요법은 민감도, 특이성, 정밀도 및 음성 예측값을 갖는 특성화 결과에 기초하여 선택될 수 있다); 등) 및/또는 다른 적절한 프로세스 가능하도록 반복적으로 수행될 수 있다.

[0028] 본원에 기술된 데이터(예를 들어, 마이크로바이옴 특징, 미생물 데이터세트, 모델, 여성 생식계통-관련 특성화, 보충 데이터, 통지 등)는 어느 적절한 시간적 지표(예를 들어, 초, 분, 시간, 일, 주 등)와 관련될 수 있으며, 이는 다음 중 하나 이상을 포함한다: 데이터가 수집된(예를 들어, 샘플이 수집된 시기를 나타내는 시간적 지표 등), 결정된, 전송된, 수신된, 및/또는 그렇지 않으면 다르게 프로세싱된 시기를 나타내는 시간적 지표; 데이터에 의해 기술된 콘텐츠에 컨텍스트를 제공하는 시간적 지표(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화가 특정 시간에서의 여성 생식계통-관련 조건 및/또는 사용자 마이크로바이옴 상태를 설명하는 것과 같이, 여성 생식계통-관련 특성화와 관련된 시간적 지표 등); 시간적 지표의 변화(예를 들어, 요법을 받는 것에 대한 반응과 같은 시간 경과에 따른 여성 생식계통-관련 특성화의 변화; 샘플 수집, 샘플 분석, 여성 생식계통-관련 특성화 또는 사용자에게 요법의 제공, 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분의 지연 등); 및/또는 시간과 관련된 다른 적절한 지표.

[0029] 추가적으로 또는 대안적으로, 파라미터, 매트릭스, 입력, 출력 및/또는 다른 적합한 데이터는 점수(예를 들어, 여성 생식계통-관련 조건 성향 점수; 특징 관련성 점수; 상관 점수, 공분산 점수, 마이크로바이옴 다양성 점수, 심각도 점수 등), 개별 값(예를 들어, 상이한 수집 부위에 대한 조건 성향 점수와 같은 개별 여성 생식계통-관련 조건 점수 등), 집계 값(예를 들어, 상이한 수집 부위에 대한 개별 미생물-관련 점수에 기초한 전체 점수 등), 이진 값(binary values)(예를 들어, 마이크로바이옴 특징의 존재 또는 부재; 여성 생식계통-관련 조건의 존재 또는 부재 등), 상대 값(예를 들어, 상대 분류학적 그룹 풍부, 상대 마이크로바이옴 기능 풍부, 상대 특징 풍부 등), 분류(예를 들어, 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 조건 분류 및/또는 진단; 특징 분류; 행동 분류; 인구통계 특성 분류 등), 신뢰 수준(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트; 마이크로바이옴 다양성 점수; 다른 여성 생식계통-관련 특성화; 다른 출력과 관련된 것 등), 식별자(identifiers), 스펙트럼에 따른 값 및/또는 어느 다른 적합한 타입의 값을 포함하는 값 타입과 관련될 수 있다. 본원에 기술된 어느 적절한 타입의 데이터는 (예를 들어, 본원에 기술된 상이한 분석 기술, 모델 및/또는 다른 적합한 구성 요소에 대한) 입력으로서 사용될 수 있고, (예를 들어, 상이한 분석 기술, 모델 등의) 출력으로서 생성될 수 있고, 그리고/또는 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)과 관련된 어느 적절한 구성 요소에 대해 어느 적절한 방식으로 조작될 수 있다.

[0030] 본원에 기술된 방법(100) 및/또는 프로세스의 구현의 하나 이상의 인스턴스(instances) 및/또는 일부는, 트리거 이벤트(trigger event)(예를 들어, 상기 방법(100)의 일부의 수행)에 대한, 시간적 관계에서(예를 들어, 실질적으로 동시에, 이에 반응하여, 순차적으로, 이전에, 후속적으로 등), 비동기적으로(asynchronously)(예를 들어, 순차적으로), 동시에(예를 들어, 병렬 데이터 프로세싱; 동시 교차-조건 분석; 예를 들어 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 표적 서열에 상응하는 미생물 핵산 단편의 멀티플렉스 증폭과 같은, 멀티플렉스 샘플 프로세싱; 여성 생식계통-관련 조건의 패널을 실질적으로 동시에 평가하기 위한 샘플 프로세싱 및 분석 수행; 미생물 데이터세트, 마이크로바이옴 특징을 컴퓨터로 결정하고, 그리고/또는 복수의 사용자에게 대해 병렬로 여성 생식계통-관련 조건을 특성화하는 것; 예를 들어, 시스템 프로세싱 능력을 향상시키기 위해 병렬적 컴퓨팅을 위한 상이한 스레드(threads) 상에서 동시에 하는 것과 같이), 그리고/또는 상기 시스템(200)의 하나 이상의 인스턴스, 구성 요소, 및/또는 본원에 기술된 엔티티를 이용함으로써 그리고/또는 이용하여 어느 적절한 시간 및 빈도로 어느 다른 적절한 순서로, 수행될 수 있다. 일 예로, 상기 방법(100)은 샘플 취급 시스템의 차세대 시퀀싱 플랫폼 (및/또는 다른 적합한 시퀀싱 시스템)의 브릿지 증폭 기질로 하나 이상의 생물학적 샘플의 미생물 핵산을 프로세싱하는 것에 기초하여 미생물 데이터세트를 생성하는 단계, 및 차세대 시퀀싱 플랫폼과 소통하도록 작동가능한 컴퓨팅 디바이스에서의 마이크로바이옴 특징 및 마이크로바이옴 기능 다양성 특징을 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 그러나, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)은 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0031] **2. 실시예**

[0032] 마이크로바이옴 분석은 (예를 들어, 상기 방법(100)의 구현의 일부 등에 따라) 미생물에 의해 야기되는, 상관된 및/또는 그렇지 않다면 미생물과 관련된 여성 생식계통-관련 조건에 대한 정확하고 그리고/또는 효율적인 특성화 및/또는 요법 제공을 가능하게 할 수 있다. 상기 기술의 특정한 예는 여성 생식계통-관련 조건을 특성화

및/또는 치료적 개입을 촉진하는 데 있어서 기존의 접근법에 의해 직면하는 여러 가지 어려움을 극복할 수 있다. 첫째, 기존의 접근법은 환자가 한 명 이상의 케어 제공자를 방문하여 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화 및/또는 요법 권장을 받아야 하며(예를 들어, 클리닉(in-clinic) 자궁 경부암 스크리닝과 같은 진단 의학 절차를 통해), 이는 진단 및/또는 치료 전에 경과한 시간의 양, 건강 보살핌 질의 불일치, 및/또는 케어 제공자 방문의 다른 견지와 관련된 비효율성 및/또는 건강-위험에 이르게 할 수 있다. 둘째, 인간 게놈 시퀀싱을 위한 기존의 유전자 시퀀싱 및 분석 기술은 마이크로바이옴에 적용될 때 캠페터블하지 않거나 및/또는 비효율적일 수 있다(예를 들어, 인간 마이크로바이옴은 인간의 세포보다 10배 이상의 미생물 세포를 포함할 수 있고; 실행가능한 분석 기술 및 상기 분석 기술을 활용하는 수단은 상이할 수 있고; 증폭 바이어스 감소와 같은 최적 샘플 프로세싱 기법이 다를 수 있고; 여성 생식계통-관련 특성에 대한 다른 접근법이 사용될 수 있고; 컨디션의 타입과 상관 관계가 다를 수 있고; 관련 컨디션의 원인 및/또는 관련 컨디션에 대한 실행가능한 요법이 다를 수 있고; 서열 기준 데이터베이스(sequence reference databases)가 다를 수 있고; 마이크로바이옴은 다른 수집 부위와 같이 사용자의 다른 신체 영역에 걸쳐 변할 수 있는 등). 셋째, 시퀀싱 기술(예를 들어, 차세대 시퀀싱, 관련된 기술 등)의 시작은 존재하지도 않은 기술적인 문제들(예를 들어, 생성된 서열 데이터의 과잉에 대한 데이터 프로세싱 및 분석 문제; 멀티플렉스 방식에서 다수의 생물학적 샘플 프로세싱에 대한 문제, 정보 표시 문제; 요법 예측 문제; 요법 제공 문제, 등)을 야기시켰지만, 유전 물질의 시퀀싱과 관련된 속도 및 데이터 생성에서 전혀 없는 진보를 가져왔다. 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 특정한 예들은 적어도 위에 기술한 어려움에 대해 기술적으로-뿌리내린 해결책을 제공할 수 있다.

[0033] 첫째, 기술의 구체적인 예는 자가 샘플링, 시퀀싱-기반 HPV 검출 및 유전자형 분석, 미생물 분석 (예를 들어, 질 미생물 분석 등) 및 STI-관련 병원균 검출을 조합한, 여성 건강 분석을 포함할 수 있으며, 이는 종합적인 여성 건강 스크리닝(screening)(예를 들어, 질 마이크로바이옴 시퀀싱 등)을 가능하게 할 수 있다. 특정한 예로, 여성들에게 질 검체를 스스로 수집할 기회를 제공하는 것은 스크린되는 여성에 대한 장벽을 낮추어 참여율을 높일 수 있다. 특정한 예로, 여성 건강 분석은 정기 스크리닝 프로그램을 보완할 수 있는 것으로 예를 들어, 방법(100)의 구현의 일부 및/또는 시스템(200)의 구현의 구성 요소는 여성 건강 분석의 결과를 활용하여 의사 검사를 추천할 수 있고, 예를 들어, 특성화가 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 긍정적인 결과를 포함할 수 있는 경우에, 이는 자궁 경부암 및/또는 다른 적합한 여성 생식계통-관련 컨디션의 검출 비율(rates)에 긍정적으로 영향을 미치고 잠재적으로 생명을 구할 수 있다. 특정한 예로, 특성화 및/또는 다른 적절한 데이터는 케어 제공자(care provider)가 진단, 치료 및/또는 다르게는 건강 관리를 제공하는 것을 돕기 위해 사용될 수 있다.

[0034] 둘째, 상기 기술의 특정 예는 엔티티(entities)(예를 들어, 사용자, 생물학적 샘플, 의료기기를 포함하는 요법 용이화 시스템 등)를 상이한 상태(states) 또는 사물로 변형시킬 수 있다. 예를 들어, 상기 기술은 생물학적 샘플을 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련하여(예를 들어, 차세대 시퀀싱 시스템, 멀티플렉스 증폭 수행의 사용 등을 통해), 사용자를 특성화하는 데 사용할 수 있는 미생물 데이터세트 및/또는 마이크로바이옴 특징을 생성하기 위해 시퀀싱되고 분석될 수 있는 구성 요소로 변형시킬 수 있다. 또 다른 예에서, 상기 기술은 요법(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여 개인맞춤화된 요법 등)을 식별, 단념 및/또는 촉진(예를 들어, 제시, 권장, 제공, 투여 등)할 수 있으며, 그리고/또는 그렇지 않으면 치료적 개입을 용이하게 할 수 있으며(예를 들어, 사용자의 마이크로바이옴 조성, 마이크로바이옴 기능성 등의 변형을 용이하게 함), 이는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 예방 및/또는 개선할 수 있고, 이에 의해 상기 마이크로바이옴 및/또는 상기 환자의 건강을 변형(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 건강 상태 향상 등)시키고, 하나 이상의 마이크로바이옴 특징을 적용(예를 들어, 마이크로바이옴 특징과 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 사이의 상관성, 관련성, 및/또는 다른 적절한 연관성을 적용하는 것)하는 것 등이 가능하다. 또 다른 예로, 상기 기술은 내장, 코, 피부, 입, 및/또는 생식기(예를 들어, 질 등) 마이크로바이옴과 관련된 미생물을 표적하고 그리고/또는 변형시키는 것과 같이(예를 들어, 하나 이상의 부위-특이적 요법과 관련된 치료적 개입을 용이하게 하는 것 등에 의해), 사용자의 하나 이상의 상이한 신체 부위에서(예를 들어, 하나 이상의 상이한 수집 부위; 질; 여성 생식계 신체 부위; 등) 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능을 변형시킬 수 있다. 또 다른 예에서, 상기 기술은 (예를 들어, 실행할 요법 용이화 시스템에 대한 제어 명령을 생성하는 등에 의해) 요법을 용이하게 하기 위한 요법 용이화 시스템(예를 들어, 다이어트 시스템; 자동화 의약 디스펜서; 행동 조절 시스템; 진단 시스템; 질병 요법 용이화 시스템 등)을 제어할 수 있고, 이에 의해, 상기 요법 용이화 시스템을 변형시킬 수 있다.

[0035] 둘째, 상기 기술의 특정한 예는 이전에 실행할 수 없었던 기능의 컴퓨터 성능을 용이하게 하는 것에 의한 것과 같이, 컴퓨터-관련 기술(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 미생물-관련 데이터의 저장, 검색 및/또는 프로세싱에 있어서 컴퓨터 효율의 향상; 생물학적 샘플 프로세싱과 관련된 컴퓨터 프로세싱 등)의 향상을 도

모할 수 있다. 예를 들어, 상기 기술은 여성 생식계통-관련 특성화를 향상시키고 그리고/또는 여성 생식계통-관련 조건에 대한 치료적 개입을 용이하게 하기 위해(예를 들어, 샘플 프로세싱 기법 및 시퀀싱 기술의 진보 등에 기인하여, 최근에 생성되고 그리고/또는 실행가능하게 된), 논-제네릭 미생물 데이터세트 및/또는 마이크로바이옴 특징에 대해 논-제네릭 방식으로 분석 기술 세트를 적용할 수 있다.

[0036]

셋째, 상기 기술의 특징 예는 프로세싱 속도, 여성 생식계통-관련 특성화, 정확도, 마이크로바이옴-관련 요법 결정 및 촉진, 및/또는 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 다른 적절한 견지에서 향상될 수 있다. 예를 들어, 상기 기술은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대한 특정 관련성의 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 프로세싱된 마이크로바이옴 특징; 다수의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 교차-조건 마이크로바이옴 특징 등)을 결정, 선택 및/또는 그렇지 않으면 프로세싱하기 위해 논-제네릭 미생물 데이터세트를 활용할 수 있으며, 이는 정확도의 개선(예를 들어, 가장 관련된 마이크로바이옴 특징을 사용함으로써; 맞춤형 분석 기술을 사용함으로써 등); 프로세싱 속도의 개선(예를 들어, 관련 마이크로바이옴 특징의 서브세트를 선택함으로써; 차원수(dimensionality) 감소 기술을 수행함으로써; 맞춤형 분석 기술을 사용함으로써 등), 및/또는 표현형 예측(예를 들어, 여성 생식계통-관련 조건의 표시 등), 다른 적절한 특성화, 치료적 개입 용이화, 및/또는 다른 적절한 목적과 관련된 다른 컴퓨터적인 개선을 용이하게 할 수 있다. 특정한 예로, 상기 기술은 특성화 및/또는 요법(예를 들어, 모델 등을 통해)을 생성, 적용 및/또는 다르게는 용이하게 하기 위해 방대하고 잠재적인(예를 들어, 서열 데이터와 같은 방대한 마이크로바이옴 데이터로부터 추출가능한; 일변수 통계학적 테스트에 의해 식별가능한 등) 특징들의 풀(pool of features)에서 특징들(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 마이크로바이옴 기능적 특징들; 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 분류군의 건강, 존재, 부재 및/또는 다른 적절한 범위를 나타내는 기준 상대적 풍부도 특징들(reference relative abundance features)과 같은 마이크로바이옴 조성 다양성 특징들; 여성 생식계통-관련 조건 및/또는 요법 반응과 상관된 기준 상대적 풍부도 특징들과 비교될 수 있는 사용자 상대적 풍부도 특징들(user relative abundance features); 등)의 최적화된 서브세트를 선택하기 위한 특징-선택 규칙들(feature-selection rules)(예를 들어, 조성, 기능에 대한; 보충 데이터세트로부터 추출된 보충 특징들에 대한 마이크로바이옴 특징-선택 규칙 등)을 적용할 수 있다. 마이크로바이옴(예를 들어, 인간 마이크로바이옴, 동물 마이크로바이옴, 등)의 잠재적인 크기는 과도한 데이터로 번역될 수 있고, 이는 여성 생식계통-관련 조건과 관련하여 실행가능한 마이크로바이옴 통찰력을 얻기 위해 방대한 데이터의 어레이(array)를 프로세싱하고 분석하는 방법에 대한 의문을 제기한다. 그러나, 상기 특징-선택 규칙들 및/또는 다른 적절한 컴퓨터-실행가능 규칙들은 다음 중 하나 이상을 가능하게 할 수 있다: 보다 짧은 생성 및 실행 시간(예를 들어, 모델을 생성 및/또는 적용하기 위한; 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 연관 요법을 결정하기 위한; 등); 최적화된 샘플 프로세싱 기술(예를 들어, 특이성을 개선하고, 증폭 바이어스(bias), 및/또는 다른 적절한 파라미터를 감소시키기 위해 최적화하면서, 프라이머 타입을 사용함으로써 얻어지는 생물학적 샘플로부터의 미생물 핵산, 다른 생체분자, 및/또는 분류군, 서열, 및/또는 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 다른 적절한 데이터의 변형을 개선시키는 것 등); 모델의 단순화를 통해 결과의 효율적인 해석, 과다적합(overfitting)의 감소; 여성 생식계통-관련 조건과 관련되어 시간 경과에 따른 다수의 사용자에 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 생성, 저장, 및 적용하는 것과 관련된 네트워크 효과(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화의 예측력 및/또는 요법 결정을 개선하기 위해 증가하는 사용자 수와 관련된 증가하는 마이크로바이옴-관련 데이터의 양의 수집 및 프로세싱을 통해); 데이터 저장 및 검색 개선(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델의 저장 및/또는 검색; 상이한 여성 생식계통-관련-조건을 갖는, 상이한 사용자 및/또는 사용자 세트와 관련된 것과 같은 특정 모델의 저장; 사용자 어카운트와 관련된 미생물 데이터세트의 저장; 하나 이상의 요법 및/또는 상기 요법을 받는 사용자와 관련된 요법 모니터링 데이터의 저장; 여성 생식계통-관련 조건에 대한 개인맞춤형 특성화 및/또는 치료의 전달을 개선하기 위한 특징들, 여성 생식계통-관련 특성화, 및/또는 사용자, 사용자 세트, 및/또는 다른 엔티티와 관련된 다른 적절한 데이터의 저장), 및/또는 기술적인 영역에 대한 다른 적절한 개선.

[0037]

넷째, 상기 기술의 특정한 예는 샘플 취급 시스템, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템, 및 복수의 사용자를 포함하는 구성 요소들에 걸친 기능성의 창의적인 분포에 해당하며, 상기 샘플 취급 시스템은 상기 복수의 사용자로부터 생물학적 샘플을 실질적으로 동시 프로세싱(예를 들어, 멀티플렉스 방식으로) 취급할 수 있고, 이는 여성 생식계통-관련 조건에 대한(예를 들어, 사용자의 다이어트 행동, 프로바이오틱스-연관 행동, 의료 이력, 인구통계, 다른 행동, 선호도 등과 같은 사용자의 마이크로바이옴에 맞춤화된) 개인맞춤형 특성화 및/또는 요법을 생성하는데 상기 여성 생식계통-관련 특성화 시스템에 의해 활용될 수 있다.

[0038]

다섯째, 상기 기술의 특정한 예는 적어도, 유전체학, 미생물학, 마이크로바이옴-관련 컴퓨테이션, 진단학, 치료학, 마이크로바이옴-관련 디지털 의학, 디지털 의학 일반, 모델링, 및/또는 기타 관련 분야의 기술분야를 개선

할 수 있다. 일 예로, 상기 기술은 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 (예를 들어, 진단에 사용되어 치료적 개입을 용이하게 하는 바이오마커로서 작용할 수 있는 것 등) 관련 미생물 특징의 컴퓨터상의 식별에 의한 것과 같이, 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션을 모델링하고 그리고/또는 특성화할 수 있다. 다른 예로, 상기 기술은 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 질병, 표현형 등)과 관련된(예를 들어, 전체적으로 공유, 전체적으로 상관적인 것 등) 교차-컨디션 마이크로바이옴 특징들을 식별 및 평가하기 위한 교차-컨디션 분석을 수행할 수 있다. 이러한 마이크로바이옴 특징들의 식별 및 특성화는 동반 및/또는 다중동반 여성 생식계통-관련 컨디션 (예를 들어, 환경적 요인과 연관될 수 있어, 이에 따라 마이크로바이옴과 연관될 수 있는 등)의 위험 및 유행을 감소시킴으로써, (예를 들어, 진단 및 치료적 개입을 용이하게 하는 것에 의한 것과 같이 집단 및 개별 수준에서 등) 개선된 건강 보살핌 및 실행을 용이하게 할 수 있다. 특정한 예로, 상기 기술은 기술분야에서 개선을 부여하기 위한 것과 같은 이례적인 프로세스(예를 들어, 샘플 처리 프로세스; 컴퓨터 분석 프로세스 등)를 적용할 수 있다.

[0039] 여섯째, 상기 기술은 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현과 관련된 적절한 부분을 수행함에 있어서, 전문화된 컴퓨팅 디바이스(예를 들어, 차세대 시퀀싱 시스템; 여성 생식계통-관련 특성화 시스템; 요법 용이화 시스템과 같은 샘플 취급 시스템과 관련된 디바이스 등)를 활용할 수 있다.

[0040] 그러나, 상기 기술의 특정한 예는 여성 생식계통-관련 특성화, 마이크로바이옴 조절을 위해, 그리고/또는 상기 방법(100)의 적절한 구현 부분을 수행하기 위해 상기 시스템(200)의 구현의 일반화되지 않은 구성 요소들 및/또는 적절한 구성 요소들을 사용하는 맥락에서 어느 적절한 개선을 제공할 수 있다.

[0041] 방법(100)의 구현의 일부는 다음 중 하나 이상의 조합할 수 있는 여성 건강 분석을 가능하게 하고, 제공하고, 이에 대한 분석을 용이하게 하고, 포함하고, 및/또는 관련될 수 있다: 자가 샘플링, 시퀀싱-기반 HPV 검출 및 유전자형 분석, 마이크로바이옴 분석 (예를 들어, 질 마이크로바이옴 분석 등) 및/또는 STI-관련 병원체 검출.

[0042] 특정한 예로, 공지된 STI 병원체 상태의 비-식별된 자궁경부 면봉 검체가 수득될 수 있으며(예를 들어, *C. 트라코마티스(C. trachomatis)*에 대해 양성으로, 그리고 *N. 가너리아(N. gonorrhoeae)*에 대해 음성으로 보고된 샘플을 포함, 그리고 *C. 트라코마티스(C. trachomatis)*에 대해 음성으로, 그리고 *N. 가너리아(N. gonorrhoeae)*에 대해 양성으로 보고된 샘플을 포함 등), 여기서 각각의 샘플은 DNA 추출, 16S rRNA 유전자 증폭, 표적 식별 및/또는 다른 적절한 프로세스(예를 들어, 본원에 기술됨)에 대하여 반복 시험될 수 있다.

[0043] 변형으로, 여성 건강 분석을 위한 미생물 표적(예를 들어, 표 1에 도시된 바와 같은; 도 6에 도시된 것과 같은 등)은 예컨대 실리코(*in silico*) 분석을 통해 결정될 수 있다. 예를 들어, 예컨대 여성 생식계통-관련 컨디션과 미생물 분류군(예를 들어, 질 마이크로바이옴(vaginal microbiota) 등) 사이의 관련 연관성이 인간 대상에서 (예를 들어, 실험실 동물 및/또는 바이오리액터와 반대로, 등) 발견되거나, 및/또는 사례/컨트롤(control), 코호트(cohorts) 또는 무작위 연구 대상 집단에서 수행된 높은 통계적 유의성을 갖는 연관성을 선택하여 필터링될 수 있는 경우에, 제 3자 소스(source) (예를 들어, 데이터베이스, 임상 문헌, 과학 문헌, 질 건강 관련 소스 등)가 분석될 수 있다.

[0044] 실리코 분석은, 각 분류군의 식별을 위한 성능 매트릭스(예를 들어, 민감도, 특이도, 양성 및 음성 예측값 등)을 결정하는 단계 (예컨대, 미생물 데이터베이스(예를 들어, SILVA 데이터베이스 등)에서 각 분류군에 할당된 서열이 해당 분류군에 대한 실제 양성으로 간주될 수 있다); 및 사용된 프라이머와 최대 2 개의 불일치가 있는 증폭을 가정하는 단계를 추가적으로 또는 대안적으로 포함할 수 있으며, 앰플리콘을 생성할 수 있는 각각의 분류군에 대한 서열을 식별할 수 있고, 앰플리콘이 관심 분류군(ti)에 고유한지 또는 상이한 분류군(dt)의 서열에 의해 공유되는지의 여부를 평가할 수 있고, 여기서, 실리코 성능 매트릭스 평가와 같이, dt/ti 몫에 대한 다른 허용 비율에 대해 진 양성(true positives)(TP), 진 음성(TN), 가 양성(false positives)(FP) 및 가 음성(FN)의 수를 계산할 수 있다(예를 들어, 도 13에 도시된 바와 같이, 특이성 = $TN / (TN + FP)$; 감도 = $TP / (TP + FN)$; 양성 예측값 (PPV) = $TP / (TP + FP)$; 및 음성 예측값 (NPV) = $TN / (TN + FN)$; 90%(수직선)의 컷오프 기준, 등). 특정한 예로, 초기에 선택된 박테리아 표적 세트 중에서, 표 1에 기술된 표적과 같이, 예컨대 임계치 성능 매트릭스 (예를 들어, 90% 초과 4가지 실리코 성능 매트릭스 모두)에 기초하여, 여성 건강 분석을 위해 32개의 표적 (및/또는 다른 적절한 수의 표적)이 선택될 수 있다.

[0045] 변형으로, HPV 표적(예를 들어, 고위험 HPV (hrHPV) 및/또는 저위험 HPV (lrHPV) 표적 등)은 추가적으로 또는 대안적으로 여성 건강 분석에 포함될 수 있다 (예를 들어, 결정된 박테리아 표적에 추가하여). 예로서, HPV 표적은 자궁 경부암 병변 및/또는 생식기 흑화의 연관성에 기초하여 선택될 수 있다 (예를 들어, 표 1 등에 나타난 바와 같이). 포함시키기 위한 HPV 표적의 결정은 다음 중 하나 이상에 기초할 수 있다: HPV 기준 계층

(reference genomes)(예를 들어, PaVE 데이터베이스 등과 같이 관련 데이터베이스로부터 획득됨), 서열 인식성(예를 들어, 수정되고 인식된 서열만을 사용함; 180 HPV 계놈), 실리코 분석(예를 들어, 본원에 기재된 프라이머와 같은 15 개의 정방향 및 6 개의 역방향 프라이머 세트를 사용하고, L1 유전자를 표적으로 하고 프라이머와 표적 서열 사이에 최대 4 개의 불일치 및/또는 어느 적절한 수의 불일치를 허용하는, 예컨대 실리코에서 증폭될 수 있는 118 HPV 계놈으로부터 L1 유전자를 리딩(leading)하는, 실리코 PCR 증폭 등), 여성 생식계통-관련 컨디션과의 연관성(예를 들어, 연관성에 기초하여 14 hrHPV 타입(16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68) 및 5 lrHPV 타입(6, 11, 42, 43, 44)을 포함하는, 19 HPV 계놈 결정 등); 및/또는 다른 적절한 기준. 예를 들어, HPV 표적의 식별을 위한 성능 매트릭스(metrics)를 평가하기 위해, 데이터베이스(예를 들어, NCBI 데이터베이스 등)로부터의 HPV 계놈의 L1 세그먼트의 서열이 사용될 수 있고; 검색은 1,500-10,000 bp 범위의 길이(및/또는 다른 적절한 길이) 및 HPV 타입의 정확한 할당(예를 들어, 4177 서열)을 갖는 서열로 필터링될 수 있으며; 서열은 앰플리콘 세트(예를 들어, 161,398 앰플리콘 등)를 생성할 수 있는 프라이머(예를 들어, 본원에 기술됨)를 사용하여 실리코에서 증폭될 수 있고; 여기서, 서열은 결정된 HPV 표적에 대한 어느 적절한 맵핑 접근법(예를 들어, 19 HPV 타입 및/또는 다른 적절한 타입 등에 대해 PaVE에서 기준(reference) 계놈에 의해 생성된 앰플리콘을 포함하는 HPV 앰플리콘 기준 데이터베이스에 대한 95% 동일성에서 VSEARCH)을 사용하여 맵핑(mapped)될 수 있다. 예를 들어, 성능 매트릭스는 16S rRNA 유전자 표적 및/또는 다른 적절한 표적에 대한 성능 매트릭스의 계산과 유사한 방식으로 계산될 수 있다. 특정한 예로, 기준(reference)에 대한 앰플리콘(예를 들어, NCBI 앰플리콘 등)의 정확한 할당은 진 양성(true positive)으로 계산될 수 있고, 부정확한 할당은 가 음성(false negative)으로 간주될 수 있고, 가 음성은 프라이머가 증폭할 수 없는 계놈(예를 들어, NCBI로부터 등)에 대한 것으로 고려될 수 있다. 특정한 예로, 표 6에 나타낸 바와 같이, 표적(예를 들어, 19 HPV 타입 등)은 민감도, 특이성, 임계치(예를 들어, 90% 등)를 초과하는 양의 예측값(PPV) 및/또는 음의 예측값(NPV)에 대한 성능 매트릭스를 갖는 표적에 대하여 획득될 수 있다.

[0046]

변형으로, 방법(100)은 여성 건강 분석 및/또는 다른 적절한 성분에 대한 특이적인 샘플 프로세싱을 포함할 수 있다. 일 예로, 미생물 데이터세트의 결정단계(예를 들어, 미생물 데이터세트를 결정하기 위한 샘플 프로세싱의 수행 등)는 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 박테리아 표적에 대해 제 1 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계; 및 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 HPV 표적에 대해 제 2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함할 수 있다. 일 예로, HPV 표적은 HPV 타입 42, 39, 56, 35, 66, 33, 및 42 중 적어도 하나를 포함할 수 있으며, HPV 표적에 대한 제 2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계는 제 1 HPV-관련 프라이머 및 제 2 HPV-관련 프라이머 중 적어도 하나로 제 2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함하며, 여기서, 제 1 HPV-관련 프라이머는 CGTCCTAAAGGGAATTGATC를 포함하는 제 1 프라이머 서열을 포함하고, 제 2 HPV-관련 프라이머는 GCACAAGGCCATAATAATGG를 포함하는 제 2 프라이머 서열을 포함한다. 일 예로, DNA는 예컨대 튜브 및/또는 용해(lysis)/안정화 버퍼를 포함하는 다른 적절한 용기 중의 질 샘플(및/또는 다른 적합한 샘플; 제공된 샘플링 키트로부터 수집된 샘플, 등), 이의 풀(pool) 및/또는 sDNA 희석액으로부터 추출된다. 예로서, 16S rRNA 유전자 증폭의 경우, 추출된 DNA는 1 단계 PCR 프로토콜의 입력으로 사용되어 16S rRNA 유전자의 V4 가변 영역을 증폭하는데, 여기서 PCR은 범용 프라이머 515F 및 806R(및/또는 어느 적절한 프라이머)을 포함할 수 있으며(둘 모두 샘플-특정 지수 및 시퀀싱을 용이하게하기 위한 일루미나(Illumina) 태그 및/또는 다른 적절한 태그를 갖는다); 여기서 PCR은 본원에 기술된 바와 같이 수행될 수 있고, 증폭 후, 각각의 반응으로부터 동일한 부피를 취함으로써 DNA가 풀링(pooled)될 수 있다. 예로서, HPV 표적 증폭의 경우, 추출된 DNA가 HPV L1 유전자를 증폭시키기 위한 PCR 프로토콜의 입력으로서 사용될 수 있고; 각 샘플에, 무작위 HPV 타입 16 서열을 갖는 sDNA를 내부 양성 컨트롤(control)로 첨가되었으며; 제 1 PCR 믹스는 HPV 특정 프라이머 세트(예를 들어, 표 9 등에 나타낸 바와 같이, HPV_RSMY₀₉-LvJJ_Forward: 5' CGTCCTAAAGGGAATTGATC, 및 HPV_PGMY₁₁-CvJJ_Reverse: 5' CACAAGGCCATAATAATGG를 포함)를 포함하며, 프라이머는 시퀀싱 어댑터 영역을 포함할 수 있고; 제 1 증폭 라운드로부터의 PCR 산물은 샘플-특이적 정방향 및 역방향 지수 및 일루미나 태그(및/또는 시퀀싱을 용이하게하기 위한 다른 적절한 태그 등)를 포함하는 제 2 PCR 단계에 대한 입력으로서 사용될 수 있고; 여기서 제 2 단계의 PCR 산물은 시퀀싱을 위해 풀링(pooled)될 수 있다. 예로서, 라이브러리(예를 들어, 16S rRNA 유전자 및 HPV PCR 통합 라이브러리 풀 등)는 별도로(예를 들어, KAPA 라이브러리 쿼트 키트(Library Quant Kit)(Bio-Rad iCycler qPCR Mix) 및 BioRad MyiQ iCycler를 사용한 qPCR 등에 의한)에 의해 정량화될 수 있다. 예를 들어, 라이브러리의 시퀀싱은 어느 적절한 시퀀싱 기술(예를 들어, 2 x 150 bp 페어드-엔드 시퀀싱(paired-end sequences)를 렌더링하는(rendering) Illumina NextSeq 500 플랫폼에서 페어드-엔드 방식 등)로 수행될 수 있다.

[0047]

변형으로, 방법(100)은 시퀀싱 출력(및/또는 특성화 프로세스를 용이하게하기 위한 다른 적절한 프로세스 등)

의 프로세싱을 포함할 수 있다. 예로서, 박테리아 표적 (및/또는 다른 적합한 표적)에 대하여, 시퀀싱 후, 샘플-특이적 바코드에 따른 판독의 디멀티플렉싱(demultiplexing)이 수행될 수 있다 (예를 들어, 일루미나의 BCL₂FASTQ 알고리즘 등을 사용); 판독은 평균 Q-스코어 > 30을 사용하여 필터링될 수 있으며; 정방향 및 역방향 16S rRNA 유전자 판독은 프라이머 및 임의의 리딩(leading) 염기를 제거한 후 함께 첨부되고 클러스터링될 수 있으며 (예를 들어, Swarm 알고리즘 사용; 하나의 뉴클레오티드 거리 및 "세심한(fastidious)" 및 "유즈아크-풍부(usearch-abundance)" 플래그 사용 등); 클러스터 당 가장 풍부한 서열은 실제 생물학적 서열로 간주될 수 있으며 클러스터의 모든 판독의 카운트가 할당될 수 있으며; 모든 클러스터로부터의 대표 판독은 키메라 제거 (예를 들어, VSEARCH 알고리즘 등을 사용하여)될 수 있고; 상기 모든 필터를 통과한 판독(필터링된 판독)은 정렬될 수 있다(예를 들어, 표 1, 도 6에 기재된 32 개의 분류학적 그룹과 같이, 여성 건강에 대해 식별된 각 표적에 대해 SILVA에서 실리코에서 식별된 진 양성 16S rRNA 유전자 서열에 대해 100% 길이에 대한 100% 동일성(identity)을 사용 등). 예를 들어, 각 분류군의 상대적 풍부도는 해당 분류군에 링크된 카운트를 필터링된 판독의 총 수로 나누어서 결정될 수 있다.

[0048] 예로서, HPV 표적 (및/또는 다른 적절한 타겟)에 대해, 시퀀싱 후, 시퀀싱 판독은 디멀티플렉스될 수 있으며(예를 들어, BCL₂FASTQ 등을 사용); 프라이머는 제거될 수 있으며(예를 들어, 유타닷(eutadapt) 등을 사용); 125 bp 미만의 길이 및 30 미만의 평균 품질 스코어로 판독이 제거될 수 있고(예를 들어, 트림모나틱(Trimmomatic) 등을 사용); 순방향 및 역방향 쌍 판독은 조인(join)되어(예를 들어, 스크립트 등을 사용) 파스타(fasta) 파일 및/또는 다른 적절한 파일로 변환될 수 있으며; 동일한 서열은 파일에 병합 및 기록될 수 있고 (예를 들어, 파스타 포맷(fasta format)으로), 풍부도 감소에 따라 분류(sort)(예를 들어, VSEARCH 등을 사용)될 수 있고; 표적 서열(예를 들어, 파스타 파일 등에서)은 데이터베이스 서열에 비교되어(예를 들어, 파스타-포맷된 문의 데이터베이스 서열(19 HPV 표적 서열); VSEARCH와 함께 글로벌 쌍별 정렬 옵션 사용; 95 퍼센트 서열 동일성 사용 등), 다른 샘플 내에서 각 HPV 타입에 대한 카운트를 구한다. 예로서, 특정 HPV 타입에 할당된 서열 판독 수가 검출 한계에서 임계치를 초과하고 이전에 정의된 컷오프 (이 컷오프를 설정하기 위해 정규화 단계가 이용될 수 있다) 보다 큰 경우, 여성 건강 분석의 HPV 부분은 양성으로 간주될 수 있다. 특정한 예로, 정규화 단계는 실리코 PCR 증폭을 포함할 수 있고, 여기서 상이한 수의 프라이머 조합이 상이한 HPV 표적을 증폭시키며(예를 들어, HPV16은 66 개의 상이한 조합을 사용하여 증폭되는 반면, HPV43은 10 개의 조합으로 증폭됨), HPV 중 프라이머 바인딩 부위 내의 서열 가변성을 반영하며, 이는 스파이크-인(spiked-in) 내부 컨트롤과 표적 HPV가 상이한 증폭 효율을 가짐을 의미할 수 있으며; 이 바이어를 피하기 위해, 내부 컨트롤(HPV16에 대한 프라이머 부위를 가짐)은 각 HPV 타입의 증폭 인자(앰플리콘을 생성하는 프라이머 조합의 수)에 대해 정규화되고; HPV-할당된 판독의 수는 스파이크에 할당된 정규화된 판독의 총 수로 나눌 수 있으며, 그 비율이 0.1를 초과하면(예를 들어, 약 500 개의 표적 분자에 해당할 수 있는 등), 샘플은 HPV-양성으로 간주되었다.

[0049] 변형으로, 방법(100)은 실행 내(intra-run) 및/또는 실행 간(inter-run) 정밀도를 평가하는 단계를 포함할 수 있다. 예로서, 실행 내 기술 반복성은 동일한 질 풀(pool)(예를 들어, 11 명의 개체에서 유래한 96 개의 질 샘플 포함)의 복제 (예를 들어, 9 개의 복제 등)을 동일한 DNA 추출, 16S rRNA 유전자 증폭, 및 시퀀싱 실행에 포함시킴으로써 평가될 수 있다. 예로서, 동일한 실행 내에서 분석된 또 다른 복제 샘플 세트 (예를 들어, 9 개의 복제)를 생성하기 위해 실험을 두 번째 시퀀싱 실행에서 반복할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 실행 간 기술 재현성은 상이한 조작자에 의해 상이한 날에 질 샘플 세트의 복제를 프로세싱함으로써 평가될 수 있으며 (예를 들어, 3 일의 상이한 날에 3 명의 상이한 조작자에 의해 18 개의 질 샘플 세트의 3 개의 복제 등), 분석에 포함된 샘플은 적어도 10,000 개의 판독을 갖는 샘플을 포함할 수 있다(예를 들어, 그리고 3 개의 복제 중 적어도 2개가 존재하는 경우 등). 예로서, 실행 내 및 실행 간 모두, 결과의 비교는 분석 표적(예를 들어, 32 개의 박테리아 종- 및 속-수준 표적 등)의 미가공 카운트(raw count)를 사용하여 수행될 수 있으며, 데이터는 예컨대 Bray-Curtis법을 사용하여 계산되는 거리 매트릭스(distance matrix)에 기초할 수 있고 시각화될 수 있다(예를 들어, PCoA (Principal Coordinates Analysis)의 사용 등).

[0050] 변형으로, 방법(100)은 하나 이상의 표적에 대한 검출 한계(LOD)를 결정하는 단계를 포함할 수 있다(예를 들어, 여성 건강 분석 등). 예를 들어, 각각의 박테리아 표적에 대해, LOD는 상이한 sDNA 풀의 희석물을 조합하고, 이어서 DNA 추출, 광범위한 프라이머를 사용한 16S rRNA 유전자의 V4 영역의 증폭 및 시퀀싱에 의해 결정될 수 있으며, 여기서, LOB는 블랭크 웰 (예를 들어, 77 블랭크 웰; 18.57 판독) 플러스 표준 편차 (예를 들어, 1.65 표준 편차; 29.70 판독) 판독의 평균 수로 설정할 수 있고; 결과는 LOB + 1.65 표준 편차 (48.27) 플러스 LOD * 1.65에서의 분류군의 표준 편차로서 각 분류군에 대한 식별 임계치(threshold)의 계산에 사용할 수 있다(예를 들어, 표 10에 나타난 바와 같음). 특정한 예로, 여성 건강 분석에 의해 표적화된 32 개의 박테리아 분류군에

대해, LOD와 관련된 임계치는 49.0 내지 65.2 판독 범위일 수 있다(예를 들어, 표 10에 나타난 바와 같음). 예로서, HPV 표적에 대한 LOD를 결정하기 위해, 박테리아 표적에 대해 수행된 바와 같이, sDNA 풀의 상이한 희석액을 혼합하였으며; 이어서 분자는 본원에 기재된 바이오인포매틱스 프로세스(bioinformatics processes)(예를 들어, HPV 바이오인포매틱스 파이프라인 등)에 의해 증폭, 시퀀싱 및 분석되었다. 특정한 예로, 여성 건강 분석을 위한 HPV 표적에 대하여, LOD와 관련된 임계치는 40.8 내지 224.8 판독 범위일 수 있다(예를 들어, 표 11에 나타난 바와 같음). 특정한 예로, 박테리아 및 바이러스 표적을 나타내는 sDNA에 대한 LOD는, 예컨대, 도 12a-12b에 도시된 바와 같이 결정될 수 있다(예를 들어, 2 개의 sDNA 풀의 희석액이 상이한 양으로 혼합되고, 미생물(microbial) 표적이 증폭되고 시퀀싱되었으며; 각각의 희석액 및 표적에 대해, 10,000 회 이상의 판독을 갖는 샘플에서의 상대적 풍부도를 나타내며; 도 12a는 박테리아 표적의 LOD를 포함하며; 도 12b는 HPV 표적의 LOD를 포함하며; 각 희석액 및 HPV 타입에 대해, 10,000 회 이상의 판독을 갖는 샘플에서의 상대적 풍부도를 나타낸다 등).

[0051] 변형으로, 방법(100)은 실행 내 및/또는 실행 간 변동성을 평가하는 단계를 포함할 수 있다(예를 들어, 도 14에 도시된 바와 같음). 예를 들어, 실행 내 기술 변동성은 동일한 질 풀의 조합된 복제 세트(예를 들어, 18 개의 복제 등)로 평가될 수 있다. 특정한 예로, 각각 10,000 판독 이상을 생성했다. 예로서, 속 및 종 수준 박테리아 군집 모두의 배치(ordination) 플롯(예를 들어, 도 14에 도시된 바와 같음)은, 단일 시퀀싱 실행 내에서 실험실 프로세스에 의해 생성된 결과와 바이오인포매틱스 분석이 일관된 것을 나타내는, 실행 내 기술 복제의 긴밀한 클러스터링(clustering)을 보여줄 수 있다.

[0052] 예로서, 실행 간 분석에서, 필터링 기준(10,000 판독 초과)을 통과하기 위해 복제 그룹의 총 세트(예를 들어, 11 개 그룹)(적어도 2 개의 샘플)가 분석될 수 있다. 특정한 예로, 속 및 종 수준에서의 PCoA 시각화는 상이한 샘플의 분산(dispersion)을 나타내지만, 각각의 복제(예를 들어, 도 14에 도시된 바와 같음)에 따른 클러스터링을 나타내며, 이는 동일한 샘플이 상이한 조작자에 의해 상이한 날에 프로세스되는 경우에 샘플 내 변동(within-sample variation)이 제한됨을 제시할 수 있다.

[0053] 변형으로, 건강한 미생물 풍부도 범위는 여성 건강 분석을 위해 결정될 수 있다. 특정한 예로, 박테리아 표적(예를 들어, 표 1에 기재된 32 개의 박테리아 표적)의 건강 범위를 결정하기 위해, 각각 다른 여자(예를 들어, 평균 연령 48.4 ± 15.6 세)로부터의 질 검체 세트는 예컨대 자발적 건강 조사 완료 및/또는 박테리아성 질염, 자궁 경부암, 생식기 포진 또는 사마귀, 요로 감염 또는 HPV 감염, C. 트라코마티스(*C. trachomatis*), T. 팔리둠(*T. pallidum*), 효모 감염 및/또는 다른 적절한 컨디션 중 하나 이상을 포함하는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 보고가 없는 것에 기초하여, 및/또는 샘플링 이전의 기간(예를 들어, 6 개월) 동안 항생제를 사용하지 않은 것으로 보고된 것에 기초하여 선택될 수 있다.

[0054] 그러나, 방법(100)의 구현의 일부는 예컨대 여성 건강 분석을 가능하게 하고, 제공하고, 분석을 용이하게 하고 및/또는 다르게는 이와 관련되도록, 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0055] **3.1. 미생물 데이터세트의 결정**

[0056] 상기 방법(100)의 구현은 블록 S110을 포함할 수 있으며, 이는 사용자 세트와 관련된 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트, 미생물 서열 데이터세트에 기초한 것과 같은 마이크로바이옴 조성 다양성 데이터세트, 미생물 서열 데이터세트에 기초한 것과 같은 마이크로바이옴 기능적 다양성 데이터세트, 등)를 결정하는 것(S110)을 포함할 수 있다. 블록 S110은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 것과 같이, 이에 상응하는 마이크로바이옴과 관련된 조성적, 기능적, 약리유전학(pharmacogenomics), 및/또는 다른 적절한 견지를 결정하기 위해, 샘플(예를 들어, 생물학적 샘플; 비-생물학적 샘플; 대상자 집단, 대상자의 서브집단, 인구 통계 특성 및/또는 다른 적절한 특성을 공유하는 대상자의 서브집단과 관련된 샘플의 집합 세트; 사용자 샘플 등)을 프로세싱하는 기능을 할 수 있다.

[0057] 조성 및/또는 기능적 견지는(예를 들어, 각 그룹의 전체 풍부도, 각 그룹의 상대적 풍부도, 대표되는 그룹의 총수 등으로 측정했을 때) 다른 그룹의 계, 문, 강, 목, 과, 속, 종, 아종, 균주(strain) 및/또는 어느 다른 적절한 종내 분류(infraspecies taxon)에 걸친 미생물 분포와 관련된 파라미터를 포함하여, 미생물 수준(및/또는 다른 적절한 그레놀라리티(granularity))에서의 하나 이상의 견지를 포함할 수 있다. 조성 및/또는 기능적 견지는 또한 운영 분류 체계 단위(operational taxonomic units; OTUs)의 용어로 나타낼 수 있다. 조성 및/또는 기능적 견지는 추가적으로 또는 대안적으로 유전자 수준(예를 들어, 다좌위 서열 타이핑(multilocus sequence typing)에 의해 결정되는 영역, 16S 서열, 18S 서열, ITS 서열, 다른 유전자 마커, 다른 계통발생 마커 등)에서의 조성 견지를 포함할 수 있다. 조성 및 기능적 견지는 특정 기능(예를 들어, 효소 활성, 이동 기능, 면역 활

성 등)과 관련된 유전자의 존재 또는 부재, 또는 양을 포함할 수 있다. 그러므로, S110 블록의 출력은 S130 블록의 특성화 프로세스, 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분에 대해 마이크로바이옴 특성의 결정을 용이하게 하는데(예를 들어, 마이크로바이옴 특징을 식별하는데 사용될 수 있는 미생물 서열 데이터세트의 생성하는 것과 같이) 사용될 수 있고(예를 들어, 여기서 블록 S110은 마이크로바이옴 조성 데이터세트, 마이크로바이옴 기능적 데이터세트, 및/또는 이로부터 마이크로바이옴 특징이 추출될 수 있는 다른 적절한 미생물 데이터세트의 출력을 초래할 수 있다), 상기 특징들은 미생물-기반(예를 들어, 박테리아 속의 존재), 유전자-기반(예를 들어, 특정 유전자 영역 및/또는 서열의 대표성 기반), 기능-기반(예를 들어, 특정 촉매 활성의 존재), 및/또는 어느 다른 적절한 마이크로바이옴 특징들일 수 있다.

[0058] 변형으로, 블록 S110은 다음 중 하나 이상과 관련된 유전자좌와 관련하여 박테리아 및/또는 고세균(archaea)에서 유래된 계통 발생 마커(예를 들어, 미생물 데이터세트 등을 생성하기 위한)에 기초한 평가 및/또는 프로세싱을 포함할 수 있다: 리보솜 단백질 S2, 리보솜 단백질 S3, 리보솜 단백질 S5, 리보솜 단백질 S7, 리보솜 단백질 S8, 리보솜 단백질 S9, 리보솜 단백질 S10, 리보솜 단백질 S11, 리보솜 단백질 S12/S23, 리보솜 단백질 S13, 리보솜 단백질 S15P/S13e, 리보솜 단백질 S17, 리보솜 단백질 S19, 리보솜 단백질 L1, 리보솜 단백질 L2, 리보솜 단백질 L3, 리보솜 단백질 L4/L1e, 리보솜 단백질 L5, 리보솜 단백질 L6, 리보솜 단백질 L10, 리보솜 단백질 L11, 리보솜 단백질 L14b/L23e, 리보솜 단백질 L15, 리보솜 단백질 L16/L10E, 리보솜 단백질 L18P/L5E, 리보솜 단백질 L22, 리보솜 단백질 L24, 리보솜 단백질 L25/L23, 리보솜 단백질 L29, 번역 신장 팩터 EF-2, 번역 개시 팩터 IF-2, 메탈로엔도펩티다아제, ffh 신호 인식 입자 단백질, 페닐알라닐-tRNA 합성효소 베타 서브유닛, 페닐알라닐-tRNA 합성효소 알파 서브유닛, tRNA 슈도우리딘 신타아제 B, 포르포빌리노겐 디아미나아제, 리보솜 단백질 L13, 포스포리보포르밀글리시나미딘 시클로-리가아제, 및 리보뉴클레아제 HII. 추가적으로 또는 대안적으로, 마커는 표적 서열(예를 들어, 미생물 분류학 그룹과 관련된 서열; 기능적 견지와 관련된 서열; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 서열; 상이한 요법에 대한 사용자 반응을 나타내는 서열; 프라이머 서열을 공유하는 프라이머 타입을 이용하여 멀티플렉스 증폭을 용이하게 하기 위한 것과 같이, 집단 및/또는 어느 적절한 대상자 세트에 걸쳐 변하지 않는 서열; 보존 서열; 돌연변이, 다형성을 포함하는 서열; 뉴클레오티드 서열; 아미노산 서열; 등), 단백질 (예를 들어, 혈청 단백질, 항체 등), 펩티드, 탄수화물, 지질, 기타 핵산, 전체 세포(whole cells), 대사 산물, 천연물, 유전적 소인 바이오마커, 진단 바이오마커, 예후 바이오마커, 예측 바이오마커, 다른 분자 바이오마커, 유전자 발현 마커, 이미징 바이오마커, 및/또는 다른 적절한 마커. 그러나, 마커는 마이크로바이옴 조성, 마이크로바이옴 기능성 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 어느 다른 적합한 마커(들)를 포함할 수 있다.

[0059] 따라서, 생물학적 샘플의 각각의 집합 세트 각각에 대한 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 견지를 특성화하는 것은 바람직하게, 대상자 또는 대상자 집단으로부터 각각의 생물학적 샘플과 관련된 마이크로바이옴 및 기능적 견지를 양적으로 그리고/또는 질적으로 특성화하기 위해, 이에 한정하는 것은 아니나, 앰플리콘 시퀀싱(예를 들어, 16S, 18S, ITS), UMIs, 3 단계 PCR, CRISPR, 프라이머의 사용, 및/또는 컴퓨터적인 기술(예를 들어, 바이오인포매틱스의 도구 활용)을 포함하는, 샘플 프로세싱 기술(예를 들어, 해중 실험실 기술(wet laboratory techniques); 도 21에 도시된 바와 같음)의 조합을 포함한다.

[0060] 변형으로, 블록 S110에서의 샘플 프로세싱은 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 생물학적 샘플의 용해, 생물학적 샘플의 세포에서 막의 파괴, 상기 생물학적 샘플로부터 바람직하지 않은 요소들(예를 들어, RNA, 단백질)의 분리, 생물학적 샘플에서 핵산(예를 들어, DNA) 정제, 상기 생물학적 샘플로부터 핵산 증폭, 상기 생물학적 샘플의 증폭된 핵산의 추가 정제, 및 상기 생물학적 샘플의 증폭된 핵산의 시퀀싱을 포함할 수 있다. 예를 들어, 블록 S110은 사용자 세트로부터 생물학적 샘플(예를 들어, 샘플 용기 등을 포함하는 샘플링 키트로 사용자에 의해 수집된 생물학적 샘플)을 수집하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 생물학적 샘플은 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물 핵산(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관된 표적 서열을 포함하는 미생물 핵산 등)을 포함한다. 다른 예로, 블록 S110은 사용자 세트에게 샘플링 키트 세트를 제공하는 단계를 포함할 수 있으며, 샘플링 키트 세트의 각각의 샘플링 키트는 사용자 세트의 사용자로부터 생물학적 샘플을 수용하도록 작동가능한 (예를 들어, 용해 시약 등과 같은 전처리 시약을 포함하는) 샘플 용기를 포함한다.

[0061] 변형으로, 생물학적 샘플의 용해 및/또는 생물학적 샘플의 세포에서 막을 파괴하는 것은 바람직하게 물리적 방법(예를 들어, 비드 비팅, 질소 감압(nitrogen decompression), 균질화, 초음파 처리)을 포함하며, 이는 시퀀싱 시, 특정 박테리아 그룹의 표현에서 바이어스를 생성하는 특정 시약을 생략한다. 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S110에서 용해 또는 파괴는 화학적 방법(예를 들어, 세제 사용, 용매 사용, 계면활성제 사용 등)을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S100에서 용해 또는 파괴는 생물학적 방법을 포함할 수 있다. 변형

으로, 바람직하지 않은 요소의 분리는 RNase를 사용한 RNA 제거 및/또는 프로테아제를 사용한 단백질 제거를 포함할 수 있다. 변형으로, 핵산의 정제는 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 생물학적 샘플로부터 핵산의 침전(예를 들어, 알코올-기반 침전 방법의 사용), 액체-액체 기반 정제 기술(예를 들어, 페놀-클로로포름 추출), 크로마토그래피-기반 정제 기술(예를 들어, 컬럼 흡착), 핵산에 바인딩하도록 구성되고, 용리 환경(예를 들어, 용리 용액을 갖는, pH 변화를 제공하는, 온도 변화를 제공하는 등)의 존재하에서 핵산을 방출하도록 구성된 바인딩 모이어티-바운드 입자(예를 들어, 자성 비드, 부력 비드, 크기 분포를 갖는 비드, 초음파 반응 비드 등)의 사용을 포함하는 정제 기술 및 어느 다른 적절한 정제 기술.

[0062] 변형으로, 정제된 핵산의 증폭은 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 중합효소 연쇄반응(PCR)-기반 기술(예를 들어, 고체상 PCR, RT-PCR, qPCR, 멀티플렉스 PCR, 터치다운 PCT(touchdown PCR), 나노 PCR, 네스티드 PCR(nested PCR), 핫 스타트 PCR(hot start PCR), 등), 헬리카이즈-의존 증폭(helicase-dependent amplification; HDA), 루프 매개 증폭(loop mediated isothermal amplification; LAMP), 자가-유지 서열 복제(self-sustained sequence replication; SSR), 핵산 서열 기반 증폭(nucleic acid sequence based amplification; NASBA), 스트랜드 치환 증폭(strand displacement amplification; SDA), 롤링 서클 증폭(rolling circle amplification; RCA), 라이게이즈 연쇄반응(ligase chain reaction; LCR), 및 어느 다른 적절한 증폭 기술. 정제된 핵산 증폭에 있어서, 사용되는 프라이머들은 바람직하게 분류학적으로, 계통발생적으로, 진단용으로, 제형용으로 (예를 들어, 프로바이오틱 제형용으로), 및/또는 어느 다른 적절한 목적으로 정보를 제공하는 핵산 영역/서열(예를 들어, 16S 영역, 18S 영역, ITS 영역 등)을 증폭하도록 설정될 뿐만 아니라, 증폭 바이어스(amplification bias)을 방지 또는 최소화하도록 선택된다. 따라서, 증폭 바이어스를 회피하도록 구성된 범용 프라이머들(예를 들어, 16S RNA용 F27-R338 프라이머 세트, 16S RNA용 F515-R806 프라이머 세트 등)이 증폭에 사용될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 생물학적 샘플에, 사용자에게, 여성 생식계통-관련 조건에, 분류군에, 표적 서열에, 그리고/또는 어느 다른 적절한 구성 요소에 특이적인 통합된 바코드 서열 및/또는 UMIs를 포함할 수 있고, 이것은 시퀀싱 후 식별 프로세스(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 및/또는 마이크로바이옴 기능 견지에 대한 서열 관독을 맵핑하기 위한 등)를 용이하게 할 수 있다. 특정한 예로, 프라이머의 적용은 범용 V4 프라이머(예를 들어, 515F: GTGCCAGCMGCCGCGTAA 및 806R: GGACTACHVGGGTWCTAAT), 가변(예를 들어, 반-보존 초가변 영역(semi-conserved hypervariable regions) 등) 영역 (예를 들어, V1-V8 영역)과 관련된 다른 적절한 프라이머 및/또는 RNA 유전자의 어느 다른 적절한 부분으로 16S 유전자 (예를 들어, 16S rRNA를 코딩하는 유전자)를 증폭시키는 것을 포함할 수 있다. 블록 S110의 변형예에서 사용되는 프라이머들은 추가적으로 또는 대안적으로 상보적인 어댑터를 포함하는 시퀀싱 기술(예를 들어, 일루미나 시퀀싱(Illumina Sequencing))과 상호작용하도록 구성된 어댑터 영역을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S110은 (예를 들어, 넥스테라(Nextera) 키트를 사용하여) 프로세싱을 용이하게 하도록 구성된 어느 다른 단계를 실행할 수 있다. 특정한 예로, 증폭 및/또는 샘플 프로세싱 작업의 수행은 멀티플렉스 방식일 수 있다(예를 들어, 단일 생물학적 샘플에 대해, 다중 사용자들에 걸쳐 다수의 생물학적 샘플에 대해, 등). 다른 특정한 예로, 증폭의 수행은 라이브러리들에 대해 균형을 맞추고, 출발 물질의 양과 관계 없이 혼합물에서 모든 앰플리콘을 검출하기 위한 정규화 단계, 예컨대 3 단계 PCR, 비드 기반 정규화, 및/또는 다른 적절한 기술을 포함할 수 있다.

[0063] 변형으로, 정제된 핵산의 시퀀싱은 표적 앰플리콘 시퀀싱(targeted amplicon sequencing)을 포함하는 방법을 포함할 수 있으며, 기법의 실행은 다음 중 하나 이상을 포함한다: 합성에 의한 시퀀싱 기법(sequencing-by-synthesis techniques)(예를 들어, 일루미나 시퀀싱(Illumina sequencing)), 캐필러리 시퀀싱 기법(capillary sequencing techniques)(예를 들어, 생거 시퀀싱(Sanger sequencing)), 파이로시퀀싱 기법(pyrosequencing techniques) 및 나노포어 시퀀싱 기법(예를 들어, 옥스포드 나노포어 기법(Oxford Nanopore technique)의 사용).

[0064] 구체적인 예로, 생물학적 샘플 세트의 생물학적 샘플로부터 얻은 핵산의 증폭 및 시퀀싱은: 올리고 어댑터를 갖는 기질상에서 상기 생물학적 샘플의 DNA 단편의 브릿지 증폭을 포함하는 고체상 PCR을 포함하며, 여기서, 증폭은 정방향 인덱스 서열(forward index sequence)(예를 들어, MiSeq/NextSeq/HiSeq 플랫폼에 대한 일루미나 정방향 인덱스(Illumina forward index)에 상응), 정방향 바코드 서열, 트랜스포제이즈 서열 (예를 들어, MiSeq/NextSeq/HiSeq 플랫폼에 대한 트랜스포제이즈(transposase) 바인딩 부위에 상응), 링커(예를 들어, 균질성을 감소시키고 시퀀싱 결과를 개선하도록 구성된 0, 1 또는 2-염기 단편), 부가적인 랜덤 염기, UMIs, 특정한 표적 영역을 표적하기 위한 서열(예를 들어, 16S 영역, 18S 영역, ITS 영역), 역방향 인덱스 서열(reverse index sequence)(예를 들어, MiSeq/HiSeq 플랫폼에 대한 일루미나 역방향 인덱스(Illumina reverse index)에 상응하는), 및 역방향 바코드 서열을 갖는 프라이머를 포함한다. 구체적인 예로, 시퀀싱은 합성에 의한 시퀀싱 기법을 이용한 일루미나 시퀀싱(예를 들어, HiSeq 플랫폼으로, MiSeq 플랫폼으로, NextSeq 플랫폼으로, 등)을

포함할 수 있다. 다른 특정한 예로, 상기 방법(100)은 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 바이오 마커; 양적으로(positively) 상관있는; 음적으로(negatively) 상관있는; 원인이 되는 등) 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 유전적 표적과 컴패터블한(compatible) 하나 이상의 프라이머 타입을 식별하는 단계; 미생물 핵산의 단편화, 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 유전적 표적과 컴패터블한 하나 이상의 식별된 프라이머 타입(예를 들어, 프라이머 타입에 상응하는 프라이머 등)에 기초하여 단편화된 미생물 핵산에 대해 싱글플렉스(singleplex) 증폭 프로세스 및/또는 멀티플렉스(multiplex) 증폭 프로세스의 수행과 같이, 하나 이상의 프라이머 타입에 기초하여 (예를 들어, 하나 이상의 프라이머 타입에 상응하는 프라이머, 및 수집된 생물학적 샘플에 포함된 미생물 핵산에 기초한, 등) 하나 이상의 사용자(예를 들어, 대상자 세트)에 대한 미생물 데이터세트(예를 들어, 차세대 시퀀싱 시스템 등을 이용하는 것과 같은 미생물 시퀀싱 데이터세트)를 결정하는 단계; 및/또는 미생물 데이터세트로부터 유래된 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 사용자 컨디션에 대한 요법(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한; 원하는 분류군 및 원하는 마이크로바이옴 기능의 집단 크기 중 적어도 하나와 관련되어 사용자의 마이크로바이옴의 선택적인 조절이 가능하도록 하는 것 등)을 촉진(예를 들어, 제공)하는 단계를 포함할 수 있다. 특정한 예로, 미생물 데이터세트를 결정하는 단계는 미생물 핵산에 대한 싱글플렉스 증폭 프로세스 및 멀티플렉스 증폭 프로세스 중 적어도 하나를 통해 증폭된 미생물 핵산을 생성하는 단계; 및 차세대 시퀀싱 시스템으로, 증폭된 미생물 핵산에 기초한 미생물 데이터세트를 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0065] 예로서, 생물학적 샘플은 내장 수집 부위(예를 들어, 내장 부위의 신체 부위 타입에 상응함), 피부 수집 부위(예를 들어, 피부 부위의 신체 부위 타입에 상응함), 코 수집 부위(예를 들어, 코 부위의 신체 부위 타입에 상응함), 입 수집 부위(예를 들어, 입 부위의 신체 부위 타입에 상응함), 및 생식기 수집 부위(예를 들어, 생식기 부위의 신체 부위 타입에 상응함) 중 적어도 하나를 포함하는 하나 이상의 수집 부위에 상응할 수 있다. 특정한 예로, 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트 등)를 결정하는 단계는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 제1 유전자 표적과 컴패터블한 제1 프라이머 타입 및 수집 부위 세트의 제1 수집 부위를 식별하는 단계; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 제2 유전자 표적과 컴패터블한 제2 프라이머 타입 및 수집 부위 세트의 제2 수집 부위를 식별하는 단계; 및 미생물 핵산, 제1 프라이머 타입에 상응하는 제1 프라이머, 및 제2 프라이머 타입에 상응하는 제2 프라이머에 기초하여 대상자 세트에 대한 미생물 데이터세트를 생성하는 단계를 포함할 수 있다.

[0066] 변형으로, 블록 S110에 사용되는 프라이머(예를 들어, 프라이머 서열에 상응하는 프라이머 타입의, 등) 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분은 단백질 유전자(예를 들어, 다수의 표적 및/또는 분류군에 대해 멀티플렉스를 가능하게 하기 위한 것과 같이, 다수의 분류군에 걸쳐 보존된 단백질 유전자 서열에 대한 코딩 등)와 관련된 프라이머를 포함할 수 있다. 프라이머는 추가적으로 또는 대안적으로, 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물에 대한 미생물 서열 바이오마커를 포함하는 유전자 표적과 컴패터블한 프라이머 등), 마이크로바이옴 조성 특징(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관된 분류군의 그룹과 관련된 마이크로바이옴 조성에 상응하는 유전적 표적과 컴패터블한 식별된 프라이머; 이로부터 상대 풍부도 특징이 유래되는 유전자 서열 등), 기능적 다양성 특징, 보충적 특징, 및/또는 다른 적절한 특징 및/또는 데이터와 연관될 수 있다. 프라이머 (및/또는 본원에 기술된 다른 적절한 분자, 마커, 및/또는 생물학적 물질)는 어느 적절한 크기(예를 들어, 서열 길이, 염기쌍의 수, 보존된 서열 길이, 가변(variable) 영역 길이 등)를 가질 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 어느 적절한 수의 프라이머가 특성화(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 등)를 수행하고, 샘플 프로세싱(예를 들어, 증폭 바이어스 감소 등을 통해)하고, 그리고/또는 어느 적절한 목적을 위해 샘플 프로세싱에 사용될 수 있다. 프라이머는 어느 적절한 수의 표적, 서열, 분류군, 컨디션 및/또는 다른 적합한 견지와 연관될 수 있다. 블록 S110 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적합한 부분에 사용되는 프라이머는 블록 S110에 기술된 프로세스(예를 들어, 분류학적 데이터베이스를 생성하는데 사용된 파라미터에 기초한 프라이머 선택) 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 어느 다른 적합한 부분을 통해 선택될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 프라이머 (및/또는 프라이머와 관련된 프로세스)는 2015년 10월 21일에 출원된 미국 특허출원 제14/919,614호에 기술된 것을 포함하고, 그리고/또는 이와 유사할 수 있으며, 이는 본원에 그 전체가 참조로 포함된다. 그러나, 프라이머의 식별 및/또는 사용은 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0067] 샘플 프로세싱의 일부 변형은 시퀀싱 전에, 과량의 증폭 요소(예를 들어, 프라이머, dNTP, 효소, 염 등)를 제거하는 기능을 하는, 증폭된 핵산(예를 들어, PCR 산물)의 추가 정제를 포함할 수 있다. 예로서, 추가 정제는, 정제 키트, 버퍼, 알코올, pH 지시약, 카오토로픽 염, 핵산 바인딩 필터, 원심분리 및/또는 어느 다른 적절한 정

제 기술 중 하나 이상을 사용하여 용이하게 될 수 있다.

- [0068] 변형으로, 블록 S110에서의 컴퓨터적인 프로세싱은 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 마이크로바이옴-유래 서열의 식별(예를 들어, 대상 서열 및 오염물과 대조되는 것으로), 마이크로바이옴-유래된 서열의 정렬 및 맵핑(예를 들어, 단일 말단 정렬, 언갭(ungapped) 정렬, 갭 정렬, 페어링 중 하나 이상을 이용한 단편화 서열의 정렬), 및 생물학적 샘플과 관련된 마이크로바이옴의 조성적 및/또는 기능적 견지와 관련된(예를 들어, 유래된) 특징의 생성을 포함할 수 있다.
- [0069] 마이크로바이옴-유래 서열의 식별은 대상자 게놈-유래 서열을 제거하기 위해, 샘플 프로세싱으로부터 대상 기준 게놈(예를 들어, 게놈 기준 컨소시엄(Genome Reference Consortium)에 의해 제공된)으로의 서열 데이터의 맵핑을 포함할 수 있다. 서열 데이터를 대상 기준 게놈에 맵핑한 후 남아있는 미식별 서열은, 그 다음, 추가적으로 서열 유사성 및/또는 기준-기반 접근법(예를 들어, VAMPS 사용, MG-RAST 사용, QIIME 데이터베이스 사용)에 기초하여 작동 분류학 유닛(OTUs)으로 클러스터링되고, 정렬되고(예를 들어, 게놈 해싱(genome hashing) 접근법 사용, Needleman-Wunsch 알고리즘 사용, Smith-Waterman 알고리즘 사용), 정렬 알고리즘(예를 들어, 기본 로컬 정렬 검색 도구(Basic Local Alignment Search Tool) FPGA 가속 정렬 도구, BWA를 사용한 BWT-인덱싱, SOAP을 사용한 BWT-인덱싱, Bowtie를 사용한 BWT-인덱싱 등)을 사용하여 기준 박테리아 게놈(예를 들어, 국립 생물공학 정보센터(National Center for Biotechnology Information)에서 제공된)에 맵핑될 수 있다. 미식별된 서열의 맵핑은 추가적으로 또는 대안적으로 기준 고세균류 게놈, 바이러스 게놈 및/또는 진핵생물 게놈에 대한 맵핑을 포함할 수 있다. 또한, 분류군의 맵핑은 기준 데이터베이스와 관련되어 그리고/또는 주문-생성된 데이터베이스와 관련되어 수행될 수 있다.
- [0070] 블록 S120에 기술된 어느 적절한 프로세스는 어느 적절한 수의 생물학적 샘플에 대해 멀티플렉스 방식으로 수행될 수 있다. 일 예로, 블록 S120은 복수의 샘플을 순방향 및 역방향 인덱스 (예를 들어, 고유 조합)로 바코딩하는 단계, 복수의 샘플을 멀티플렉스 방식으로 시퀀싱하는 단계; 및 시퀀싱 후, 상이한 사용자에게 대응하는 샘플들을 디멀티플렉싱(demultiplexing)하는 단계(예를 들어, BCL₂FASTQ 알고리즘 등으로)를 포함할 수 있다. 부가적으로 또는 대안적으로, 블록 S110의 일부의 경우(instance)의 어느 수는 어느 적절한 시간 및 프리퀀시에서 수행될 수 있다. 그러나, 생물학적 샘플의 프로세싱, 미생물 데이터세트의 결정 및/또는 다른 관련 견지는 2018년 7월 27일에 출원된 미국 특허출원 제16/047,840호에 기술된 것과 유사한 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있으며, 이는 본원에 그 전체가 참조로 포함된다.
- [0071] 그러나, 생물학적 샘플의 프로세싱, 미생물 데이터세트의 생성, 및/또는 다른 관련된 견지는 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.
- [0072] **3.1. A 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 미생물 데이터세트의 결정**
- [0073] 방법(100)의 구현은 미생물 데이터세트 (S110)의 결정단계를 포함할 수 있고, 이는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 (S115)과 관련된 미생물 데이터세트의 결정단계를 추가적으로 또는 대안적으로 포함할 수 있다.
- [0074] 변형으로, 미생물 데이터세트의 결정단계는 HPV와 관련된 미생물 데이터세트의 결정단계를 포함할 수 있다. 특정한 예로, HPV 검출 (및/또는 여성 생식계통-관련 특성화와 관련된 다른 적절한 분석 등)은 도 8에 기술된 바와 같이 수행될 수 있다: 튜브 및/또는 다른 적합한 용기에 수집된 샘플로 사용자에게 의한 자체 샘플링(예를 들어, 가정 샘플 수집 등)을 실험실로 가져 와서 수납한 후; 각각의 샘플에 대해, 2 개의 개별 서브 샘플이 생성되고 라벨링되는데, 하나는 HPV 유전자형 분석 (및/또는 다른 기존의 HPV 검출 기술, 예를 들어, 디진 테스트(digene test))용이고, 하나는 16S 증폭 용이고; 샘플 중의 DNA는 임상 추출 파이프라인(예를 들어, 도 8에 도시된 바와 같음)을 사용하여 추출되고; DNA 추출시, 자동 유체 제어기(예를 들어, 자동 액체 핸들러) 및/또는 다른 적절한 디바이스를 사용하여 DNA의 대략 절반 (예를 들어, 50 μ l)을 새로운 96-웰 플레이트 (및/또는 어느 적절한 플레이트 및/또는 용기)로 제거하고; DNA의 나머지는 16S V4 증폭, 통합(consolidation), 크기 선택, 정량 및 시퀀싱(예를 들어, 질 패널 특성화 파이프라인;)에 사용되며; 이러한 특정 예 및/또는 다른 적절한 변형은 여성 생식계통-관련 특성화에 사용하기 위한 특징을 결정하기 위해 미생물 데이터세트를 프로세싱을 통한 것과 같은, 16S 마이크로바이옴 다양성 이외에도 고위험 HPV (예를 들어, HPV 타입 16, 18, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68a, 68b, 70, 73, 82 등)의 검출을 보장할 수 있다.
- [0075] 특정한 예로, HPV 검출 (및/또는 여성 생식계통-관련 특성화 등과 관련된 다른 적절한 분석)은 도 9에 기술된 바와 같이 수행될 수 있다: 튜브 및/또는 다른 적합한 용기에 수집된 샘플로 사용자에게 의한 자체 샘플링(예를 들어, 가정 샘플 수집 등)을 실험실로 가져와서 수납한 후; 샘플 중의 DNA는 임상 추출 파이프라인(예를 들어,

도 9에 도시된 바와 같음)을 사용하여 추출되고; 샘플은 자동 유체 제어기 (예를 들어, 자동 액체 핸들러) 및/또는 다른 적절한 디바이스를 사용하여 96-웰 플레이트 (및/또는 어느 적절한 플레이트 및/또는 용기)로, 각각의 웰이 고유한 샘플을 대표하도록 추출되고; 추출시, DNA는 16S V4 영역에 특이적인 프라이머(예를 들어, 도 11에 도시된 바와 같은)뿐만 아니라 HPV의 L1 유전자를 표적으로 하는 프라이머(예를 들어, 도 11에 도시된 바와 같은)를 사용하여 2 단계 PCR에서 (예를 들어, 도 10에 도시된 바와 같이) 증폭되며; 여기서 제 1의 PCR은 다수의 HPV 균주의 L1 유전자 및 16S V4 영역을 증폭시키면서 동시에 Nextera 어댑터를 첨가하고; 제 2의 PCR에 사용된 프라이머는 제 1의 PCR에서의 Nextera 어댑터에 바인딩하고 인덱싱 바코드를 추가하여 샘플 간에서 각각의 샘플 플러스 일루미나(Illumina) P5/P7 어댑터를 구별하고; 각 반응에 사용된 16S V4 프라이머는 동일한 16S 프라이밍 부위를 갖는 단일 정방향 및 역방향 프라이머를 포함하며; 그러나, 16S 프라이머는 Nextera 어댑터와 16S 프라이밍 부위 사이에 삽입된 스테거 서열에 기초하여 샘플마다 다르며, 이는 애플리콘 라이브러리에 다양성을 추가하는 기능을 할 수 있고; HPV 프라이머의 경우, 적어도 저위험 및 고위험 둘 모두를 포함하여 임상적으로 관련된 HPV 균주의 큰 세트를 함께 증폭시킬 수 있는 정방향 및 역방향 프라이머의 혼합이 사용된다.

[0076] 박테리아 표적의 식별을 용이하게 하기 위한(예를 들어, 여성 건강 분석을 위한) 특정한 예에서, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 (및/또는 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분)과 관련된 미생물 데이터세트의 결정 단계는 추가적으로 또는 대안적으로 다양한 어레이의 16S 리보솜 RNA 코딩 서열을 증폭시키기 위해 적절한 ssDNA 올리고뉴클레오티드 프라이머 세트를 사용하여 추출된 DNA (예를 들어, 수집된 질 샘플과 관련하여 기술된 다음과 같은 접근법에 따라 추출된 DNA)에 대해 PCR을 수행하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 프라이머는 하나 이상의 어댑터 (예를 들어, 일루미나 시퀀싱 등), 샘플 다-멀티플렉싱을 위한 하나 이상의 DNA 바코드 및/또는 다른 적절한 성분을 포함할 수 있고; 그 후, PCR 반응은 자성 비드로 세척될 수 있고, 라이브러리는 하나 이상의 시퀀싱 시스템(예를 들어, 일루미나 시퀀서 등)에 생성, 정량 및/또는 로딩될 수 있으며; 데이터는 다-멀티플렉싱되고(de-multiplexed) 분석되며(예를 들어, 방법(100)의 구현의 일부를 포함하는 것과 같은 바이오인포매틱스 파이프라인을 사용하는 등); 필터를 통과하여 이전에 선택된 박테리아 표적에 할당된 시퀀싱 관독 (예를 들어, 특성화 프로세스를 통해)은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는데 사용될 수 있다 (예를 들어, 분석된 샘플에 대응하는 사용자와 같은 사용자에 대한 통지 등).

[0077] HPV 표적의 식별을 용이하게 하기 위한 (예를 들어, 여성 건강 분석을 위한) 것과 같은 특정한 예로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션(및/또는 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분)과 관련된 미생물 데이터세트의 결정 단계는 추가적으로 또는 대안적으로: 21 개의 상이한 HPV 균주 (및/또는 어느 적절한 타입 및 수의 HPV 균주)의 L1 단백질(및/또는 다른 적절한 표적)과 관련된(예를 들어, 표적화; 이에 대해 디자인된; 상보적인 등의) 올리고뉴클레오티드 프라이머 세트를 사용하여 추출된 DNA (예를 들어, 수집된 질 샘플과 관련하여 기술된 접근법에 따라 추출된 DNA)에 대해 PCR을 수행하는 단계를 포함할 수 있으며; 프라이머는 5' 말단에 범용 어댑터 서열을 포함할 수 있고; 하나 이상의 합성 dsDNA 스파이크 분자는 공지된 농도 (및/또는 어느 적절한 농도)로 PCR 반응에 추가적으로 또는 대안적으로 첨가될 수 있고 (및/또는 어느 적절한 성분에 첨가될 수 있음); 상기 합성 dsDNA 스파이크 분자(예를 들어, 이의 서열)는 상기 언급된 프라이머 세트(및/또는 다른 적합한 프라이머)에 의해 증폭될 수 있고, 21 HPV 표적(및/또는 다른 적합한 표적)과 유사한 ATGC 조성을 갖는 공지된 스캐폴드된 뉴클레오티드 서열(예를 들어, HPV 표적 및/또는 다른 적합한 표적 등의 서열 영역과 유사한 서열)을 포함할 수 있고; PCR 반응을 자성 비드로 세척한 다음, 상기 언급된 범용 어댑터 서열에 어닐링(anneal)하는 프라이머로 제 2 PCR 반응이 수행되고, 여기서 PCR 산물(예를 들어, 제 2 PCR 단계 후)은 시퀀싱(예를 들어, 일루미나 시퀀싱 등)에 필요한 어댑터 및 샘플 다-멀티플렉싱을 위한 하나 이상의 DNA 바코드를 모두 포함하며; 이어서, 제 2 PCR 반응을 자성 비드로 세척하고, 라이브러리를 생성, 정량 및/또는 하나 이상의 시퀀싱 시스템(예를 들어, 일루미나 시퀀서 등)에 로딩하고; 우리의 바이오인포매틱 파이프라인(예를 들어, 방법(100)의 구현의 일부를 포함하는 것과 같은 바이오인포매틱 파이프라인의 사용 등)을 사용하여 데이터가 다-멀티플렉스, 필터링 및 할당되고(assigned); 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는 21 개의 천연 HPV 균주 중 하나 (및/또는 다른 적합한 표적)에 할당된 시퀀싱 관독의 수 대 합성 스파이크 (예를 들어, 합성 dsDNA 스파이크 분자)의 비율을 결정하는 단계; 어느 적절한 수의 표적 및/또는 합성 스파이크에 대해 하나 이상의 비율 결정을 수행하는 단계를 포함할 수 있으며; 비율(들) 및/또는 시퀀싱 관독이 여성 생식계통-관련 특성화에 사용될 수 있고, 이는 21 개의 검출된 균주 (및/또는 다른 적합한 표적) 각각에 대한 HPV/스파이크 시퀀싱 관독에 대하여 계산된 비율(들)의 크기에 의존하는 것과 같이, HPV 균주 상태에 대해 하나 이상의 사용자 (예를 들어, 분석된 샘플에 해당하는 사용자)에게 알리는데 사용될 수 있다. 특정한 예로, 미생물 데이터세트를 결정하는 단계는 박테리아 표적에 대해 제 1 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계; HPV 표적의 L1 단백질과 관련된 프라이머 세트, 및 공지된 농도의 합성 dsDNA 스파이크 분자 및 유사한 ATGC 조성을 갖는 공지된 스캐폴드된 뉴클레오티드 서열을 HPV 표

적의 적어도 하나의 서열 영역에 포함하는 세트를 포함하는 성분 세트로 제 2 프라이머-기반 증폭을 수행하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 사용자 마이크로바이옴 특징은 HPV 표적과 합성 dsDNA 스파이크 분자 세트 사이의 시퀀싱 관독의 하나 이상의 비율을 포함할 수 있고; 여기서 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는 HPV 표적과 합성 dsDNA 스파이크 분자 세트 사이의 시퀀싱 관독의 하나 이상의 비율에 기초하여 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 조건에 대한 사용자에 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0078] 그러나, 합성 스파이크 분자, 바코드, 프라이머 및/또는 미생물 데이터세트 및/또는 특성화 결정을 용이하게 하기 위해 다른 적합한 성분을 사용하는 것은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0079] 변형으로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건 (및/또는 방법(100)의 구현의 임의의 어느 적절한 부분)과 관련된 미생물 데이터세트의 결정단계는 하나 이상의 PCR 접근법을 포함할 수 있다 (예를 들어, 도 10 도시된 바와 같음). 변형으로, 도 10에 도시된 바와 같이, PCR 접근법은 멀티플렉스 PCR에 상응하는 2 단계 PCR을 포함할 수 있으며, 여기서 16S V4 영역에 특이적인 단일 정방향 및 역방향 프라이머 및 HPV의 L1 유전자를 증폭시킬 수 있는 프라이머는 동일한 PCR 반응에서 조합되고; 이 PCR 이후에, 96-웰 포맷 및/또는 다른 적합한 포맷으로, 샘플은 PCR 오염물을 제거하기 위해 정제 방법 (예를 들어, 자성 비드 등)에 의해 세척될 수 있고; 제 2 단계 PCR의 경우, 일정한 부피가 제 2 PCR의 템플레이트로서 사용될 수 있으며, 이 PCR은 자동화 유체 제어기 (예를 들어, 자동화 액체 핸들러)를 사용하는 고유한 인덱싱 바코드로 각각의 샘플에 대한 단일 정방향 및 역방향 프라이머를 포함할 수 있다.

[0080] 변형으로, 도 10에 도시된 바와 같이, PCR 접근법은 세미-플렉스 PCR에 상응하는 2 단계 PCR을 포함할 수 있으며, 여기서 16S V4 영역에 특이적인 단일 정방향 및 역방향 프라이머 또는 HPV의 L1 유전자를 증폭시킬 수 있는 프라이머가 상이한 PCR 반응에 사용되며; 이 PCR 이후에, 96-웰 포맷 및/또는 다른 적합한 포맷으로, 샘플은 PCR 오염물을 제거하기 위해 정제 방법 (예를 들어, 자성 비드) 및/또는 어느 다른 적절한 방식에 의해 세척될 수 있고; 제 2 단계 PCR의 경우, 제 1 PCR로 각각으로 부터의 일정한 부피가 조합되어 제 2 PCR에 대한 템플레이트로서 사용되며, 이 PCR은 고유한 인덱싱 바코드로 각각의 샘플에 대한 단일 정방향 및 역방향 프라이머를 포함할 수 있으며, 자동화 유체 제어기 (예를 들어, 자동화 액체 핸들러)를 사용하여 수행될 수 있다.

[0081] 변형으로, 도 10에 도시된 바와 같이, PCR 접근법은 싱글플렉스 PCR에 상응하는 2 단계 PCR을 포함할 수 있으며, 여기서 16S V4 영역에 특이적인 단일 정방향 및 역방향 프라이머 또는 HPV의 L1 유전자를 증폭시킬 수 있는 프라이머가 상이한 PCR 반응에 사용되며; 이 PCR 이후에, 96-웰 포맷 및/또는 다른 적합한 포맷으로, 샘플은 PCR 오염물을 제거하기 위해 정제 방법 (예를 들어, 자성 비드) 및/또는 어느 다른 적절한 방식에 의해 세척될 수 있고; 제 2 PCR의 경우, 제 1 PCR로 부터의 일정한 부피가 별도로 유지되는 16S V4 및 HPV 둘 모두에 대한 제 2 PCR 각각에 대한 템플레이트로서 사용되며, 이 PCR은 각각의 샘플 또는 각각의 PCR(예를 들어 16S V4 또는 HPV)에 대하여 고유한 인덱싱 바코드를 갖는 단일 정방향 및 역방향 프라이머를 포함할 수 있으며, 자동화 유체 제어기 (예를 들어, 자동화 액체 핸들러)를 사용하여 수행될 수 있다.

[0082] 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S120은 프로세싱을 용이하게하도록 구성된 어느 다른 2 단계 PCR 방법 및/또는 다른 적절한 PCR 접근법을 구현할 수 있다.

[0083] 변형으로, 제 2 PCR 단계 후 (예를 들어, 2 단계 PCR에서), 샘플은 비드-기반 정제, SYBR-기반 정량화 및/또는 다른 적합한 접근법에 의해 정규화될 수 있으며, 따라서 각각의 샘플로부터 (총 최대 5 개의 96-웰 플레이트로부터) 동일한 양의 DNA가 통합(consolidate)될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 예컨대 자동화 유체 제어기 (예를 들어, 자동화 액체 핸들러)를 사용하여, 각각의 샘플로부터 동일한 부피를 제거하여(예를 들어, 총 최대 5 개의 96-웰 플레이트로부터), 통합하기 위해 단일 튜브로 옮겨질 수 있다. 예를 들어, 통합된 앰플리콘 라이브러리의 세척은 PCR 첨가제를 세척하고 어느 프라이머 이합체(dimer)를 제거하기 위해 Zymo 'Select-a-size DNA Clean & Concentrator'와 같은 컬럼-기반 세척 방법을 포함할 수 있다. 예를 들어, 통합된 앰플리콘 라이브러리의 세척은 통합된 라이브러리를 정제하기 위해 자성 비드의 사용을 포함할 수 있다. 예로서, 추가적인 또는 대안적인 정제 접근법은 컬럼에 의한 정제, PGR 산물 정제 및/또는 어느 다른 적절한 접근법 중 하나 이상을 포함할 수 있다.

[0084] 변형으로, DNA 라이브러리는 정량 분석 (예를 들어, Quant-iT dsDNA 분석)을 사용하고 자동 유체 제어기 (예를 들어, 자동 액체 핸들러) 및/또는 어느 다른 적절한 접근법을 사용하여 정량될 수 있다.

[0085] 미생물 데이터세트의 결정단계(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건 등과 관련된 것 등)는 차세

대 시퀀싱 기술 (예를 들어, NextSeq 500; 예컨대 여성 생식계통-관련 특성 결정에 사용하기 위한 미생물 데이터세트를 결정하기 위해)을 사용한, 자동 유체 제어기 (예를 들어, 자동 액체 핸들러) 및/또는 어느 적절한 시퀀싱 기술 (예를 들어, 본원에 기술된 것 등)을 사용한, 및/또는 어느 다른 적절한 접근법을 사용한, 하나 이상의 생성된 DNA 라이브러리 (예를 들어, 시퀀싱 라이브러리 등)의 시퀀싱을 포함할 수 있다.

[0086] 미생물 데이터세트를 결정하는 단계(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 등과 관련된 것 등)은 서열 판독(및/또는 시퀀싱 기술의 어느 적절한 출력 등)과 관련하여 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 필터링, 트리밍, 첨부(append), 클러스터링, 라벨링(예를 들어, 실제 유전자 서열, 오류 등) 및/또는 시퀀싱 출력의 다른 적절한 프로세싱.

[0087] 예를 들어, 방법(100)은 프로세스된 서열 판독 세트를 생성하는 단계를 포함할 수 있으며, 이는 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 16S 유전자를 증폭하는 단계; 평균 Q-스코어 > 30을 사용하여 판독을 필터링하는 단계; 예를 들어 9 개의 동일한 뉴클레오티드의 동일한 뉴클레오티드 반복 기준, 트리밍 프라이머 및 판독으로부터의 리딩 염기(leading bases)를 사용한 판독의 추가 필터링 단계; 정방향 및 역방향 판독을 첨부하는 단계(append); 1 뉴클레오티드의 거리를 사용한 클러스터링단계(예를 들어, Swarm 알고리즘으로); 클러스터 당 가장 풍부한 판독 서열을 실제 유전자 서열로서 라벨링하는 단계; 각각의 클러스터에 대해, 가장 풍부한 판독 서열을 클러스터에 판독 횟수에 대응하는 카운트로 할당하는 단계; 및 클러스터 당 가장 풍부한 판독 서열에 대해 키메라 제거를 수행하는 단계(예를 들어, VSEARCH 알고리즘 등을 사용하여). 그러나, 시퀀싱은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0088] 예로서, 방법(100)은 HPV 바이러스의 L1 유전자의 증폭에 기초하여 프로세스된 서열 판독 세트를 생성하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 프로세스된 서열 판독 세트를 생성하는 단계는 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 30 초과의 품질 스코어에 기초하여 판독을 필터링하는 단계; 프라이머 및 판독의 리딩(leading) 및 트레일링(trailing) 염기를 트리밍하는 단계; 사용된 데이터베이스의 타입에 의존하는 상이한 접근법을 기반으로 HPV 판독의 카운트를 결정하는 단계. 특정한 예로, HPV로부터의 L1 유전자로서의 판독의 식별은 기준 애플리곤 데이터베이스에 대해 수행될 수 있는데, 예컨대, 추가 필터링은 예를 들어, 9 개의 동일한 뉴클레오티드의 동일한 뉴클레오티드 반복을 포함할 수 있는 판독을 제거하는 단계, 정방향 및 역방향 판독을 연결하는 단계(concatenating); 1 뉴클레오티드의 거리를 사용한 클러스터링단계 (예를 들어, Swarm 알고리즘으로); 클러스터 당 가장 풍부한 판독 서열을 실제 유전자 서열로서 라벨링하는 단계; 각각의 클러스터에 대해, 가장 풍부한 판독 서열을 클러스터에 판독 횟수에 대응하는 카운트로 할당하는 단계; 및 클러스터 당 가장 풍부한 판독 서열에 대해 키메라 제거를 수행하는 단계(예를 들어, VSEARCH 알고리즘 등의 사용)를 포함할 수 있다. 특정한 예로, 프로세스된 서열 판독은 마이크로바이옴 조성 특성의 결정에 사용될 수 있다(예를 들어, 블록 S130). 특정한 예로, 판독은 기준 계놈에 대한 맵핑을 기초로하여 HPV로부터 L1 유전자로서 식별될 수 있으며, 예컨대, 판독의 추가 프로세싱은 기준 정렬 소프트웨어(예를 들어, BOWTIE2, BWA 등)를 사용하여 완전한 HPV 계놈에 대한 판독의 맵핑을 포함할 수 있다. 예를 들어, 정렬/매핑된 판독은 "sam" 및/또는 "bam" 파일 타입으로 저장될 수 있으며, 고유한 매핑된 판독은 어느 적절한 소프트웨어(예를 들어, Samtools)로 얻을 수 있다.

[0089] 예를 들어, 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션은 박테리아 표적 및 HPV 표적과 관련될 수 있고, 미생물 데이터세트의 결정단계는: 미생물 핵산으로부터 (예를 들어, 샘플로부터) 유래된 제 1 세트의 서열 판독의 필터링에 기초하여 박테리아 표적과 관련된 제 1 세트의 프로세스된 서열 판독을 결정하는 단계; 및 미생물 핵산으로부터 유래된 제 2 세트의 서열 판독의 필터링에 기초하여 HPV 표적과 관련된 제 2 세트의 프로세스된 서열 판독을 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 사용자 마이크로바이옴 특성의 결정단계는 제 1 및 제 2 세트의 프로세스된 서열 판독 세트에 기초하여 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특성의 결정단계는 박테리아 표적과 관련된 16S rRNA 유전자 서열에 대한 제 1 세트의 프로세스된 서열 판독의 정렬(alignment)에 기초하여 제 1 정렬 데이터를 결정하는 단계; HPV 표적에 관련된 HPV 서열에 대한 제 2 세트의 프로세스된 서열 판독의 정렬에 기초하여 제 2 정렬 데이터를 결정하는 단계; 및 제 1 및 제 2 정렬 데이터에 기초하여 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0090] 변형으로, 방법(100)은 자가-샘플링을 위한 샘플 키트를 제공하는 단계를 포함할 수 있다. 특정한 예로, 질 자가-수집 키트가 사용자에게 제공될 수 있으며, 이 키트는 멸균 면봉, 멸균 수를 갖는 튜브, 전용 용해(proprietary lysis) 및 주위 온도에서 운반하기 위해 DNA를 보존하는 안정화 버퍼 중에 지르코니아 비드를 갖는 튜브, 샘플링 지침 및/또는 기타 적절한 구성 요소를 포함한다 (예를 들어, 도 3에 도시된 바와 같음). 사용자는 멸균 수로 면봉을 적시고, 면봉을 편안하게 질 내로 삽입하고, 면봉의 축 둘레를 1 분 동안 (및/또는 다른

적절한 시간 동안) 원 운동하도록 하고, 그 후에, 면봉을 용해 버퍼 및 비드를 갖는 튜브 내로 1 분 (및/또는 다른 적절한 시간) 동안 교반(stir)하고; 균질화하기 위해 튜브를 1 분 (및/또는 다른 적절한 시간) 동안 진탕 시킨 후, 튜브는 사용자에게 의해 실험실로 운송될 수 있도록 지시될 수 있다. 특정한 예로, 코튼 면봉은 질 점막 으로부터 샘플을 얻기 위해 이용되고; 샘플을 실온에서 수 주 동안 (및/또는 다른 적절한 기간) 온전한 핵산을 보관할 수 있는 전용 버퍼 (및/또는 다른 적절한 용액 및/또는 물질)에 재현탁(resuspend)시키고, 예컨대 버퍼 는 세포 파괴를 위한 지르코니아 비드 및/또는 다른 적합한 물질을 포함할 수 있으며; 이어서, 재현탁된 샘플을 세포/조직 디스rupter(disrupter)에서 기계적 진단 처리되고; 이어서 샘플 상청액은 DNA 포획에 적합한 이온 강도 로 버퍼 중의 DNA-바인딩 자성 비드와 혼합되고; 및/또는 추출된 DNA는 뉴클레아제-바함유 물(nuclease-free water)에 재현탁된다.

[0091] 그러나, 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 샘플 프로세싱 및/또는 여성 생식계통-관련 조건과 관련된 미생 물 데이터세트의 결정은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0092] **3.2 보충 데이터의 프로세싱.**

[0093] 상기 방법(100)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S120을 포함할 수 있으며, 이는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건, 하나 이상의 사용자, 및/또는 다른 적절한 엔티티와 관련된(예를 들어, 정보 제공; 설명; 표시; 상관성 등) 보충 데이터(예를 들어, 하나 이상의 보충 데이터세트 등)를 프로세싱(예를 들어, 수신, 수집, 변환, 보충 특징 결정, 보충 특징 순위 결정, 상관성 식별 등)를 포함할 수 있다. 블록 S120은 미 생물 데이터세트, 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 결정 및/또는 치료적 개입 용이 화와 관련된 등)을 보충하기 위한 데이터를 프로세싱하도록 기능할 수 있고, 그리고/또는 상기 방법(100) 및/또 는 시스템(200)의 어느 적절한 부분을 보충하도록 기능할 수 있다(예를 들어, 블록 S130에서와 같은 하나 이상 의 특성화 프로세스를 용이하게 하기 위한 보충 데이터를 프로세싱하는 것; 예를 들어 여성 생식계통-관련 특성 화 모델을 용이하게 하는 것, 인증하는 것, 생성하는 것, 결정하는 것, 적용하는 것 및/또는 그렇지 않으면 프 로세싱하는 것과 같이). 예로서, 보충 데이터는 설문조사-도출 데이터, 사용자 데이터, 부위-특이적 데이터, 및 디바이스 데이터 (및/또는 다른 적절한 보충 데이터) 중 적어도 하나를 포함할 수 있으며, 여기서 상기 방법 (100)의 예는 설문조사-도출 데이터, 사용자 데이터, 부위-특이적 데이터, 및 디바이스 데이터 (및/또는 다른 적절한 보충 데이터) 중 적어도 하나에 기초한 보충 특징 세트를 결정하는 단계; 및 보충 특징, 마이크로바이옴 특징 및/또는 다른 적합한 데이터에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계를 포함할 수 있다.

[0094] 보충 데이터는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 설문조사-도출 데이터(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건에 대해, 본원에 기술된 어느 적절한 타입의 데이터에 대해 설문조사 하는 하나 이상의 설 문조사에 대한 응답으로부터의 데이터, 등); 부위-특이적 데이터(예를 들어, 특정 수집 장소에서의 마이크로바 이옴과 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건 간의 상관성을 나타내는 사전 생물학적 지식과 같은 상이한 수 집 부위에 대한 정보를 제공하는 데이터 등); 여성 생식계통-관련 조건 데이터(예를 들어, 마이크로바이옴 특 성, 요법, 사용자와 관련된 것과 같은, 상이한 여성 생식계통-관련 조건에 대한 정보를 제공하는 데이터 등); 디바이스 데이터(예를 들어, 센서 데이터; 여성 생식계와 관련된 상황별 센서 데이터; 웨어러블 디바이스 데이 터; 의료 디바이스 데이터; 모바일 앱 애플리케이션 데이터와 같은 사용자 디바이스 데이터; 웹 애플리케이션 데이 터 등); 사용자 데이터(예를 들어, 치료 이력, 의학 검사 이력 데이터와 같은 사용자 의료 데이터 현재 및 과 거 의료 데이터; 의료 디바이스-유래 데이터; 생리학적 데이터; 의료 검사와 관련된 데이터; 소셜 미디어 데이 터; 인구통계 데이터; 가족력 데이터; 행동을 기술하는 행동 데이터; 환경적 요인을 기술하는 환경 요인 데이터; 식품 확립 체크인으로부터의 데이터, 분광광도 분석 데이터, 사용자 입력 데이터, 프로바이오틱 및/또 는 프리바이오틱 음식 품목과 관련된 영양 데이터, 다이어트-관련 데이터, 예컨대 소비된 음식의 타입, 소비된 음식의 양, 칼로리 데이터, 다이어트 요법 데이터 및/또는 다른 적절한 다이어트-관련 데이터 등); 사전 생물학 적 지식(예를 들어, 여성 생식계통-관련 조건, 마이크로바이옴 특성, 마이크로바이옴 특성과 여성 생식계통- 관련 조건 간의 관련성의 정보 등); 및/또는 어느 다른 적합한 타입의 보충 데이터.

[0095] 변형으로, 보충 데이터 프로세싱은 설문조사-도출된 데이터를 프로세싱하는 것을 포함할 수 있고, 여기서 설문 조사-도출된 데이터는 조건 데이터(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건의 존재, 부재 및/또는 심각도를 나타내는 등), 생리학적 데이터, 인구통계 데이터, 행동 데이터, 환경 요인 데이터(예를 들어, 환경 요인 설명 등), 다른 타입의 보충 데이터, 및/또는 어느 다른 적절한 데이터를 제공할 수 있다. 생리학적 데이 터는 생리학적 특징과 관련된 정보(예를 들어, 키, 체중, 체질량 지수, 체지방률, 체모 수준, 병력 등)를 포함 할 수 있다. 인구통계 데이터는 인구통계학적 특성(예를 들어, 성별, 나이, 민족성, 결혼 여부, 형제 자매 수,

사회 경제적 상태, 성적 취향 등)과 관련된 정보를 포함할 수 있다. 행동 데이터는 다음 중 하나 이상을 포함하는 행동을 기술할 수 있다: 건강 관련 상태(예를 들어, 건강 및 질병 상태), 다이어트 습관(예를 들어, 알코올 소비, 카페인 소비, 잡식성, 채식주의자, 완전 채식주의자, 설탕 소비, 산 소비, 밀, 계란, 콩, 트리너트, 피너트, 조개류의 소비, 음식 선호도, 알레르기 특성, 다른 음식물 아이템의 소비 및/또는 회피 등), 행동 성향(예를 들어, 신체 활동의 수준, 약물 사용, 알코올 사용, 습관 발달 등), 상이한 수준의 이동성(예를 들어, 운동량, 예를 들어, 낮음, 중간 및/또는 극한의 신체적 운동 활동; 주어진 시간 내에 이동한 거리와 관련하여; 모션 및/또는 위치 센서와 같은 이동성 센서에 의해 표시됨 등), 상이한 수준의 성적 활동(예를 들어, 파트너 수 및 성적 취향 관련) 및 어느 다른 적절한 행동 데이터. 설문조사-도출 데이터는 (예를 들어, 심각도의 척도, 정성적 반응을 정량화된 점수로 맵핑하는 것 등을 사용하여) 정성적 데이터가 정량적 데이터로 변환될 수 있는 것과 같이, 정량적 데이터, 정성적 데이터 및/또는 다른 적절한 타입의 설문조사-도출 데이터를 포함할 수 있다. 설문조사-도출 데이터의 프로세싱은 하나 이상의 설문조사를 하나 이상의 사용자, 대상자 및/또는 다른 적절한 엔티티에 제공하는 것에 의한 것과 같이, 설문조사-도출 데이터의 수집을 용이하게 하는 것을 포함할 수 있다. 설문조사는 개인적으로(예를 들어, 샘플 키트 제공 및/또는 샘플의 수신과 조정하여 등), 전자적으로(예를 들어, 계정 설정 동안; 대상자의 전자 디바이스에서 실행되는 애플리케이션에서, 웹 애플리케이션에서 그리고/또는 인터넷 접속을 통해 접속가능한 웹 사이트 등), 및/또는 어느 다른 적절한 방식으로 제공될 수 있다.

[0096] 추가적으로 또는 대안적으로, 보충 데이터의 프로세싱은 센서 데이터의 프로세싱(예를 들어, 여성 생식계통-관련 디바이스, 웨어러블 컴퓨팅 디바이스, 모바일 디바이스의 센서; 사용자 스마트폰의 생체 센서와 같은 사용자와 관련된 생체 센서 등)를 포함할 수 있다. 센서 데이터는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 신체 활동- 및/또는 신체 행동-관련 데이터(예를 들어, 가속도계 데이터, 자이로스코프(gyroscope) 데이터, GPS 데이터와 같은 위치 센서 데이터 및/또는 모바일 디바이스 및/또는 웨어러블 전자 디바이스와 같은 하나 이상의 디바이스로부터의 이동성 센서 데이터 등), 환경 요인을 기술하는 센서 데이터(예를 들어, 온도 데이터, 고도 데이터, 기후 데이터, 광 파라미터 데이터, 압력 데이터, 대기 질 데이터 등), 생체 센서 데이터(예를 들어, 혈압 데이터; 온도 데이터; 팽창과 관련된 압력 데이터; 심박수 센서 데이터; 지문 센서 데이터; 안면 이미지 및/또는 비디오와 같은 광학 센서 데이터; 모바일 디바이스의 센서를 통해 기록된 데이터; 웨어러블 또는 다른 주변 디바이스를 통해 기록된 데이터 등), 및/또는 센서와 관련된 어느 다른 적절한 데이터. 추가적으로 또는 대안적으로, 센서 데이터는 다음 중 하나 이상에서 샘플링된 데이터를 포함할 수 있다: 광학 센서(예를 들어, 이미지 센서, 광 센서, 카메라 등), 오디오 센서(예를 들어, 마이크로폰 등), 온도 센서, 휘발성 화합물 센서, 대기 질 센서, 무게 센서, 습도 센서, 깊이 센서, 위치 센서(GPS 수신기; 비콘(beacons); 실내 포지셔닝 시스템; 콤팩스 등), 모션 센서(예를 들어, 가속기, 자이로스코프, 자력계, 사용자에게 의해 착용된 디바이스와 통합된 모션 센서 등), 생체 센서(예를 들어, 심박수 모니터링을 위한 심박수 센서; 지문 센서; 안면 인식 센서; 바이오-임피던스 센서 등), 압력 센서, 근접 센서(예를 들어, 움직임 및/또는 제3자 객체의 다른 견지들을 모니터링하기 위한 것 등), 흐름 센서, 전력 센서(예를 들어, 홀(Hall) 효과 센서), 가상현실-관련 센서, 증강현실-관련 센서 및/또는 어느 다른 적합한 타입의 센서.

[0097] 추가적으로 또는 대안적으로, 보충 데이터는 의료 기록 데이터 및/또는 임상 데이터를 포함할 수 있다. 이와 같이, 보충 데이터세트의 일부는 하나 이상의 전자 건강 기록(EHRs)으로부터 도출될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 보충 데이터는 어느 다른 적합한 진단 정보(예를 들어, 임상 진단 정보)를 포함할 수 있다. 어느 적절한 보충 데이터(예를 들어, 추출된 보충 특징 등의 형태로)는 마이크로바이옴 특징 및/또는 상기 방법(100)(예를 들어, 특성화 프로세스를 수행하는 것 등) 및/또는 시스템(200)의 구현의 일부를 수행하기 위한 다른 적합한 데이터와 조합되고 그리고/또는 이와 함께 사용될 수 있다. 예를 들어, 컴퓨터 단층 촬영(CT 스캔), 초음파, 생검, 혈액 검사, 암 스크리닝 검사, 소변 검사(예를 들어, 감염을 검출하기 위한 것 등), 진단 영상, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 다른 적절한 진단 절차, 설문조사-관련 정보, 및/또는 어느 다른 적절한 시험과 관련된(예를 들어, 이로부터 도출된 등) 보충 데이터가 보충하기 위해(예를 들어, 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 적절한 부분에 대하여) 사용될 수 있다.

[0098] 추가적으로 또는 대안적으로, 보충 데이터는 다음 중 하나 이상을 포함하는 요법-관련 데이터를 포함할 수 있다: 요법 레지멘, 요법의 타입, 권장 요법, 사용자에게 의해 사용된 요법, 요법 준수 및/또는 요법과 관련된 다른 적절한 데이터. 예를 들어, 보충 데이터는 하나 이상의 요법(예를 들어, 권장 요법 등)과 관련된 사용자 준수 매트릭스(예를 들어, 의약 준수, 프로바이오틱 준수, 신체 운동 준수, 다이어트 준수 등)를 포함할 수 있다. 그러나, 보충 데이터의 프로세싱은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0099] **3.3 특성화 프로세스 수행.**

[0100] 상기 방법(100)의 구현은 블록 S130을 포함할 수 있으며, 이는 미생물 데이터세트(예를 들어, 블록 S110에서 도출된 것 등) 및/또는 다른 적절한 데이터(예를 들어, 보충 데이터세트 등)에 기초한 것과 같이, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 특성화 프로세스(예를 들어, 프리-프로세싱; 특징 생성; 특징 프로세싱; 부위-특이적 특성화, 예를 들어, 하나 이상의 특정 신체 부위에 특이적인 특성화, 예를 들어, 신체 부위에 상응하는 수집 부위에서 수집된 샘플에 대해, 예를 들어, 다중 신체 부위에 대한 다중-부위 특성화와 같은; 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 교차-컨디션 분석; 모델 생성 등)를 수행하는 것을 포함할 수 있다. 블록 S130은 마이크로바이옴 조성(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 등), 기능(예를 들어, 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 등), 및/또는 다른 적절한 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하기 위한 특성화 모델의 생성 및 적용을 통해서 등)에 기초하여, 사용자 또는 및 사용자 세트에 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 데 사용될 수 있는 특징 및/또는 특징 조합을 식별, 결정, 추출 및/또는 그렇지 않으면 프로세싱하는 기능을 할 수 있다.

[0101] 이와 같이, 특성화 프로세스는 이들의 건강 컨디션 상태(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션 상태), 행동 특질, 의학적 상태, 인구통계 특성, 및/또는 어느 다른 적절한 특질 중 하나 이상과 관련하여, 이들의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징에 기초하여, 대상자를 특성화할 수 있는 진단 도구로서(예를 들어, 행동 특질 면에서, 의학적 컨디션 면에서, 인구통계 특성 면에서 등) 사용될 수 있다. 이러한 특성화는 요법(예를 들어, 요법 모델에 의해 결정되는 것과 같은 개인화된 요법 등)을 결정, 권장 및/또는 제공하고 그리고/또는 그렇지 않으면 치료적 개입을 용이하게 하는 데 사용될 수 있다. 추가로 또는 대안적으로, 특성화 프로세스는 미생물 데이터베이스(예를 들어, 하나 이상의 마이크로바이옴 특징과 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 사이의 연관성을 포함하는 등)를 기초로 할 수 있다.

[0102] 특성화 프로세스 수행 S130은 미생물 데이터세트, 마이크로바이옴 특징, 및/또는 다운스트림 프로세싱을 용이하게 하기 위한 다른 적절한 데이터를 프리-프로세싱하는 것을 포함할 수 있다(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 결정 등). 실시예에서, 특성화 프로세스 수행은 다음 중 하나 이상에 의해 미생물 데이터 세트를 필터링하는 것(예를 들어, 마이크로바이옴 특징을 결정하기 위해 분석 기술 세트를 적용하기 전 등과 같이, 미생물 서열 데이터세트를 필터링하는 것 등)을 포함할 수 있다: a) 생물학적 샘플 세트의 제1 샘플 이상치(outliers)(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 등)에 상응하는 제1 샘플 데이터를 제거하는 것, 예를 들어 여기서 제1 샘플 이상치가 주요 구성 요소 분석, 차원 감소 기술(dimensionality reduction technique), 및 다변량 방법론 중 적어도 하나에 의해 결정됨; b) 생물학적 샘플 세트의 제2 샘플 이상치에 상응하는 제2 샘플 데이터를 제거하는 것, 여기서 제2 샘플 이상치는 마이크로바이옴 특징 세트에 대해 상응하는 데이터 품질에 기초하여 결정될 수 있음(예를 들어, 역치 컨디션 이하의 고품질 데이터를 갖는 다수의 마이크로바이옴 특징에 상응하는 샘플을 제거하는 것 등); 및 c) 역치 샘플 수 컨디션을 만족하는 데 실패한 마이크로바이옴 특징에 대한 샘플 수에 기초하여 마이크로바이옴 특징 세트로부터 하나 이상의 마이크로바이옴 특징을 제거하는 것, 여기서 샘플 수는 마이크로바이옴 특징에 대해 고품질 데이터와 관련된 샘플의 수에 상응함. 그러나, 프리-프로세싱은 어느 적절한 방식으로 어느 적합한 분석 기술로 수행될 수 있다.

[0103] 특성화 프로세스를 수행함에 있어서, 블록 S130은 컴퓨터상의 방법(예를 들어, 통계학적 방법, 기계학습 방법, 인공지능 방법, 생물정보학 방법 등)을 사용하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖는 사용자 세트의 특성적인 특징) 특징을 나타냄으로써(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관된 및/또는 그렇지 않으면 다르게 관련된 특성화 프로세스에 의해 식별되는 마이크로바이옴 특징에 대해 특징값을 결정하는 것을 포함할 수 있다) 대상자를 특성화할 수 있다.

[0104] 도 19에 도시된 바와 같이, 특성화 프로세스를 수행하는 것은 하나 이상의 분석 기술을 적용하는 것에 의한 것과 같이, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 가장 높은 관련성이 있는 마이크로바이옴 특징을 식별하는 단계; 예를 들어 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 식별된 마이크로바이옴 특징에 대응하는 사용자 마이크로바이옴 특징의 존재, 부재 및/또는 값과 같은 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계 등)를 포함할 수 있다. 실시예에서, 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 기능적 특징 등)을 결정하는 것은 예를 들어, 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트 등)에 기초하여, 단일변량 통계 테스트, 다변량 통계 테스트, 차원 감소 기술, 및 인공지능 접근법 중 적어도 하나를 포함하는 분석 기술 세트를 적용할 수 있으며, 그리고 여기서 마이크로바이옴 특징은 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화의 결정과 관련된 컴퓨팅 시스템-관련 기능성(예를 들어, 정확도, 오류 감소, 처리 속도, 스케

일링 등과 관련하여)을 개선하도록 구성될 수 있다. 실시예에서, 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징 등)을 결정하는 것은, 예를 들어, 미생물 데이터세트에 기초한 것과 같이, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 및 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 중 적어도 하나의 존재, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 및 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 중 적어도 하나의 부재, 제1 여성 생식계통-관련 컨디션과 연관 상이한 분류학적 그룹의 상대적 풍부도(존재비, abundance)을 나타내는 상대적 풍부도 특징, 상이한 분류학적 그룹과 관련된 적어도 2개의 마이크로바이옴 특징들 사이의 비율을 나타내는 비율 특징, 상이한 분류학적 그룹들 사이의 상호작용을 나타내는 상호작용 특징, 및 상이한 분류학적 그룹들 사이의 계통발생학적 거리를 나타내는 계통발생학적 거리 특징 중 적어도 하나를 결정하기 위한 분석 기술 세트를 적용하는 단계를 포함할 수 있으며, 그리고 여기서 분석 기술 세트는 단일변량 통계학적 시험, 다변량 통계학적 시험, 차원 감소 기술 및 인공지능 접근법 중 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0105] 변형으로, 생물학적 샘플과 관련된 마이크로바이옴의 미생물 대표(represented) 그룹이 식별에 의해, 생물학적 샘플과 관련된 마이크로바이옴의 조성 및 기능적 견지와 관련된(예를 들어, 이로부터 도출된) 특징들의 생성이 수행될 수 있다. 변형으로, 특징들의 생성은 상기 방법(100)의 후속 블록에서의 특성화에 유용한 마커를 식별하기 위해서, 다좌위 서열 타이핑(multilocus sequence typing; MLST)에 기초한 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 생성된 특징들은 특정 미생물 분류 그룹의 존재 또는 부재, 및/또는 나타난 미생물 분류 그룹 간의 비율을 기술하는 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 다음 중 하나 이상을 기술하는 특징들을 생성하는 것을 포함할 수 있다: 대표 분류 그룹의 양, 대표 분류 그룹의 네트워크, 다른 대표 분류 그룹과의 상관관계, 다른 분류 그룹 간의 상호작용, 다른 분류 그룹에 의해 생산되는 제품, 다른 분류 그룹에 의해 생산되는 제품들 간의 상호작용, (예를 들어, RNA 분석에 기초하여 다른 대표 분류 그룹에 대한) 사멸 및 생존 미생물 간의 비율, (예를 들어, 칸토로비치-루빈스타인 거리(Kantorovich-Rubinstein distances), 바세르스타인 거리(Wasserstein distances) 등의 관점에서) 계통발생학적 거리, 기타 적절한 분류 그룹-관련 특징(들), 기타 적절한 유전적 또는 기능적 견지(들).

[0106] 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은, 하나 이상의 미생물 그룹의 상대적 풍부도의 최대화를 측정(maximum likelihood estimation)을 실행하기 위해, 예를 들어, sparCC 접근법, 게놈 상대적 풍부도 및 평균 크기(Genome Relative Abundance and Average size; GAAS) 접근법 및/또는 서열 유사성 데이터를 이용하는, 혼합 모델 이론을 이용하는 게놈 상대적 풍부도(Genome Relative Abundance using Mixture Model theory; GRAMMy) 접근법을 이용하여, 상이한 미생물 그룹의 상대적 풍부도를 기술하는 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 풍부도 매트릭스로부터 도출되는 것과 같은, 분류 그룹 다양성의 통계적 수단의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 (예를 들어, 다른 분류 그룹의 풍부도에 영향을 미치는 한 분류 그룹의 풍부도 상의 변화와 관련된) 상대적 풍부도 인자와 관련된(예를 들어, 이로부터 도출되는) 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 분리하여 및/또는 조합하여 하나 이상의 분류 그룹의 존재를 나타내는 질적인 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 생물학적 샘플과 관련된 마이크로바이옴의 미생물을 특성화하는 유전자 마커(예를 들어, 대표적인 16S, 18S 및/또는 ITS 서열들)와 관련된 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 특정한 유전자 및/또는 상기 특정한 유전자를 갖는 유기체의 기능적 연관성과 관련된 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 생성은 분류 그룹의 병원성 및/또는 분류 그룹에 귀속된 생산물과 관련된 특징들의 생성을 포함할 수 있다. 그러나, 블록 S130은 생물학적 샘플의 핵산의 시퀀싱 및 맵핑으로부터 도출된 어느 다른 적절한 특징(들)의 결정을 포함한다. 예를 들어, 특징(들)은 조합적이고(예를 들어, 쌍, 트리플렛과 관련된), 상관적이고(예를 들어, 상이한 특징들 사이의 상관성과 관련된), 그리고/또는 특징들의 변화와 관련(예를 들어, 시간적 변화, 샘플 부위 등에 걸친 변화, 공간적 변화 등)될 수 있다. 그러나, 마이크로바이옴 특징의 결정은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0107] 변형으로, 특성화 프로세스 수행은 제1 신체 부위와 관련된 부위-특이적 특징의 제1 서브세트, 및 제2 신체 부위와 관련된 부위-특이적 특징의 제2 서브세트를 포함하는 부위-특이적 특징 세트에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화를 수행하는 것과 같이, 다수의 수집 부위와 관련된 하나 이상의 다중-부위 분석을 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델로; 다중-부위 특성화를 수행하는 것 등) 수행하는 것을 포함할 수 있다. 다중-부위 분석은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0108] 변형으로, 특성화 프로세스 수행은 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델 등을 사용하여) 하나 이상의 교차-컨디션 분석을 수행하는 단계를 포함할 수 있다. 실시예에서, 교차-컨디션 분석을 수행하는 단계는, 하나 이상의 분석 기술에 기초하여, 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션(예

를 들어, 제1 여성 생식계통-관련 컨디션 및 제2 여성 생식계통-관련 컨디션 등)과 관련된 교차-컨디션 특징 세트(예를 들어, 마이크로바이옴 특징을 결정하는 것의 일부로서)를 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 제1 및 제2 여성 생식계통-관련 컨디션 등)에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것을 포함할 수 있으며, 그리고 여기서 교차-컨디션 특징 세트는 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화의 결정과 관련된 컴퓨팅 시스템-관련 기능을 개선시키도록 구성된다. 교차-컨디션 분석을 수행하는 것은 교차-컨디션 상관 매트릭스(예를 들어, 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션에 상응하는 데이터 사이의 상관성 및/또는 공분산 등) 및/또는 교차-컨디션 분석과 관련된 다른 적절한 매트릭스를 결정하는 것을 포함할 수 있다. 그러나, 교차-컨디션 분석 수행은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0109] 변형으로, 특성화는 표적 상태(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션 상태)를 나타내는 제1 대상자 그룹과 상기 표적 상태를 나타내지 않는(예를 들어, "정상" 상태인) 제2 대상자 그룹 사이에 유사성 및/또는 차이점의 통계학적 분석(예를 들어, 확률 분포 분석)과 관련된(예를 들어, 이로부터 도출된) 특징에 기초할 수 있다. 이러한 변형예를 실행함에 있어서, 하나 이상의 콜모고로프-스미르노프 검정(Kolmogorov-Smirnov (KS) test), 순열 검정(permutation test), 크래머-폰미세스 검정(Cramer-von Mises test), 및 기타 통계학적 검정(예를 들어, t-테스트, z-테스트, 카이 제곱(chi-squared) 검정, 분포 연관 테스트, 등) 및/또는 다른 적절한 분석 기술이 사용될 수 있다. 특히, 하나 이상의 이러한 통계학적 가설 검정들은 표적 상태(예를 들어, 병든 상태)를 나타내는 제1 대상자 그룹과 표적 상태를 나타내지 않는(예를 들어, 정상 상태인) 제2 대상자 그룹에서 다양한 정도의 풍부도를 갖는 특징들 세트를 평가하는 데 사용될 수 있다. 보다 상세하게, 평가된 특징들 세트는 특성화에 있어서 신뢰도를 높이거나 낮추기 위해, 제1 대상자 그룹 및 제2 대상자 그룹과 관련된 다양성과 관계가 있는 풍부도 백분율(percent abundance) 및/또는 기타 적절한 파라미터에 기초하여 제한될 수 있다. 본 실시예의 특정 실행에서, 특징은 제1 대상자 그룹 및 제2 대상자 그룹에서 특정 백분율로 풍부한 박테리아 분류 그룹으로부터 도출될 수 있고, 여기서 제1 대상자 그룹 및 제2 대상자 그룹 사이에 분류 그룹의 상대적 풍부도는(예를 들어, p-값의 관점에서) 유의성의 표시와 함께 KS 검정으로 결정될 수 있다. 따라서, S130 블록의 출력은 유의성(예를 들어, 0.0013의 p-값)의 표시를 나타내는 정규화된 상대적 풍부도 값(예를 들어, 건강한 대상자 대비 병든 대상자에서; 여성 생식계통-관련 컨디션을 가진 대상자 vs. 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖지 않은 대상자에서 분류 그룹의 25% 초과 풍부도)을 포함할 수 있다. 특징 생성 변형은 추가적으로 또는 대안적으로 기능적 특징들 또는 메타데이터(metadata) 특징들(예를 들어, 비-박테리아 마커)을 실행하거나 이들로부터 도출될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 임의의 적절한 마이크로바이옴 특징이 예측 분석(prediction analysis), 다중 가설 검증, 랜덤 포레스트 검정, 주성분 분석, 및/또는 다른 적절한 분석 기술 중 어느 하나 이상을 포함하는 통계학적 분석(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트 및/또는 다른 적절한 미생물 데이터세트 등에 적용된)에 기초하여 도출될 수 있다.

[0110] 특성화 프로세스를 수행하는 데 있어서, 블록 S130은 추가적으로 또는 대안적으로 마이크로바이옴 조성 다양성 데이터세트 및 마이크로바이옴 기능적 다양성 데이터세트 중 적어도 하나를 대상자 집단의 특성화를 예측하는 데 있어서의 효능을 테스트할 수 있는 특징 벡터들(feature vectors)로 변형시킬 수 있다. 상기 보충 데이터세트로부터의 데이터는 특성화 세트의 하나 이상의 특성화의 표시를 제공하기 위해 사용될 수 있고, 여기서, 특성화 프로세스는 분류를 정확하게 예측하는 데 있어서 높은 수준(또는 낮은 수준)의 예측력을 가진 특징들 및/또는 특징 조합을 식별하기 위해 후보 특징들 및 후보 분류의 트레이닝 데이터세트로 트레이닝된다. 이와 같이, 상기 트레이닝 데이터세트를 이용한 특성화 프로세스의 정교화는 대상자의 특정 분류와 높은 상관관계를 갖는(예를 들어, 대상자 특징들의, 특징들 조합의) 특징 세트를 식별한다.

[0111] 변형으로, 특성화 프로세스의 분류를 예측하는 데 효과적인 특징 벡터들은(예를 들어, 분류 그룹에 걸친 분포와 관련하여, 고세균, 세균, 바이러스 및/또는 진핵생물에 걸친 분포와 관련하여) 마이크로바이옴 다양성 매트릭스, 대상자의 마이크로바이옴에서 분류 그룹의 존재, 대상자의 마이크로바이옴에서 특정 유전자 서열(예를 들어, 16S 서열)의 대표성, 대상자의 마이크로바이옴에서 분류 그룹의 상대적 풍부도, (예를 들어, 보충 데이터세트로부터 결정된 작은 변화에 응답하는) 마이크로바이옴 탄성 매트릭스, 주어진 기능을 갖는 단백질 또는 RNA(예를 들어, 효소, 전달자, 번역 시스템으로부터의 단백질, 호르몬, 간섭 RNA 등)를 코딩하는 유전자의 풍부도 및 상기 마이크로바이옴 다양성 데이터세트 및/또는 상기 보충 데이터세트와 관련된 어느 다른 적절한 특징들 중 하나 이상과 관련된 특징들을 포함할 수 있다. 변형으로, 마이크로바이옴 특징은 다음 중 적어도 하나와 연관(예를 들어, 포함, 이에 상응, 전형적인 것 등)될 수 있다: 마이크로바이옴 특징들(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징들 등)로부터 마이크로바이옴 특징의 존재, 마이크로바이옴 특징들로부터 마이크로바이옴 특징의

부재, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 상이한 분류 그룹의 상대적 풍부도; 상이한 분류 그룹과 관련된 적어도 2개의 마이크로바이옴 특징, 상이한 분류 그룹 상이의 상호작용, 및 상이한 분류 그룹 사이의 계통발생학적 거리. 특정 실시예에서, 마이크로바이옴 특징은 마이크로바이옴 조성 다양성 특징(예를 들어, 상이한 분류 그룹과 관련된 상대적 풍부도) 및 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징(예를 들어, 상이한 기능적 특징에 상응하는 서열의 상대적 풍부도 등) 중 적어도 하나와 관련된 하나 이상의 상대적 풍부도 특성을 포함할 수 있다. 상대적 풍부도 특성 및/또는 다른 적절한 마이크로바이옴 특징(및/또는 본원에 기술된 다른 적절한 데이터)은 정규화, 선형 잠재 변수 분석 및 비-선형 잠재 변수 분석 중 적어도 하나로부터 도출된 특징 벡터, 선형 회귀, 비선형 회귀, 커널 방법, 피쳐 내장 방법, 기계 학습 방법, 통계적 추론 방법 및/또는 다른 적절한 분석 기술에 기초하여 추출되고 그리고/또는 그렇지 않으면 결정될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 특징들의 조합은 특징 벡터에서 사용될 수 있으며, 여기서 특징은 특징 세트의 일부로서 조합된 특징을 제공함에 있어서 그룹화 및/또는 가중치화될 수 있다. 예를 들어, 하나의 특징 또는 특징 세트는 대상자의 마이크로바이옴에 있는 박테리아의 대표 분류의 수, 대상자의 마이크로바이옴에서 특정 박테리아 속의 존재, 대상자의 마이크로바이옴에서 특정 16S 서열의 대표, 및 제1 문(phyllum)의 박테리아 대 제2 문의 박테리아의 상대적 풍부도의 가중치화된 컴포지트를 포함할 수 있다. 그러나, 특징 벡터는 추가적으로 또는 대안적으로 어느 다른 적절한 방식으로 결정될 수 있다.

[0112] 변형으로, 특성화 프로세스는 랜덤 특징 세트와 관련된 결정 트리 T 세트를 구성하는 트레이닝 데이터세트로부터 랜덤 특징 세트의 배깅(bagging)(예를 들어, 부트스트랩 집계) 및 선택을 조합하는 랜덤 포레스트 예측기(RFP) 알고리즘에 따라 생성되고 트레이닝될 수 있다. 랜덤 포레스트 알고리즘을 사용하는 경우, 결정 트리 세트로부터 N개의 사례가 무작위로 샘플링되어 결정 트리의 서브세트를 생성하고, 각 노드에 대해, 평가를 위해 모든 예측 특징으로부터 m 의 예측 특징이 선택된다. 노드에서 최상의 분할을 제공하는 예측 특징은 (예를 들어, 목적 함수에 따라) 분할을 수행하는데 사용된다(예를 들어, 노드에서의 2분기점으로서, 노드에서의 3분기점으로서). 큰 데이터 세트에서 다회 샘플링함으로써 분류 예측에 강한 특징을 식별할 때, 특성화 프로세스의 강도를 크게 높일 수 있다. 이 변형으로, 모델의 견고성을 높이는 것과 같이, 바이어스(예를 들어, 샘플링 바이어스)를 억제하기 위해 그리고/또는 바이어스의 양을 어카운팅하기 위한 조치가 프로세싱 중에 포함될 수 있다.

[0113] 변형으로, 블록 S130 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 부분은 집단-레벨 데이터를 프로세싱하기 위해 컴퓨터-실행되는 규칙(예를 들어, 모델, 특징 선택 규칙 등)을 적용하는 것을 포함할 수 있지만, 추가적으로 또는 대안적으로, 인구통계적 특성 별(specific) 기준(예를 들어, 요법 레지멘, 다이어트 레지멘, 신체적 활동 레지멘, 민족성, 나이, 성별, 체중, 행동과 같은 하나 이상의 인구통계 특성을 공유하는 서브그룹 등), 컨디션 별 기준(예를 들어, 특정 여성 생식계통-관련 컨디션, 여성 생식계통-관련 컨디션, 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 트리거, 관련된 증상의 조합을 나타내는 서브그룹 등), 샘플 타입 별 기준(예를 들어, 상이한 수집 부위로부터 도출된 마이크로바이옴 데이터를 프로세싱하기 위해 상이한 컴퓨터-실행 규칙을 적용하는 것 등), 사용자 기준(예를 들어, 상이한 사용자에 대해 상이한 컴퓨터-실행 규칙 등) 및/또는 어느 다른 적절한 기준으로, 마이크로바이옴-관련 데이터를 프로세싱하기 위해 컴퓨터-실행되는 규칙을 적용하는 것을 포함할 수 있다. 이와 같이, 블록 S130은 사용자 집단의 사용자를 하나 이상의 서브그룹에 할당하는 단계; 및 상이한 서브그룹에 대한 특징(예를 들어, 사용된 특징 타입 세트; 특징으로부터 생성된 특성화 모델의 타입 등)을 결정하기 위해 상이한 컴퓨터-실행 규칙을 적용하는 단계를 포함한다. 그러나, 컴퓨터-실행 규칙을 적용하는 것은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0114] 다른 변형으로, 블록 S130은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 마이크로바이옴 특성을 기술하는 사용자에게 대한 특성화를 출력하기 위해; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 요법 결정을 출력하기 위한 요법 모델 등)에 대해 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션 모델, 요법 모델 등)을 프로세싱(예를 들어, 생성, 트레이닝, 업데이트, 실행, 저장 등)하는 것을 포함할 수 있다. 특성화 모델은 바람직하게 입력으로서 마이크로바이옴 특징을 활용하고, 바람직하게는 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 이의 어느 적절한 구성 요소를 출력하고; 그러나, 특성화 모델은 어느 적절한 입력을 사용하여 어느 적절한 출력을 생성할 수 있다. 예를 들어, 블록 S130은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해, 보충 데이터, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징, 및 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징, 다른 마이크로바이옴 특징, 여성 생식계통-관련 특성화 모델의 출력 및/또는 다른 적절한 데이터를 하나 이상의 특성화 모델(예를 들어, 보충 데이터 및 마이크로바이옴 특징에 기초한 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 트레이닝하는 것 등)로 변형시키는 것을 포함할 수 있다. 다른 실시예에서, 상기 방법(100)은 사용자 집단으로부터 샘플 세트에 기초하여(예를 들어, 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 프라이머 타입에 기초하여 등), 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 집단

에 대한 (예를 들어, 상이한 집단 사용자에게 대한 미생물 서열 출력을 포함하여) 집단 미생물 서열 데이터 세트를 결정하는 단계; 대상자 집단에 대한 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 진단과 관련된 보충 데이터 세트를 수집하는 단계; 및 집단 미생물 서열 데이터 세트 및 보충 데이터 세트에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계를 포함할 수 있다. 예를 들어, 상기 방법(100)은 사용자로부터의 샘플에 기초하여 사용자에게 대한 사용자 마이크로바이옴 특징 세트를 결정하는 단계(여기서 사용자 마이크로바이옴 특징 세트는 대상자 세트와 관련된 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 대상자 세트; 마이크로바이옴 조성 특징 세트 및 마이크로바이옴 기능적 특징 세트에 상응하는 생물학적 샘플을 프로세싱하는 것에 기초하여, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관되는 결정된 마이크로바이옴 특징 등)과 연관됨); 요법 모델 및 사용자 마이크로바이옴 특징 세트에 기초하여 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 요법을 결정하는 단계를 포함하는 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 요법을 제공하는 단계(예를 들어, 사용자와 관련된 컴퓨팅 디바이스에서 사용자에게 요법에 대한 권장을 제공하는 단계) 및/또는 그렇지 않으면 치료적 개입을 용이하게 하는 단계를 포함할 수 있다.

[0115]

다른 변형으로, 도 24a-24b에 도시된 바와 같이, 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델 및/또는 다른 적절한 모델(예를 들어, 상이한 알고리즘, 상이한 특징 세트, 상이한 입력 및/또는 출력 타입으로 생성된, 시간, 빈도, 모델을 적용한 구성 요소와 관련된 것과 같은 상이한 방식으로 적용된 등)이 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 나이, 성별, 체중, 키, 민족성 등에 기초하여), 상이한 신체 부위(예를 들어, 내장 부위 모델, 코 부위 모델, 피부 부위 모델, 입 부위 모델, 생식기 부위 모델 등), 개별 사용자, 보충 데이터(예를 들어, 마이크로바이옴 특징, 여성 생식계통-관련 컨디션, 및/또는 다른 적절한 구성 요소의 사전 지식을 통합하는 모델; 생체인식 센서 데이터 및/또는 설문조사 반응 데이터 대 보충 데이터와 무관한 모델과 관련된 특징 등), 및/또는 적절한 기준에 대해 생성될 수 있다. 특정 실시예에서, 상기 방법(100)은 제1 신체 부위와 관련된 제1 부위-특이적 샘플(예를 들어, 내장 부위; 제1 신체 부위에 상응하는 신체 수집 부위에서 사용자에게 의해 수집된 샘플; 하나 이상의 신체 부위 등)을 수집하는 단계; 부위-특이적 샘플에 기초하여 미생물 데이터세트를 결정하는 단계; 미생물 데이터세트에 기초하여 제1 부위-특이적 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 부위-특이적 조성 특징; 부위-특이적 기능적 특징; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 본원에 기술된 적절한 마이크로바이옴 특징; 제1 신체 부위와 관련된 특징 등)을 결정하는 단계; 제1 부위-특이적 마이크로바이옴 특징에 기초하여 제1 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 내장 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델 등)을 결정하는 단계; 및 (예를 들어, 제1 신체 부위에 상응하는 사용자의 신체 수집 부위에서 수집된 사용자 샘플에 기초하여 도출된, 사용자 부위-특이적 마이크로바이옴 특징과 같은, 사용자 마이크로바이옴 특징을 프로세싱하기 위한 제1 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 사용하여) 제1 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 컨디션을 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 특정 실시예에서, 상기 방법(100)은 제2 신체 부위(예를 들어, 피부 부위, 생식기 부위, 입 부위, 및 코 부위; 하나 이상의 적절한 신체 부위 중 적어도 하나 등)와 연관 제2 부위-특이적 샘플을 수집하는 단계; 제2 부위-특이적 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 부위-특이적 조성 특징; 부위-특이적 기능적 특징; 제2 신체 부위와 관련된 특징 등)을 결정하는 단계; 제2 부위-특이적 조성 특징에 기초하여 제2 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 제2 신체 부위와 관련된 등)을 생성하는 단계; 추가의 사용자로부터 사용자 샘플을 수집하는 단계로서, 사용자 샘플은 제2 신체 부위(예를 들어, 제2 신체 부위에 상응하는 수집 부위에서 추가의 사용자에게 의해 수집된 등)와 연관되는, 단계; 및 제2 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 추가의 사용자에게 대한 추가의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정(예를 들어, 사용자의 피부 수집 부위로부터 수집되는 사용자 샘플에 기초하여 적용하기 위한 피부 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 선택하는 것과 같이, 사용자 샘플과 신체 부위 사이의 연관성에 기초하여 적용하기 위한 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델 세트로부터 제2 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 선택하는 것)하는 단계를 포함할 수 있다.

[0116]

변형으로, 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 어느 다른 적합한 특성화를 결정하는 단계는 특정 신체 부위(예를 들어, 장, 건강, 피부, 코, 입, 생식기, 다른 적절한 신체 부위, 다른 샘플 수집 부위 등)와 관련된 여성 생식계통-관련 특성화를 포함하는 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계(예를 들어, 부위-특이적 분석)를 포함할 수 있으며, 예를 들어, 다음 중 어느 하나 이상을 통해 이루어질 수 있다: 부위-특이적 데이터(예를 들어, 하나 이상의 신체 부위와 관련된 여성 생식계통-관련 컨디션 및 마이크로바이옴 특징 사이의 상관성을 정의하는 것)에 기초하여 도출된 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 하나 이상의 신체 부위에서 수집된 사용자 생물학적 샘플에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계, 및/또는 어느 다른 적절한 부위-관련 프로세스. 실시예에서, 기계 학습 접근법(예를

들어, 분류기, 딥 러닝 알고리즘, SVM, 랜덤 포레스트), 파라미터 최적화 접근법(예를 들어, 베이지안(Bayesian) 파라미터 최적화), 검증 접근법(예를 들어, 교차 검증 접근법), 통계 테스트(예를 들어, 일변량 통계 기술, 다변량 통계 기술, 표준 상관 분석과 같은 상관 분석 등), 차원 감소 기술(예를 들어, PCA) 및/또는 다른 적절한 분석 기술(예를 들어, 본원에 기술됨)이 부위-관련(예를 들어, 신체 부위-관련 등) 특성화(예를 들어, 각각의 타입의 샘플 수집 부위 등과 같은 하나 이상의 샘플 수집 부위에 대한 하나 이상의 접근법 사용 등), 다른 적합한 특성화, 요법 및/또는 어느 다른 적절한 출력을 결정하는데 적용될 수 있다. 특정 실시예에서, 특성화 프로세스를 수행하는 단계(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것; 마이크로바이옴 특징을 결정하는 것 등)는 다음 중 적어도 하나를 적용하는 것을 포함할 수 있다: 기계 학습 접근법, 파라미터 최적화 접근법, 통계 테스트, 차원 감소 기술 및/또는 다른 적절한 접근법(예를 들어, 여기서 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 세트 및/또는 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 세트와 같은 마이크로바이옴 특징은 내장 부위, 피부 부위, 코 부위, 입 부위, 생식기 부위 등 중 적어도 하나에서 수집된 미생물과 연관될 수 있다). 다른 특정 실시예에서, 다수의 샘플 수집 부위에 대해 수행되는 특성화 프로세스를 사용하여 집계 특성화(예를 들어, 본원에 기술된 하나 이상의 조건에 대한 것과 같은 집계 미생물 스코어 등)를 결정하기 위해 조합될 수 있는 개별 특성화를 생성할 수 있다. 그러나, 상기 방법(100)은 어느 적절한 부위-관련(예를 들어, 부위-특이적) 출력을 결정하는 단계, 및/또는 어느 적절한 방식으로 부위-특이성 및/또는 다른 부위-관련성을 가지고 상기 방법(100)의 구현의 어느 적절한 부분을 수행하는 단계(예를 들어, 샘플 수집, 샘플 프로세싱, 요법 결정 등)를 포함할 수 있다.

[0117] 대상자(들)의 특성화는, 상기 방법(100)의 구현에 따라 생성된 분석을 뒷받침하는데 있어서 특성화 프로세스의 민감도를 추가적으로 분석하기 위해, 고 거짓 양성 테스트(high false negative test) 및/또는 고 거짓 음성 테스트의 사용을 추가적으로 또는 대안적으로 실행할 수 있다.

[0118] 도 4-5에 도시된 바와 같이, 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 하나 이상의 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위(예를 들어, 건강한 기준 상대 풍부도(abundance) 범위를 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 상기 범위는 건강한 마이크로바이옴 및/또는 하나 이상의 컨디션의 부재와 연관될 수 있음); 하나 이상의 컨디션의 존재 및/또는 위험과 관련된 위험 기준 상대 풍부도 범위; 하나 이상의 분류군의 풍부도에 대한 미생물 조성 범위; 샘플에 존재하는 미생물의 계통발생적 다양성; 하나 이상의 분류군과 관련된 기능적 특성에 대한 미생물 기능적 다양성 범위 등); 사용자에 대한 사용자 마이크로바이옴 파라미터를 결정하는 단계; 및/또는 사용자 마이크로바이옴 파라미터와 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위 사이의 비교에 기초하여 사용자에 대한 특성화 생성(예를 들어, 상이한 박테리아 표적에 대한 건강한 기준 범위 밖의 풍부도를 나타내는 사용자 마이크로바이옴 파라미터에 기초하여 여성 건강 분석의 박테리아 표적과 관련하여 건강하지 않은 마이크로바이옴 조성을 갖는 것으로 사용자를 특성화하는 단계; 등) 및/또는 임의의 다른 적합한 조작 중 하나 이상을 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 마이크로바이옴 파라미터 범위는 임의의 적합한 하한 및 상한을 가질 수 있다(예를 들어, 락토바실러스의 상대적 존재비에 대해 0% 초과와 하한). 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위는 임의의 적합한 신뢰 구간(예를 들어, 사용자 집단에 걸쳐 99% 신뢰 구간)을 나타내는 범위를 포함할 수 있다. 일 예에서, 기준 상대 풍부도 범위는 임의의 적합한 분류군(예를 들어, 여성의 건강 분석을 위한 분류군의 목표 목록으로부터)에 대해 계산될 수 있으며, 예를 들어 해당 분류군에 상응하는 리드 수(count of reads)를 리드의 총 수로 나눈 것에 기초한다(예를 들어, 클러스터 및 필터링된 총 리드 수); 그러나, 기준 상대 풍부도 범위는 임의의 적절한 방식으로 계산될 수 있다.

[0119] 변형에서, 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위의 결정은 경험적으로 수행될 수 있다. 예를 들어, 블록 S130은 사용자 집단으로부터 생물학적 샘플 및 보충 데이터 세트를 수집하는 것을 포함할 수 있다. 사용자 집단은 임의의 적합한 상태의 마이크로바이옴 조성, 마이크로바이옴 계통 다양성, 마이크로바이옴 기능적 다양성, 컨디션 및/또는 기타 적합한 특성과 관련된 사용자를 포함할 수 있으며, 여기서 상기 보충 데이터세트(예를 들어, 사용자와 연관된 모바일 장치에서 실행되는 애플리케이션에서 디지털 방식으로 설문 조사를 실시하는 경우)는 특성의 유용한 정보를 제공할 수 있다. 특정 예에서, 방법(100)은 건강한 사용자 집단(예를 들어, 성병(SDTs), 질-관련 증상 및/또는 다른 컨디션으로 진단을 받지 않은 사용자 등)으로부터 생물학적 샘플을 처리하는 단계; 미생물 서열을 결정하기 위해(예를 들어, 블록 S120에서와 같이) 생물학적 샘플을 처리하는 단계; 각각의 사용자에게 대한 (예를 들어, 목표 분류 목록으로부터) 각각의 분류군의 상대 풍부도를 결정하는 단계; 건강한 사용자 집단에 대한 상대적 풍부도에 기초하여 각각의 분류군에 대한 건강한 범위를 생성하는 단계를 포함한다. 그러나, 경험적으로 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위를 결정하는 것은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다. 특정 예에서, 보충 데이터는 대상자의 세트로부터 대상자의 서브세트에 대한 적어도 하나의 여성 생식계통-관련 컨디션이 없음을 나타낼 수 있고; 여기서 마이크로바이옴 특징의 세트를 결정하는 단계는 미생물 서열 데

이터세트에 기초하여, 대상자의 서브세트와 관련된 건강한 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위를 결정하는 단계를 포함할 수 있고; 그리고 여기서 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계는 보충 데이터 및 건강한 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위에 기초하는 것을 포함하는 여성 생식계통-관련 특성화 모델(기준 마이크로바이옴 파라미터 범위를 사용자 마이크로바이옴 특징 및/또는 파라미터와 비교하기 위해 분석 기술을 이용하는 모델; 등)을 포함할 수 있다. 변형에서, 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위를 결정하는 것은 컨디션-관련 정보 소스를 수동으로 및/또는 자동으로 처리하는 것과 같이 비경험적으로 수행될 수 있다.

[0120] 특정 예에서, 특성화 프로세스를 수행하는 것은 샘플 세트(예를 들어, 50개의 질 샘플 등)의 분석에 기초하여 여성 건강 분석을 위한 한 세트의 표적(예를 들어, 32개의 박테리아 표적 등)에 대한 건강한 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위(예를 들어, 도 7a-7d에 도시된 바와 같은)를 결정하는 것을 포함할 수 있으며, 여기서 상기 샘플은 하기 중 하나 이상에 기초하여 선택될 수 있다: 자가-보고된(self-reported) 건강한 개인, 6개월 전 항생제 미사용 및/또는 STD의 존재를 포함하여 현재, 요로 또는 질 감염이 없음. 특정 예에서, 도 7a-7d에 도시된 바와 같이(예를 들어, 여기서 각각의 점은 상이한 질 샘플 내의 속 수준 또는 중 수준에서 상이한 박테리아 표적의 상대적 풍부도(존재비)를 나타내고; 박스는 25-76 번째 백분위수를 나타내며 중앙값(median)은 각 박스안에 나타나고; 수평선은 각 분포의 99% 신뢰 구간을 나타냄; 등) 락토바실러스 (Lactobacillus)는 가장 넓은 풍부도 분포(abundance distribution)와 함께 가장 다양한 큰 풍부도를 갖는 속일 수 있으며; 중 수준에서, 락토바실러스 이너스(Lactobacillus iners)에 대한 넓은 범위 및 높은 상대 풍부도를 포함하는, 상대적 풍부도의 유사한 분포가 발견 될 수 있다.

[0121] 그러나, 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위의 결정은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다.

[0122] 변형에서, 사용자에게 대한 사용자 마이크로바이옴 파라미터를 결정하는 것은 바람직하게는 사용자의 생물학적 샘플로부터 유래된 생성된 미생물 서열(예를 들어, 클러스터 및 필터링된 리드 등)에 기초한다. 예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 파라미터를 결정하는 것은 상이한 분류군(예를 들어, 분류군의 표적 목록에서 식별된)에 대한 상대 풍부도를 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 추가의 예에서, 사용자 마이크로바이옴 파라미터를 결정하는 것은 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 계통 발생 다양성 특징 및/또는 마이크로바이옴 기능적 특징을 추출하는 것을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 방법(100)은 하기를 포함할 수 있다: 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 계통 발생 다양성 특징 및/또는 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징(예를 들어, 건강한 사용자의 생물학적 샘플로부터 유래 된 것)의 값으로부터 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위를 결정하는 단계; 및 사용자 마이크로바이옴 조성 특징 값, 사용자 마이크로바이옴 계통 발생 다양성 특징 값, 및/또는 사용자 마이크로바이옴 기능 다양성 특징 값을 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위와 비교(예를 들어, 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위와 긍정적으로(positively) 및/또는 부정적으로(negatively) 관련된 컨디션에 대해)하는 단계.

[0123] 블록 S130과 관련하여, 하나 이상의 사용자 마이크로바이옴 파라미터를 하나 이상의 특성(예를 들어, 분류군, 컨디션 등)과 관련된 하나 이상의 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위와 비교하는 것은 사용자 마이크로바이옴 파라미터 값이 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위의 내부 또는 외부에 위치하는지 여부에 기초하여 사용자가 특성(예를 들어, 건강한 마이크로바이옴 등)을 소유하거나 소유하지 않는 것으로 특성화하는 것을 포함할 수 있다. 예를 들어, 블록 S130은: 나이세리아 고노르호에(Neisseria gonorrhoeae)에 대한 건강한 기준 상대 풍부도 범위를 도출하는 단계; 및 사용자가 건강한 기준 상대 풍부도 범위를 초과하는 나이세리아 고노르호에의 상대 풍부도를 갖는 것에 응답하여 사용자가 골반 염증성 질환의 위험이 있는 것으로 특성화하는 단계를 포함할 수 있다. 그러나, 하나 이상의 사용자 질 마이크로바이옴 파라미터를 비교하는 것은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다. 다른 예에서, 블록 S130은 락토바실러스 이너스에 대한 건강한 기준 상대 풍부도 범위를 도출하는 단계, 및 사용자가 건강한 기준 상대 풍부도 범위를 감소시키는 락토바실러스 이너스의 상대 풍부도가 있는 것에 응답하여 박테리아성 질염의 위험이 있는 것으로 사용자를 특성화하는 단계를 포함할 수 있다.

[0124] 추가적으로 또는 대안적으로, 블록 S130에 대해, 특성화 프로세스를 수행하는 것은 임계치(예를 들어, 컨디션과 관련된 임계치 세트와 관련하여 분류군 세트의 상대 풍부도에 기초하여 컨디션의 위험을 결정하는 것), 가중치(weights)(예를 들어, 제1 분류군이 관심 컨디션과 더 큰 상관관계를 갖는 경우와 같이, 제1 분류군의 상대 풍부도를 제2 분류군의 상대 풍부도보다 더 크게 가중시키는 것, 등), 기계 학습 모델(예를 들어, 분류학상의(taxonomic) 데이터베이스에 저장된 분류군에 대한 마이크로바이옴 특성 및 상응하는 레이블(labels)에 대해 트레이닝된 분류 모델 등), 컴퓨터-시행된 규칙(computer-implemented rules)(예를 들어, 마이크로바이옴 특성 추출을 위한 특성-인지니어링 규칙(feature-engineering rules); 모델 생성 규칙; 사용자 선호 규칙; 미생물 서열 생성 규칙; 서열 정렬 규칙 등), 및/또는 임의의 다른 적절한 측면에 기초할 수 있다. 특정 예에서, 각 건강 컨디션에 대한 유의성 지수(significance index)는 컨디션에 영향을 미치는 검출된 마이크로바이옴의 모든 구성

원에 대한 과학적 문헌으로부터 얻은 전체적인 통계적 연관성으로서 계산되며; 확인된 상관관계는 관련 마이크로바이옴의 임상 결과에 기초하여, 컨디션과 마이크로바이옴의 전반적인 연관성을 계산하기 위해 주문 통계적 메타-분석(custom statistical meta-analysis) 및 데이터 변환을 거치고; 그리고 유의성 지수는 건강 컨디션과 관련된 마이크로바이옴의 상태를 나타내는 0 내지 100의 범위로 표현된다.

[0125] 추가로 또는 대안적으로, 특성화 프로세스를 수행하는 것은 2018년 7월 27일에 출원된 미국 출원번호 16/047,840에 기술된 것과 유사한 분석 기술의 임의의 적절한 조합을 적용하는 것을 포함할 수 있으며, 이는 본 명세서에 참조로 포함된다.

[0126] **3.3.A 여성 생식계통-관련 특성화(characterization) 프로세스**

[0127] 특성화 프로세스를 수행하는 단계 S130은 예컨대 하나 이상의 사용자에게 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션으로 진단된 대상자와 같은, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되는 하나 이상의 대상자와 같은, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계를 위한 대상자 세트(set of subjects)로부터의 샘플에 상응하는 데이터에 대하여; 단일 사용자에게 대하여 예컨대 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 사용하여, 예컨대 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 통해 사용자로부터의 샘플을 시퀀싱하여 유래된 사용자 마이크로바이옴 서열 데이터세트에 적용하는 것과 같은, 사용자를 위한 여성 생식계통-관련 특성화를 생성하기 단계를 위한; 등) 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화 결정 단계; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델 결정 및/또는 적용 단계; 등) S135를 포함할 수 있다.

[0128] 변형에서, 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 일 예에서, 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 단일의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 특징, 복수의 여성 생식계통-관련 컨디션 및/또는 다른 적절한 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 교차 컨디션(cross-condition) 특징, 등)과 가장 높은 상관 관계(예를 들어, 양의 상관 관계, 음의 상관 관계, 등)가 있는 마이크로바이옴 특징의 세트(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징, 마이크로 비움 기능적(functional) 특징, 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 등)를 확인하기 위해 하나 이상의 분석 기술(예를 들어, 통계 분석)을 적용하는 단계를 포함할 수 있다. 특정 예에서, 마이크로바이옴 특징의 세트를 결정하는 단계는(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는데 사용하기 위해; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관관계(correlated)에 있거나 및/또는 다르게 관련되어), 미생물 서열 데이터세트에 기초하여, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 및 마이크로바이옴 기능 다양성 특징 중 적어도 하나의 존재, 마이크로바이옴 조성 다양성 특징 및 마이크로바이옴 기능 다양성 특징 중 적어도 하나의 부재, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 상이한 분류군의 상대적 풍부도를 기술하는 상대적 풍부도 특징(relative abundance feature), 상이한 분류군과 관련된 적어도 두 개의 마이크로바이옴 특징 사이의 비율을 기술하는 비율 특징, 상이한 분류군 사이의 상호작용을 기술하는 상호작용 특징, 및 상이한 분류군 사이의 계통발생 거리를 기술하는 계통발생 거리 특징 중 적어도 하나를 결정하는 분석 기법 세트를 적용하는 단계를 포함할 수 있으며, 그리고/또는 여기서 상기 분석 기법 세트는 일변량 통계 테스트, 다변량 통계 테스트, 차원 감소 기술 및 인공 지능 접근법 중 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0129] 특정 예에서, 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계는, 예를 들어 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 사용자의 상태에 긍정적인 영향을 미치는 요법과 관련된 개입(intervention)을 용이하게 함으로써, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 치료적 개입을 용이하게 할 수 있다. 다른 특정 예에서, 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계는(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 상관관계가 가장 높은 특징을 결정하는 단계, 등)은 대상자(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖는 대상자; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖지 않는 대상자; 등)의 집단(population)의 서브세트로부터 도출된 트레이닝 데이터세트로 훈련되고, 그리고 대상자의 집단의 서브세트로부터 유래된 검증 데이터세트로 검증된 랜덤 포레스트 예측 알고리즘(random forest predictor algorithm)에 기초할 수 있다. 그러나, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징 및/또는 다른 적절한 측면을 결정하는 단계는 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다.

[0130] 변형에서, 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 단계는 본 명세서에 기재된 임의의 적절한 여성 생식계통-관련 컨디션에 대하여 여성 생식계통-관련 특성화 프로세스를 수행하는 것을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 이와 같은 프로세스는 대상자의 집단(population)의 서브세트로부터 도출된 트레이닝 데이터세트로 훈련되

고, 그리고 대상자의 집단의 서브세트로부터 유래된 검증 데이터셋으로 검증된 랜덤 포레스트 예측 알고리즘 (random forest predictor algorithm)에 기초할 수 있다.

[0131]

하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건과 관련된(예를 들어, 양의 상관 관계; 음의 상관 관계; 진단에 유용한; 등) 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 특징; 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위 특이적 조성 특징; 마이크로바이옴 기능적 특징; 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위 특이적 기능적 특징; 등)은, 예를 들어 하나 이상의 신체 부위와 관련하여(예를 들어, 여기서 마이크로바이옴 조성 특징은 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위 특이적 조성 특징을 포함할 수 있으며, 예를 들어 조성 특징과 하나 이상의 여성 생식계통-관련 조건 사이의 상관관계가 하나 이상의 신체 부위에 특이적일 수 있고, 예를 들어 신체 부위에 상응하는 신체 수집 부위에서 수집된 샘플로부터 신체 부위에서 관찰된 마이크로바이옴 조성에 특이적일 수 있는, 등), 하기 분류군(taxa) 중 하나 이상의 임의의 조합과 관련된(예를 들어 풍부도를 기술하는 특징; 상대적 풍부도를 기술하는 특징; 관련된 작용적 측면(aspect)을 기술하는 특징; 유래된 특징; 존재 및/또는 부존재를 기술하는 특징; 등) 특징(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 특징, 등)을 포함할 수 있다: 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12(예컨대, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(*Actinobacteria*)(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이달레스(*Bacteroidales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides*)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데테스(*Bacteroidetes*)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이디아(*Bacteroidia*)(예컨대, 내장 부위, 등), 바르네시엘라(*Barnesiella*)(예컨대, 내장 부위, 등), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(*Barnesiella intestinihominis*)(예컨대, 내장 부위, 등), 베타프로테오박테리아(*Betaproteobacteria*)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아 루티(*Blautia luti*)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아(*Blautia* sp.) Ser8, 버크홀데리알레스(*Burkholderiales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아(*Clostridia*)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 콜린셀라(*Collinsella*)(예컨대, 내장 부위, 등), 코리오박테리알레스(*Coriobacteriales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 도레아(*Dorea*)(예컨대, 내장 부위, 등), 도레아 롱기카테나(*Dorea longicatena*)(예컨대, 내장 부위, 등), 에게르텔라(*Eggerthella*)(예컨대, 내장 부위, 등), 아이센베르기엘라 타이(*Eisenbergiella tayi*)(예컨대, 내장 부위, 등), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보박테리알레스(*Flavobacteriales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보박테리아(*Flavobacteriia*)(예컨대, 내장 부위, 등), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*)(예컨대, 내장 부위, 등), 라크노스피라 펙티노쉬자(*Lachnospira pectinoschiza*)(예컨대, 내장 부위, 등), 락토바실라시예(*Lactobacillaceae*)(예컨대, 내장 부위, 등), 메가스페라(*Megasphaera*)(예컨대, 내장 부위, 등), 오도리박터(*Odoribacter*)(예컨대, 내장 부위, 등), 오실로스피라시예(*Oscillospiraceae*)(예컨대, 내장 부위, 등), 로제부리아(*Roseburia*)(예컨대, 내장 부위, 등), 로제부리아(*Roseburia* sp.) 11SE39(예컨대, 내장 부위, 등), 루미노코카시예(*Ruminococcaceae*)(예컨대, 내장 부위, 등), 사르시나(*Sarcina*)(예컨대, 내장 부위, 등), 서브돌리그라눌롬 바리아빌레(*Subdoligranulum variable*)(예컨대, 내장 부위, 등), 슈테렐라시예(*Sutterellaceae*)(예컨대, 내장 부위, 등), 테리스포로박터(*Terrisporobacter*)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리움(*Bifidobacterium*)(예컨대, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(*Actinobacteria*)(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) EBA6-25c12(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스티페스(*Alistipes* sp.) HGB5(예컨대, 내장 부위, 등), 아네로스티페스(*Anaerostipes* sp.) 5_1_63FAA(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스 아시디파시엔스(*Bacteroides acidifaciens*)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR20(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) AR29(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(*Bacteroides* sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스 테타이오타오미크론(*Bacteroides thetaiotaomicron*)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리아시예(*Bifidobacteriaceae*)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리알레스(*Bifidobacteriales*)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리움(*Bifidobacterium*)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아 루티(*Blautia luti*)(예컨대, 내장 부위, 등), 페칼리박테리움 프로스니치(*Faecalibacterium prausnitzii*)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보니프락토르 플라우티(*Flavonifractorplautii*)(예컨대, 내장 부위, 등), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*)(예컨대, 내장 부위, 등), 푸지카테니박터 사카리보란스(*Fusicatenibacter saccharivorans*)(예컨대, 내장 부위, 등), 헤스펠리아(*Hespellia*)(예컨대, 내장 부위, 등), 라크노스피라 펙티노쉬자(*Lachnospira pectinoschiza*)(예컨대, 내장 부위, 등), 모리엘라(*Moryella*)(예컨대, 내장 부위, 등), 오실로스피라시예(*Oscillospiraceae*)(예컨대,

내장 부위, 등), 로제부리아(Roseburia)(예컨대, 내장 부위, 등), 로제부리아(Roseburia sp.) 11SE39(예컨대, 내장 부위, 등), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(Subdoligranulum variabile)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리아시에(Bifidobacteriaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리알레스(Bifidobacteriales)(예컨대, 내장 부위, 등), 비피도박테리움(Bifidobacterium)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아(Clostridia)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아알레스(Clostridiales)(예컨대, 내장 부위, 등), 네가티비큐테스(Negativicutes)(예컨대, 내장 부위, 등), 셀레노모나달레스(Selenomonadales)(예컨대, 내장 부위, 등), 베일로넬라시에(Veillonellaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스트티페스(Alistipes sp.) RMA 9912, 박테로이데스 카카에(Bacteroides caccae)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR29(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스 불가투스(Bacteroides vulgatus)(예컨대, 내장 부위, 등), 빌로필라(Bilophila) sp. 4_1_J30(예컨대, 내장 부위, 등), 인테스티니모나스(Intestinimonas)(예컨대, 내장 부위, 등), 프리보텔라시에(Prevotellaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(Actinobacteria)(예컨대, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(Actinobacteria)(예컨대, 생식기 부위, 등), 알리스트티페스 푸트레디니스(Alistipes putredinis)(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스트티페스(Alistipes sp.) EBA6-25c12(예컨대, 내장 부위, 등), 알리스트티페스(Alistipes sp.) NML05A004(예컨대, 내장 부위, 등), 알파프로테오박테리아(Alphaproteobacteria)(예컨대, 내장 부위, 등), 아네로스티페스(Anaerostipes sp.) 5_1_63FAA(예컨대, 내장 부위, 등), 바실리(Bacilli)(예컨대, 입 부위, 등), 바실리(Bacilli)(예컨대, 생식기 부위), 박테로이다시에(Bacteroidaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이달레스(Bacteroidales)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스 카카에(Bacteroides caccae)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR20(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR29(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) SLC1-38(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스 테타이오타오미크론(Bacteroides thetaiotaomicron)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) D22(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides)(예컨대, 내장 부위, 등), 박테로이디아(Bacteroidia)(예컨대, 내장 부위, 등), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(Barnesiella intestinihominis)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아 루티(Blautia luti)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아(Blautia sp.) Ser8(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아(Blautia sp.) YHC-4(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아 스테르코리스(Blautia stercoris)(예컨대, 내장 부위, 등), 블라우티아 웨슬러레(Blautia wexlerae)(예컨대, 내장 부위, 등), 부티리시모나스(Butyricimonas)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아(Clostridia)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아시에(Clostridiaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디아알레스(Clostridiales)(예컨대, 내장 부위, 등), 클로스트리디움(Clostridium)(예컨대, 내장 부위, 등), 콜린셀라(Collinsella)(예컨대, 내장 부위, 등), 콜린셀라 에어로파시엔스(Collinsella aerofaciens)(예컨대, 내장 부위, 등), 콜린셀라 에어로파시엔스(Collinsella aerofaciens)(예컨대, 내장 부위, 등), 코리오박테리아시에(Coriobacteriaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 코리오박테리알레스(Coriobacteriales)(예컨대, 내장 부위, 등), 코리오박테리아(Coriobacteriia)(예컨대, 내장 부위, 등), 디엘마(Dielma)(예컨대, 내장 부위, 등), 디엘마(Dielma)(예컨대, 내장 부위, 등), 도레아 포르미시제네란스(Dorea formicigenerans)(예컨대, 내장 부위, 등), 도레아 롱기카테나(Dorea longicatena)(예컨대, 내장 부위, 등), 에게르텔라(Eggerthella)(예컨대, 내장 부위, 등), 에게르텔라(Eggerthella sp.) HGA1(예컨대, 내장 부위, 등), 아이셴베르지엘라(Eisenbergiella)(예컨대, 내장 부위, 등), 아이셴베르지엘라 타이(Eisenbergiella tayi)(예컨대, 내장 부위, 등), 페칼리박테리움(Faecalibacterium)(예컨대, 내장 부위, 등), 페칼리박테리움 프로스니치(Faecalibacterium prausnitzii)(예컨대, 내장 부위, 등), 피미큐티스(Firmicutes)(예컨대, 입 부위, 등), 플라보박테리아시에(Flavobacteriaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보박테리알레스(Flavobacteriales)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보박테리아(Flavobacteriia)(예컨대, 내장 부위, 등), 플라보니프락토르 플라우티(Flavonifractorplautii)(예컨대, 내장 부위, 등), 푸지카테니박터(Fusicatenibacter)(예컨대, 내장 부위, 등), 푸지카테니박터 사카리보란스(Fusicatenibacter saccharivorans)(예컨대, 내장 부위, 등), 헤스펠리아(Hespellia)(예컨대, 내장 부위, 등), 라크노스피라 펙티노슈자(Lachnospira pectinoschiza)(예컨대, 내장 부위, 등), 락토바실라시에(Lactobacillaceae)(예컨대, 내장 부위, 등), 락토바실라시에(Lactobacillaceae)(예컨대, 생식기 부위, 등), 락토바실라레스(Lactobacillales)(예컨대, 생식기 부위, 등), 락토바실러스(Lactobacillus)(예컨대, 내장 부위, 등), 락토바실러스(Lactobacillus)(예컨대, 생식기 부위, 등), 마르빈브리안티아(Marvinbryantia)(예컨대, 내장 부위, 등), 메가스페라(Megasphaera)(예컨대, 내장 부위, 등), 모리엘라(Moryella)(예컨대, 내장 부위, 등), 오도리박터(Odoribacter)(예컨대, 내장 부위, 등), 오도리박터 스플란크니쿠스(Odoribacter splanchnicus)(예컨대, 내장 부위, 등), 오실로스피라시에

(Oscillospiraceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 파라박테로이데스(Parabacteroides)(예컨데, 내장 부위, 등), 포르피로모나다시예(Porphryomonadaceae)(예컨데, 입 부위, 등), 로도스피릴라레스(Rhodospirillales)(예컨데, 내장 부위, 등), 로세부리아 이눌리니보란스(Roseburia inulinivorans)(예컨데, 내장 부위, 등), 로세부리아(Roseburia sp.) 11SE39(예컨데, 내장 부위, 등), 루미노코카시예(Ruminococcaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 사르시나(Sarcina)(예컨데, 내장 부위, 등), 셀레노모나달레스(Selenomonadales)(예컨데, 내장 부위, 등), 서브돌리그라눌룸(Subdoligranulum)(예컨데, 내장 부위, 등), 서브돌리그라눌룸 바리아빌레(Subdoligranulum variable)(예컨데, 내장 부위, 등), 테리스포로박터(Terrisporobacter)(예컨데, 내장 부위, 등), 테리스포로박터(Terrisporobacter)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스 Bacteroides)(예컨데, 내장 부위, 등), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(Barnesiella intestinihominis)(예컨데, 내장 부위, 등), 클로스트리디아시예(Clostridiaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아시예(Coriobacteriaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아알레스(Coriobacteriales)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아(Coriobacteriia)(예컨데, 내장 부위, 등), 에게르텔라(Eggerthella)(예컨데, 내장 부위, 등), 에게르텔라(Eggerthella sp.) HGA1(예컨데, 내장 부위, 등), 아이센베르지엘라(Eisenbergiella)(예컨데, 내장 부위, 등), 플라보니프락토르 플라우티(Flavonifractorplautii)(예컨데, 내장 부위, 등), 락노스피라 펙티노쉬자(Lachnospira pectinoschiza)(예컨데, 내장 부위, 등), 락토바실라시예(Lactobacillaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 락토바실러스(Lactobacillus)(예컨데, 생식기 부위, 등), 모리엘라(Moryella)(예컨데, 내장 부위, 등), 로세부리아(Roseburia sp.) 11SE39(예컨데, 내장 부위, 등), 사르시나(Sarcina)(예컨데, 내장 부위, 등), 테리스포로박터(Terrisporobacter)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이달레스(Bacteroidales)(예컨데, 피부 부위, 등), 박테로이디아(Bacteroidia)(예컨데, 피부 부위, 등), 아시다미노코카시예(Acidaminococcaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(Actinobacteria)(예컨데, 내장 부위, 등), 액티노박테리아(Actinobacteria)(예컨데, 생식기 부위, 등), 액티노박테리아(Actinobacteria)(예컨데, 내장 부위, 등), 액티노마이세탈레스(Actinomycetales)(예컨데, 생식기 부위, 등), 알리스티페스(Alistipes sp.) EBA6-25c12(예컨데, 내장 부위, 등), 아네로코쿠스(Anaerococcus)(예컨데, 코 부위, 등), 아네로스티페스(Anaerostipes sp.) 5_1_63FAA(예컨데, 내장 부위, 등), 바실리(Bacilli)(예컨데, 입 부위, 등), 바실리(Bacilli)(예컨데, 생식기 부위), 박테로이다시예(Bacteroidaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이달레스(Bacteroidales)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR20(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) AR29(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) D22(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) EBA5-17(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스(Bacteroides sp.) SLC1-38(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데스 테타이오타오미크론(Bacteroides thetaiotaomicron)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이데테스(Bacteroidetes)(예컨데, 내장 부위, 등), 박테로이디아(Bacteroidia)(예컨데, 내장 부위, 등), 바르네시엘라(Barnesiella)(예컨데, 내장 부위, 등), 바르네시엘라 인테스티니호미니스(Barnesiella intestinihominis)(예컨데, 내장 부위, 등), 베타프로테오박테리아(Betaproteobacteria)(예컨데, 내장 부위, 등), 비피도박테리아시예(Bifidobacteriaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 비피도박테리아알레스(Bifidobacteriales)(예컨데, 내장 부위, 등), 비피도박테리움(Bifidobacterium)(예컨데, 내장 부위, 등), 블라우티아 루티(Blautia luti)(예컨데, 내장 부위, 등), 블라우티아(Blautia sp.) YHC-4(예컨데, 내장 부위, 등), 버크홀데리아알레스(Burkholderiales)(예컨데, 내장 부위, 등), 부티리시모나스(Butyricimonas)(예컨데, 내장 부위, 등), 부티리시모나스(Butyricimonas)(예컨데, 내장 부위, 등), 클로스트리디아(Clostridia)(예컨데, 내장 부위, 등), 클로스트리디아시예(Clostridiaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 클로스트리디아알레스(Clostridiales)(예컨데, 내장 부위, 등), 콜린셀라(Collinsella)(예컨데, 내장 부위, 등), 콜린셀라 에어로파시엔스(Collinsella aerofaciens)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아시예(Coriobacteriaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아알레스(Coriobacteriales)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리오박테리아(Coriobacteriia)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리네박테리아시예(Corynebacteriaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리네박테리아시예(Corynebacteriaceae)(예컨데, 생식기 부위, 등), 코리네박테리아알레스(Corynebacteriales)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리네박테리아알레스(Corynebacteriales)(예컨데, 생식기 부위, 등), 코리네박테리움(Corynebacterium)(예컨데, 내장 부위, 등), 코리네박테리움(Corynebacterium)(예컨데, 생식기 부위, 등), 도레아(Dorea)(예컨데, 내장 부위, 등), 도레아 포르미시제네란스(Dorea formicigenerans)(예컨데, 내장 부위, 등), 도레아 롱기카테나(Dorea longicatena)(예컨데, 내장 부위, 등), 아이센베르지엘라(Eisenbergiella)(예컨데, 내장 부위, 등), 아이센베르기엘라 타이(Eisenbergiella tayi)(예컨데, 내장 부위, 등), 엔테로라브더스(Enterorhabdus)(예컨데, 내장 부위, 등), 에리시페라토클로스트리디움(Erysipelatoclostridium)(예컨데, 내장 부위, 등), 에리시페로트리차세(Erysipelotrichaceae)(예컨데, 내장 부위, 등), 에리시펠로트리칼레스(Erysipelotrichales)(예컨데, 내장 부위, 등), 에리시펠로트리키아

(*Erysipelotrichia*)(예컨대, 내장 부위, 등), *Faecalibacterium prausnitzii*(예컨대, 내장 부위, 등), *Firmicutes*(예컨대, 생식기 부위, 등), *Firmicutes*(예컨대, 내장 부위, 등), *Flavonifractorplautii*(예컨대, 내장 부위, 등), *Fusicatenibacter saccharivorans*(예컨대, 내장 부위, 등), *Hespellia*(예컨대, 내장 부위, 등), *Lachnospira pectinoschiza*(예컨대, 내장 부위, 등), *Lactobacillaceae*(예컨대, 코부위, 등), *Lactobacillaceae*(예컨대, 내장 부위, 등), *Lactobacillaceae*(예컨대, 생식기 부위, 등), *Lactobacillales*(예컨대, 생식기 부위, 등), *Lactobacillus*(예컨대, 코부위, 등), *Lactobacillus*(예컨대, 내장 부위, 등), *Lactobacillus*(예컨대, 생식기 부위, 등), *Marvinbryantia*(예컨대, 내장 부위, 등), *Moryella*(예컨대, 내장 부위, 등), *Negativicutes*(예컨대, 내장 부위, 등), *Odoribacter splanchnicus*(예컨대, 내장 부위, 등), *Oscillospira*(예컨대, 내장 부위, 등), *Oscillospiraceae*(예컨대, 내장 부위, 등), *Parabacteroides*(예컨대, 내장 부위, 등), *Phascolarctobacterium*(예컨대, 내장 부위, 등), *Prevotellaceae*(예컨대, 내장 부위, 등), *Proteobacteria*(예컨대, 내장 부위, 등), *Roseburia inulinivorans*(예컨대, 내장 부위, 등), *Roseburia* sp.) 11SE39(예컨대, 내장 부위, 등), *Sarcina*(예컨대, 내장 부위, 등), *Selenomonadales*(예컨대, 내장 부위, 등), *Subdoligranulum*(예컨대, 내장 부위, 등), *Subdoligranulum variabile*(예컨대, 내장 부위, 등), *Sutterella wadsworthensis*(예컨대, 내장 부위, 등), *Sutterella wadsworthensis*(예컨대, 내장 부위, 등), *Sutterellaceae*(예컨대, 내장 부위, 등), *Terrisporobacter*(예컨대, 내장 부위, 등), *Veillonellaceae*(예컨대, 내장 부위, 등), *Verrucomicrobiae*(예컨대, 내장 부위, 등) 및 *Verrucomicrobiales*(예컨대, 내장 부위, 등) 및/또는 다른 적절한 분류군(예를 들어, 표 2에 기술된 것).

[0132] 추가적으로 또는 대안적으로, 마이크로바이옴 특징은 표 1에 기재된 하나 이상의 표적과 관련된 특징을 포함할 수 있다.

[0133] 추가적으로 또는 대안적으로, 마이크로바이옴 특징은 다음 분류군 중 하나 이상과 관련된 특징을 포함할 수 있다: *Actinomyces*(속), *Aerococcus*(속), *Alloiococcus*(속), *Anaerococcus*(속), *Anaeroglobus*(속), *Anaerostipes*(속), *Anaerotruncus*(속), *Arcanobacterium*(속), *Arthrospira*(속), *Atopobium*(속), *Bacteroides*(속), *Bulleidia*(속), *Campylobacter*(속), *Catenibacterium*(속), *Coriobacteriaceae*(과), *Corynebacterium*(속), *Dialister*(속), *Eggerthella*(속), *Enterococcus*(속), *Escherichia*(속), *Fingoldia*(속), *Fusobacterium*(속), *Gardnerella*(속), *Gemella*(속), *Lactobacillaceae*(과), *Lactobacillales*(강), *Lactobacillus*(속), *Leptotrichia*(속), *Megasphaera* spp.(속), *Mobiluncus*(속), *Moryella*(속), *Mycoplasma*(속), *Papillibacter*(속), *Parvimonas*(속), *Peptococcus*(속), *Peptoniphilus*(속), *Peptostreptococcus*(속), *Porphyromonadaceae*(과), *Porphyromonas*(속), *Prevotella*(속), *Prevotellaceae*(과), *Pseudomonas*(속), *Ruminococcus*(속), *Segniliparas*(속), *Shigella*(속), *Sneathia*(속), *Stafy로코쿠스*(*Stafy로코쿠스*)(속), *Streptococcus*(속), *Treponema*(속), *Ureaplasma*(속), *Veillonella*(속), *Veillonellaceae*(과), *Aerococcus christensenii*(종), *Aerococcus* spp.(속), *Algoriphagus aquatilis*(종), *Anaerococcus* sp.(속), *Anaerococcus tetradius*(종), *Anaerococcus vaginalis*(종), *Anoxybacillus pushchinoensis*(종), *Atopobium* spp.(속), *Atopobium vaginiae*(종), *Bacteroides fragilis*(종), *Bacteroides* spp.(속), *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis*(종), *Bifidobacterium*

박테리움 덴티움(*Bifidobacterium dentium*)(종), 비피도박테리움 락티스(*Bifidobacterium lactis*)(종), 비피도박테리움 롱굼 subsp. 수이스(*Bifidobacterium longum* subsp. *suis*)(종), 불레이디아 엑스트룩타(*Bulleidia extracta*)(종), 버크홀데리아 풍고룸(*Burkholderia fungorum*)(종), 버크홀데리아 페놀리룹트릭스(*Burkholderia phenoliruptrix*)(종), 칼디셀룰로시럽토르 사카롤리티쿠스(*Caldicellulosiruptor saccharolyticus*)(종), 캄필로박터(*Campylobacter* spp.)(속), 캄필로박터 우레올리티쿠스(*Campylobacter ureolyticus*)(종), 칸디다 알비칸스(*Candida albicans*)(종), 칸디다 글라브라타(*Candida glabrata*)(종), 칸디다 크루세이(*Candida krusei*)(종), 칸디다 루시타니에(*Candida lusitaniae*)(종), 칸디다테스 미코플라즈마 지레르디(*Candidates Mycoplasma girerdii*)(종), 카테니박테리움(*Catenibacterium* spp.)(속), 클라미디아 트라코마티스(*Chlamydia trachomatis*)(종), 콘드로마이세스 로부스투스(*Chondromyces robustus*)(종), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*) BVAB2(종), 클로스트리디알레스(*Clostridiales*) BVAB3(종), 클로스트리디움 카벤디시(*Clostridium cavendishii*)(종), 클로스트리디움 비리데(*Clostridium viride*)(종), 크리오박테리움 싸이크로필룸(*Cryobacterium psychrophilum*)(종), 디알리스터 미크라에로필러스(*Dialister micraerophilus*)(종), 디케이아 크리산테미(*Dickeya chrysanthemi*)(종), 에게르티아 카테나포르미스(*Eggerthia catenaformis*)(종), 어위니아 크리산테미(*winia chrysanthemi*)(종), 에세리키아 콜라이(*Escherichia coli*)(종), 에세리키아 페르구소니(*Escherichia fergusonii*)(종), 엑시구오박테리움 아세틸리쿰(*Exiguobacterium acetylicum*)(종), 푸소박테리움 뉴클리아툼(*Fusobacterium nucleatum*)(종), 푸소박테리움(*Fusobacterium* spp.)(속), 가르드네렐라(*Gardnerella* spp.)(속), 가르드네렐라 바지날리스(*Gardnerella vaginalis*)(종), 제멜라(*Gemella* sp.)(속), 헤모필러스 두크레이(*Haemophilus ducreyi*)(종), 클렙시엘라 그라눌로마티스(*Klebsiella granulomatis*)(종), 락노스피라시에(*Lachnospiraceae*) BVABi(종), 락토바실러스 아시도필러스(*Lactobacillus acidophilus*)(종), 락토바실러스 브레비스(*Lactobacillus brevis*)(종), 락토바실러스 카세이(*Lactobacillus casei*)(종), 락토바실러스 카세이 시로타(*Lactobacillus casei* Shirota)(종), 락토바실러스 크리스파투스(*Lactobacillus crispatus*)(종), 락토바실러스 델부루키(*Lactobacillus delbrueckii*)(종), 락토바실러스 페르멘툼(*Lactobacillus fermentum*)(종), 락토바실러스 가세리(*Lactobacillus gasserii*)(종), 락토바실러스 이너스(*Lactobacillus iners*)(종), 락토바실러스 쟈센니(*Lactobacillus jensenii*)(종), 락토바실러스 존소니(*Lactobacillus johnsonii*)(종), 락토바실러스 케피라노파시엔스(*Lactobacillus kefiranofaciens*)(종), 락토바실러스 파라카세이(*Lactobacillus paracasei*) FJ861111.1(종), 락토바실러스 펜토수스 스트레인(*Lactobacillus pentosus* strain) S-PT84(종), 락토바실러스 플란타룸(*Lactobacillus plantarum*)(종), 락토바실러스 루테리(*Lactobacillus reuteri*)(종), 락토바실러스 루테리(*Lactobacillus reuteri*) RC-14(종), 락토바실러스 람노수스(*Lactobacillus rhamnosus*)(종), 락토바실러스 람노수스 스트레인(*Lactobacillus rhamnosus* strain) BMX 54(종), 락토바실러스 람노수스(*Lactobacillus rhamnosus*) BMX 54(종), 락토바실러스 람노수스(*Lactobacillus rhamnosus*) GR-i(종), 락토바실러스 살리바리우스(*Lactobacillus salivarius*)(종), 락토바실러스 바지날리스(*Lactobacillus vaginalis*)(종), 랩토포트리키아(*Leptotrichia* spp.)(속), 마리박터 오리엔탈리스(*Maribacter orientalis*)(종), 메가스페라 게노모스(*Megasphaera genomsp*)(종), 메가스페라 마이크로누시포르미스(*Megasphaera micronuciformis*)(종), 메가스페라(*Megasphaera* spp.)(속), 마이크로박테리움 할로필룸(*Microbacterium halophilum*)(종), 모빌룬쿠스 쿠르티시(*Mobiluncus curtisii*)(종), 모빌룬쿠스 물리에리스(*Mobiluncus mulieris*)(종), 무렐라 글리세리니(*Moorella glycerini*)(종), 미코플라즈마 제니탈리움(*Mycoplasma genitalium*)(종), 미코플라즈마 호미니스(*Mycoplasma hominis*)(종), 미코플라즈마 무리스(*Mycoplasma muris*)(종), 나이세리아 고노르호에(*Neisseria gonorrhoeae*)(종), 페니클로스트리디움 소르델리(*Paeniclostridium sordellii*)(종), 파필리박터(*Papillibacter* spp.)(속), 파라스트렙토마이세스 앱세스수스(*Parastreptomyces abscessus*)(종), 파르비모나스 미크라(*Parvimonas micra*)(종), 파르비모나스(*Parvimonas* spp.)(속), 파스투렐라 물토시다(*Pasteurella multocida*)(종), 페디오코쿠스 에타놀리두란스(*Pediococcus ethanolidurans*)(종), 펩토니필루스 하레이(*Peptoniphilus harei*)(종), 펩토니필루스 인돌리쿠스(*Peptoniphilus indolicus*)(종), 펩토니필루스(*Peptoniphilus* spp.)(속), 펩토스트렙토코쿠스 아네로비우스(*Peptostreptococcus anaerobius*)(종), 펩토스트렙토코쿠스 마실리에(*Peptostreptococcus massiliae*)(종), 펩토스트렙토코쿠스(*Peptostreptococcus* spp.)(속), 포르피로모나스 진지발리스(*Porphyromonas gingivalis*)(종), 포르피로모나스 레비(*Porphyromonas levii*)(종), 포르피로모나스(*Porphyromonas* sp.)(속), 포르피로모나스 우에노니스(*Psorphyromonas uenonis*)(종), 프리보텔라 암니(*Prevotella amnii*)(종), 프리보텔라 비비아(*Prevotella bivia*)(종), 프리보텔라 디시엔스(*Prevotella disiens*)(종), 프리보텔라 인터메디아(*Prevotella intermedia*)(종), 프리보텔라 오랄리스(*Prevotella oralis*)(종), 프리보텔라 오리시(*Prevotella oris*)(종), 프리보텔라 티모넨시스(*Prevotella timonensis*)(종), 슈도모나스(*Pseudomonas* spp.)(속), 랄스토니아 피케티(*Rpalstonia pickettii*)(종), 루미노코쿠스(*Ruminococcus* spp.)(속), 상귀박터 케디에이(*Sanguibacter keddieii*)(종), Sneathia amnii(종), 스니치아 생귀네젠(*Sneathia*

sanguinegens)(종), 스니치아(Sneathia spp.)(속), 스타필로코쿠스 아우레우스(스타필로코쿠스 aureus)(종), 스타필로코쿠스 물란스(스타필로코쿠스 mulans)(종), 스타필로코쿠스 파스퇴리(스타필로코쿠스 pasteuri)(종), 스타필로코쿠스 시미에(스타필로코쿠스 simiae)(종), 스타필로코쿠스 시플란스(스타필로코쿠스 simulans)(종), 스타필로코쿠스(스타필로코쿠스 spp.)(속), 스타필로코쿠스 와네리(스타필로코쿠스 warneri)(종), 스타필로코쿠스 아갈락티에(*Streptococcus agalactiae*)(종), 스트렙토코쿠스 안지노수스(*Streptococcus anginosus*)(종), 스트렙토코쿠스 인터메디우스(*Streptococcus intermedius*)(종), 스트렙토코쿠스 피오제네스(*Streptococcus pyogenes*)(종), 스트렙토코쿠스 비리단스(*Streptococcus viridans*)(종), 테르모시포 아틀란티쿠스(*Thermosiphon atlanticus*)(종), 테르모비르가 리에니(*Thermovirga lienii*)(종), 트레포네마 팔리둠(*Treponema pallidum*)(종), 트리코모나스 바지날리스(*Trichomonas vaginalis*)(종), 트루페렐라 베르나르디에(*Trueperella bernardiae*)(종), 우레아플라즈마 파븀(*Ureaplasma parvum*)(종), 우레아플라즈마 우레알리티쿰(*Ureaplasma urealyticum*)(종), 베일로넬라 몬트펠리에렌시스(*Veillonella montpellierensis*)(종), 베일로넬라 파르볼라(*Veillonella parvula*)(종), 버지바실러스 프루미(*Virgibacillus proomii*)(종), 조벨리아 라미나리에(*Zobellia laminariae*)(종), HPV 3(변이체 바이러스), HPV 6(변이체 바이러스), HPV 16(변이체 바이러스), HPV 18(변이체 바이러스), HPV 31(변이체 바이러스), HPV 33(변이체 바이러스), HPV 35(변이체 바이러스), HPV 39(변이체 바이러스), HPV 43(변이체 바이러스), HPV 45(변이체 바이러스), HPV 51(변이체 바이러스), HPV 52(변이체 바이러스), HPV 53(변이체 바이러스), HPV 54(변이체 바이러스), HPV 56(변이체 바이러스), HPV 58(변이체 바이러스), HPV 59(변이체 바이러스), HPV 66(변이체 바이러스), HPV 68(변이체 바이러스), HPV(바이러스), HPV(멀티플 타입(multiple type))(바이러스), 표 3에 기재된 분류군, 분류군 및/또는 바이러스 변이체의 조합 및/또는 임의의 다른 적합한 분류군(예를 들어, 분류군이 마커-관련과 연관될 수 있는 경우 등).

[0134] 추가적으로 또는 대안적으로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징은 하기 중 하나 이상으로부터의 기능에 상응하는 및/또는 그 외에 하기 중 하나 이상과 다르게 관련된(예를 들어, 하나 이상의 신체 부위와 관련하여, 여기서 마이크로바이옴 기능적 특징은 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위-특이적 기능적 특징을 포함할 수 있으며, 예컨대 여기서 기능적 특징과 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 사이의 상관관계는, 신체 부위에 상응하는 신체 수집 부위에서 수집된 샘플들로부터 신체 부위에서 관찰된 미생물에 상응하는 마이크로바이옴 기능에 특이적인 것과 같이, 신체 부위에 특이적일 수 있는; 등) 마이크로바이옴 기능적 특징(예를 들어, 본원에 기술된 분류군 하에서 분류된 미생물과 같은, 하나 이상의 미생물과 관련된 기능을 기술하는 특징; 기능적 다양성을 기술하는 특징; 존재, 부재, 및/또는 상대성 풍부도를 기술하는 특징; 등)을 포함할 수 있다: COG(Cluster of Orthologous Groups) 데이터베이스(예를 들어, COG, COG2 등), KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 데이터베이스(예를 들어, KEGG2, KEGG3, KEGG4 등) 및/또는 사용 가능한 다른 적합한 데이터베이스(예를 들어, 미생물 기능 데이터가 있는 데이터베이스 등)와 관련하여 기술된 임의의 적절한 기능과 관련될 수 있다. 그러나, 마이크로바이옴 특징은 임의의 적합한 미생물 기능, 인간 기능 및/또는 다른 적합한 기능과 관련된 임의의 적합한 마이크로바이옴 기능적 특징을 포함할 수 있다.

[0135] 변형 예에서, 부위 특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 부위 특정 여성 생식계통-관* 특성화 모델과도 연관된 하나 이상의 신체 부위와 관련된 사용자 부위 특이적 마이크로바이옴 특징을 처리하는 단계에 기초하여 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하기 위한; 등) 및/또는 여성 생식계통-관련 특성화(예를 들어, 신체 부위 등과 관련된)는 본원에 기재된(예를 들어, 부위 특이적 조성 특징; 부위 특이적 기능적 특징; 등) 부위 특이적 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 하나 이상의 신체 부위와 관련되는 등)에 기초하여 결정될 수 있다. 예를 들어, 방법(100)은 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위 특이적 마이크로바이옴 특징을 포함하는 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 단계(예를 들어, 사용자에 대하여 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 요법이 결정 및/또는 증진될 수 있도록; 예를 들어 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관관계가 있는 것과 같이 관련이 있도록 결정된 마이크로바이옴 특징에 대한 사용자에 대한 특징 값을 결정하는 단계; 등)를 포함할 수 있다.

[0136] 변형에서, 여성 생식계통-관련 특성화 모델 및/또는 여성 생식계통-관련 특성화는 마이크로바이옴 조성 특징(예를 들어, 부위 특이적 조성 특징, 등) 및 마이크로바이옴 기능적 특징(예를 들어, 부위 특이적 기능적 특징, 등)을 포함하는 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되는; 등)에 기초하여 결정될 수 있다. 일 예에서, 방법(100)은 부위 특이적 조성 특징(예를 들어, 내장 부위와 관련된; 본원에 기술된 조성 특징; 등) 및 부위 특이적 기능적 특징(예를 들어, 내장 부위와 관련된; 본원에 기술된 기능적 특징, 등)을 결정하는 단계; 및 부위 특이적 조성 특징, 부위 특이적 기능적 특징 및/또는 다른 적절한 데이터(예를 들어, 보충 데이터, 등)에 기초하여 부위 특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 내장 부위와 관련된; 내장 수집 부위에서 수집된 샘플로부터 유래된 데이터를 처리하기 위해; 등)을 생성하는 단계; 및/

또는 부위 특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델 및 사용자 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 내장 수집 장소에서 수집된 사용자 샘플로부터 유래 된 것, 등)에 기초하여 하나 이상의 사용자에게 대한 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0137] 특정 예에서, 본원에 기술된 마이크로바이옴 조성 특징(예를 들어, 부위 특이적 조성 특징 등을 포함), 본원에 기술된 마이크로바이옴 기능적 특징, 및/또는 다른 적절한 마이크로바이옴 특징은 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 여성 생식계통 및/또는 다른 적절한 여성 생식계통-관련 컨디션의 부재와 같은 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖는 대상자를 포함하는 대상자의 세트; 여성 생식계통이 있는 대상자와 같은 여성 생식계통-관련 컨디션이 없는 대상자를 포함하며, 여기서 이러한 샘플 및/또는 관련 데이터는 컨트롤(대조군); 대상자의 집단(population) 등으로 작용할 수 있음)과 관련된 대상자의 세트로부터의 샘플(예를 들어, 샘플의 미생물 핵산 서열, 등)에 기초하여 결정된 하나 이상의 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 서열 데이터세트 등)에 기초하여 결정될 수 있다.

[0138] 변형에서, 본원에 기술된 마이크로바이옴 특징의 임의의 적합한 조합은 HPV 특성화 프로세스(예를 들어, HPV 컨디션의 진단 및/또는 적절한 특성화를 수행하기 위한 HPV 특성화 모델의 결정 및/또는 적용; HPV 컨디션에 대한 치료 모델 및/또는 요법의 결정 및/또는 적용 용이; 등)를 위해 사용될 수 있다. 예를 들어, 마이크로바이옴 특징의 조합은 존재, 부재, 상대적 풍부도(relative abundance) 또는 샘플 분석으로부터 유래된 임의의 다른 마이크로바이옴 특징을 포함하는 그/그녀의 자신의 마이크로바이옴 샘플에 기초하여 개체에 대한 HPV 가능성을 예측할 수 있다(예를 들어, 부위-특이적 샘플 분석).

[0139] 변형에서, 본원에 기술된 임의의 적합한 마이크로바이옴 특징의 조합은 미생물과 관련된 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대하여, 예를 들어 인간 장내 마이크로바이옴 및/또는 적합한 신체 부위와 관련된 다른 적합한 마이크로바이옴에서의 미생물의 존재, 부재 또는 상대적 풍부도의 조절을 포함하는 것과 같이, 예를 들어 질의 미생물총(microbiota)을 건강한 코호트(cohort)로 회복시키기 위한(예를 들어, 마이크로바이옴 다양성 개선), 예방, 치료 및/또는 치료 개입을 적절하게 용이하게 하는 데에 사용될 수 있다(예를 들어, 건강한 마이크로바이옴을 갖는 사용자와 관련된 표적 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능성에 대한 것). 그러나, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 치료적 개입의 예방, 치료 및/또는 적절 용이화호호 위해 임의의 적합한 방식으로 적용될 수 있다.

[0140] 일 예에서, 방법(100)은 제1 조성의 특징 세트에 기초하여 제1 여성 생식계통-관련 컨디션 및 제2 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성(예를 들어, 제1 변형과 관련하여 상기 기술된 하나 이상의 마이크로바이옴 특징을 포함하는; 마이크로바이옴 특징의 임의의 적합한 조합을 포함하는; 등), 제1 여성 생식계통-관련 특성화 모델, 조성 특징의 제2 세트(예를 들어, 제2 변형과 관련하여 상기 기술된 하나 이상의 마이크로바이옴 특징을 포함하는; 마이크로바이옴 특징의 임의의 적합한 조합을 포함하는; 등) 및 제2 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 여기서 상기 제1 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 제1 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 제1 여성 생식계통-관련 특성화 모델이 제1 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화를 결정하는 경우 등)과 관련되고, 그리고 여기서 상기 제2 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 제2 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 제2 여성 생식계통-관련 특성화 모델이 제2 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화를 결정하는 경우 등)과 관련된다. 상기 예에서, 사용자 마이크로바이옴 특징을 결정하는 것은 COG(Cluster of Orthologous Groups) 데이터베이스 및 KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 데이터베이스 중 적어도 하나로부터의 제1 기능과 관련된 제1 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징을 결정하는 단계, 여기서 제1 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징은 제1 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련이 있음; 및 COG 데이터베이스 및 KEGG 데이터베이스 중 적어도 하나로부터의 제2 기능과 관련된 제2 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징을 결정하는 단계, 여기서 제2 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징은 제2 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련이 있음,을 포함할 수 있으며, 여기서 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는 제1 조성 특징의 세트, 제1 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징, 제1 여성 생식계통-관련 특성화 모델, 제2 조성 특징의 세트, 제2 사용자 마이크로바이옴 기능적 특징, 및 제2 여성 생식계통-관련 특성화 모델에 기초하여 제1 여성 생식계통-관련 컨디션 및 제2 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 추가로 또는 대안적으로, 임의의 적합한 방식으로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하기 위해 임의의 적합한 수 및 유형의 여성 생식계통-관련 특성화 모델과 함께 마이크로바이옴 특징의 임의의 조합을 사용할 수 있다.

[0141] 예에서, 방법(100)은 상기 및/또는 본원에 기술된 마이크로바이옴 특징의 임의의 적합한 조합에 기초하여(예를 들어, 본원에 기재된 분류군(taxa) 중 하나 이상과 관련된 특징을 포함하는 마이크로바이옴 조성 특징의 세트에

기초; 및/또는 예를 들어 본원에 기술된 데이터베이스로부터의 기능에 상응하는, 본원에 기술된 마이크로바이옴 기능적 특징에 기초; 등) 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하는 단계를 포함할 수 있다. 일 예에서, 사용자에게 대한 특성화 프로세스를 수행하는 단계는, 예를 들어 본원에 기술된 마이크로바이옴 특징(예를 들어 상기 기술된 마이크로바이옴 특징, 등)의 검출, 상응하는 값(values corresponding to) 및/또는 이와 관련된 다른 측면에 기초하여, 그리고 예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 일반적인 접근법의 진단, 다른 특성화(예를 들어, 치료-관련 특성화, 등), 치료, 모니터링 및/또는 다른 적절한 접근법에 대하여 추가적(예를 들어 보충적, 보완적, 등) 또는 대안적 방식으로, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 갖는 것으로 사용자를 특성화하는 단계를 포함할 수 있다. 변형에서, 마이크로바이옴 특징은 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 진단, 다른 특성화, 치료, 모니터링 및/또는 임의의 다른 적합한 목적 및/또는 접근에 사용될 수 있다.

[0142] 임의의 적합한 분류(taxa), 연관(associations), 특징 및/또는 다른 적합한 데이터는 2018년 7월 27일에 출원된 미국 출원번호 16/047,840에 기술된 임의의 적절한 방식으로 도출될 수 있으며, 이는 본 명세서에 참조로 포함된다. 그러나, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다.

[0143] 추가로 또는 대안적으로, 특성화 프로세스를 수행하는 것은 2018년 7월 27일에 출원된 미국 출원번호 16/047,840에 기술된 것과 유사한 분석 기술의 임의의 적절한 조합을 적용하는 것을 포함할 수 있으며, 이는 본 명세서에 참조로 포함된다. 그러나, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는 임의의 적절한 방식으로 수행될 수 있다

[0144] **4.3.B 요법의 결정**

[0145] 특성화 프로세스 S130을 수행하는 단계(예를 들어, 여성 생식계통-관련 요법을 수행하는 단계)는 하나 이상의 요법(예를 들어, 하나 이상의 특성화 프로세스에 기초하여 특성화된 사용자에서와 같이, 예를 들어 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 하나 이상의 측면을 개선하기 위한 것과 같이, 예를 들어 마이크로바이옴 조성, 기능, 다양성 및/또는 다른 적합한 측면을 조절하도록 설정된 요법)을 결정하는 단계를 포함할 수 있는 블록 S140을 포함할 수 있다. 블록 S140은 요법을 식별, 선택, 서열화(rank), 우선 순위 결정(prioritize), 억제, 단념(discourage) 및/또는 다른 방식으로 결정(예를 들어, 요법 결정 용이화, 등)하는 기능을 할 수 있다. 예를 들어, 블록 S140은 프로바이오틱-기반 요법, 박테리오파지-기반 요법, 소분자-기반 요법, 및/또는 대상자의 마이크로바이옴 조성, 기능, 다양성, 및/또는 다른 특성(예를 들어 적절한 임의의 부위에서의 마이크로바이옴, 등)을 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 상태를 수정하기 위한 및/또는 다른 적절한 목적을 위한 사용자의 건강을 증진에 있어서 원하는 상태(예를 들어 평형 상태 등)를 향해 변화(shift)시킬 수 있는 요법과 같은 다른 적합한 요법 중 하나 이상을 결정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0146] 요법(예를 들어, 여성 생식계통-관련 요법 등)은 하기 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 소비재(consumable)(예를 들어, 프로바이오틱 요법, 프리(pre)바이오틱 요법, 항생제와 같은 약물, 알레르기 또는 감기 약물, 박테리오파지-기반 요법, 기저 컨디션(underlying conditions)에 대한 소비재, 소분자 요법, 등); 장치-관련 요법(예를 들어, 모니터링 장치; 센서-기반 장치; 의료 장비; 이식형 의료 장비, 등); 외과 수술(예를 들어, 여성 생식계통 수술, 예방적 여성 생식계통 수술, 복부 수술, 복강경 수술, 절개 수술, 등); 심리-관련 요법(예를 들어, 인지 행동 요법, 불안 요법, 대화 요법, 정신 역학 요법, 행동-중심(action-oriented) 요법, 합리적인 정서 행동 요법, 대인정신 요법, 이완 훈련, 심호흡 기술, 점진적 근육 이완, 여성 생식계통 제한 요법, 명상, 등); 행동 수정 요법(예를 들어, 통증 치료약(remedy), 제산제, 완하제, 히팅 패드 및/또는 다른 적절한 치료 및/또는 활동에 대한 자제; 운동 증가와 같은 신체 활동 권장 사항; 설탕 섭취 감소, 야채 섭취 증가, 생선 섭취 증가, 카페인 소비 감소, 알코올 소비 감소, 탄수화물 섭취 감소와 같은 식이 권장 사항; 담배 섭취 감소와 같은 흡연 권장 사항, 체중-관련 권장 사항; 수면 습관 권장 사항 등); 국소 투여 요법(예를 들어, 국소적 프로바이오틱, 프리바이오틱 및/또는 항생제; 박테리오파지-기반 요법); 환경 요인 수정 요법; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 임의의 다른 적합한 측면의 변형; 및/또는 임의의 다른 적합한 요법(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 개선하기 위한 요법, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 위험을 감소시키기 위한 요법 등과 같은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 건강 상태를 개선하기 위해). 일 예에서, 요법의 유형은 하기 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 프로바이오틱 요법, 박테리오파지-기반 요법, 소분자-기반 요법, 인지/행동 요법, 물리적 재활 요법, 임상 요법, 약물-요법, 식이(diet)-관련 요법 및/또는 및/또는 사용자의 건강을 증진시키는 데 있어서 임의의 다른 적절한 방식으로 작동하도록 설계된 임의의 다른 적절한 요법.

[0147] 변형에서, 요법은 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위-특이적 요법, 예를 들어 사용자의 하나 이상의 상이한 신체 부위(예를 들어, 하나 이상의 상이한 수집 부위, 등)에서 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능의 수정(modification)을 용이하게 하기 위해, 예를 들어 내장 부위, 코 부위, 피부 부위, 입 부위 및/또는 생식기 부위와 관련된 미생물의 표적화 및/또는 형질 전환(예를 들어, 하나 이상의 사용자 신체 부위에서의 마이크로바이옴과 같이, 하나 이상의 사용자 신체 부위를 특이적으로 표적화하도록 구성된 하나 이상의 요법과 관련한 치료적 개입을 용이하게 함으로써), 예를 들어 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 개선을 용이하게 하기 위해(예를 들어, 특정 사용자 신체 부위에서 사용자 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능을 표적 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능으로, 예를 들어 특정 신체 부위에서의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능 및 건강한 여성 생식계통 상태와 관련된 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 결여 등과 관련하여 수정함으로써) 포함할 수 있다. 부위-특이적 요법은 임의의 하나 이상의 소비재(예를 들어, 내장 부위 마이크로바이옴 및/또는 임의의 적합한 신체 부위와 관련된 마이크로바이옴을 표적으로 하는 등); 국소 요법(예를 들어, 피부 마이크로바이옴, 코 마이크로바이옴, 입 마이크로바이옴, 생식기 마이크로바이옴 등을 수정하기 위해); 및/또는 다른 적합한 유형의 요법을 포함할 수 있다. 예를 들어, 방법(100)은 사용자로부터 제1 신체 부위(예를 들어, 장 부위, 피부 부위, 생식기 부위, 입 부위 및 코 부위 중 적어도 하나를 포함)와 관련된 샘플을 수집하는 단계; 제1 신체 부위와 관련된 부위-특이적 조성 특징을 결정하는 단계; 부위-특이적 조성 특징에 기초하여 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 및 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 여성 생식계통-관련 컨디션의 개선을 용이하게 하기 위해, 사용에 대한 제1 부위-특이적 요법과 관련하여 치료 개입을 용이하게 하는 단계(예를 들어, 제1 부위-특이적 요법을 사용자에게 제공하는 것 등)를 포함할 수 있으며, 여기서 제1 부위-특이적 요법은 제1 신체 부위와 관련된다. 일 예에서, 방법(100)은 제1 부위-특이적 요법과 관련하여 치료적 개입을 용이하게 한 후(예를 들어, 제1 부위-특이적 요법의 제공 후, 등) 사용자로부터 제2 신체 부위(예를 들어, 내장 부위, 피부 부위, 생식기 부위, 입 부위 및 코 부위 중 적어도 하나를 포함하는 등)와 관련된 치료 후 샘플을 수집하는 단계; 상기 제2 신체 부위와 관련된 부위 특이적 특징에 기초하여 상기 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 사용자에게 대한 치료 후 여성 생식계통-관련 특성을 결정하는 단계; 및 치료 후 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 여성 생식계통-관련 컨디션의 개선을 용이하게 하기 위해, 사용자에게 대한 제2 부위-특이적 요법과 관련하여 치료 개입을 용이하게 하는 단계(예를 들어, 사용자에게 제2 부위-특이적 요법을 제공하는 단계 등)를 포함할 수 있으며, 여기서 제2 부위-특이적 요법은 제2 신체 부위와 관련되는 것이다.

[0148] 변형에서, 요법은 하나 이상의 박테리오파지-기반 요법(예를 들어, 소비재의 형태, 국소 투여 요법의 형태 등)을 포함할 수 있으며, 여기서 대상자에서 나타나는(represented in) 특정 박테리아(또는 다른 미생물)에 특이적인 박테리오파지의 하나 이상의 집단(population)은(예를 들어, 콜로니 형성 유닛 측면에서) 특정 박테리아의 집단을 하향-조절(down-regulate)하거나 또는 상기 특정 박테리아의 집단을 다른 방식으로 제거하는데 사용될 수 있다. 이와 같이, 박테리오파지-기반 요법은 대상자에서 나타나는 박테리아의 바람직하지 않은 집단(들)의 크기(들)를 감소시키기 위해 사용될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 박테리오파지-기반 요법은 사용된 박테리오파지(들)에 의해 표적화되지 않은 박테리아 집단의 상대적 풍부도를 증가시키기 위해 사용될 수 있다. 그러나, 박테리오파지-기반 요법은 임의의 적합한 방식으로 마이크로바이옴의 특성(예를 들어, 마이크로바이옴 조성, 마이크로바이옴 기능 등)을 조절하는데 사용될 수 있고 및/또는 임의의 적합한 목적으로 사용될 수 있다.

[0149] 변형에서, 요법은 적어도 하나 이상의(예를 들어, 하나 이상의 임의의 조합을 포함하여, 임의의 적합한 양 및/또는 농도, 예컨대 임의의 적합한 상대량 및/또는 농도 등을 포함) 본원에 기술된 임의의 적합한 분류군(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 등과 관련된 하나 이상의 마이크로바이옴 조성 특징과 관련하여)의 임의의 조합, 예를 들어, 섹션 3.3A에 기재된 임의의 적합한 분류군 및/또는 임의의 적합한 분류학적 그룹과 관련된 임의의 다른 적합한 미생물(예를 들어, 마이크로 바이 옴 특징과 관련하여 본원에 기재된 분류군의 미생물; 본원에 기술 된 기능적 특징과 관련된 분류 등)과 관련된 하나 이상의 프로바이오틱 요법 및/또는 프리바이오틱 요법을 포함할 수 있다. 하나 이상의 프로바이오틱 요법 및/또는 다른 적합한 요법에 대하여, 주어진 분류 학적 그룹과 관련된 미생물 및/또는 임의의 적절한 미생물 조합이 십만(0.1 million) 내지 100억(10 billion) CFU의 용량 및/또는 임의의 적합한 양으로 제공 될 수 있다(예를 들어, 요법에 대응하여 환자의 마이크로바이옴의 포지티브 조정(positive adjustment)을 예측하는 요법 모델로부터 결정된 바와 같은; 상이한 분류군에 대해 상이한 양; 상이한 분류군에 대해 동일하거나 유사한 양; 등). 예를 들어, 대상자는 그/그녀의 하기 중 하나 이상에 맞추어진 투약계획(regimen)에 따른 프로바이오틱 제형(formulation)을 포함하는 캡슐을 섭취하도록 지시될 수 있다: 생리(예를 들어, 체질량 지수, 체중, 키), 인구 통계학적 특성(예를 들어, 성별, 연령), 장내세균불균형(dysbiosis)의 중증도, 약물에 대한 민감성 및 기타 적절한 요인. 예를 들어, 프로바이오틱 요법

및/또는 프리바이오틱 요법이 하나 이상의 여성 생식계통- 관련 컨디션의 개선을 용이하게 하기 위해(예를 들어, 조성, 기능 등과 관련하여) 사용자 마이크로바이옴을 조절하는데 사용될 수 있다. 예를 들어, 치료적 개입의 용이화는, 예를 들어 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 개선 용이화 등을 위해, 사용자에게 하나 이상의 프로바이오틱 요법 및/또는 프리바이오틱 요법을 장려(예를 들어, 추천, 관련하여 사용자에게 정보제공, 제공, 투여, 획득의 용이화, 등)하는 단계를 포함할 수 있다.

[0150] 프로바이오틱 요법의 특정 예에서, 도 20에 도시된 바와 같이, 요법 모델의 후보 요법은 하기 중 하나 이상을 수행할 수 있다: 물리적 장벽을 제공함으로써 (예를 들어, 군락 저항성(colonization resistance)에 의해) 상피 세포 내로 병원체 진입을 차단, 배상 세포(goblet cell)의 자극에 의한 점막 배리어 형성 유도, 대상자의 상피 세포 사이의 정점 치밀이음(apical tight junctions)의 무결성 향상(예를 들어, ZO-1(zona-occluden 1)의 조절 자극에 의해, 치밀이음 단백질 재분포 방지에 의해), 항균 인자 생성, 항-염증성 사이토카인 생산 자극(예를 들어, 수지상 세포의 시그널링 및 조절 T-세포의 유도에 의해), 면역 반응의 촉발, 및 장내세균불균형 상태에서부터 대상자의 마이크로바이옴을 조정하는 임의의 다른 적합한 기능 수행. 그러나, 프로바이오틱 요법 및/또는 프리바이오틱 요법은 임의의 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0151] 다른 특정 예에서, 요법은 의료 기기 기반 요법(예를 들어, 인간 행동 수정과 관련된, 질병-관련 컨디션의 치료와 관련된 등)을 포함 할 수 있다.

[0152] 변형 예에서, 상기 요법 모델은 바람직하게는 큰 집단의 대상자로부터의 데이터를 기초로 하며, 이는 블록 S110에서 마이크로바이옴 다양성 데이터 세트가 유래되는 대상자체의 집단을 포함할 수 있으며, 여기서 다양한 치료적 조치(therapeutic measures)에 대한 노출 전 및 노출 후의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징 또는 건강 상태는 잘 특성화되어 있다. 이러한 데이터는 상이한 여성 생식계통-관련 특징에 기초하여 대상자에게 원하는 결과를 제공하는 치료적 조치를 식별하는데 있어서 요법 예비(provision) 모델을 훈련시키고 검증하는데 사용될 수 있다. 변형 예에서, 감독 머신 러닝 알고리즘(supervised machine learning algorithm)로써 서포트 벡터 머신(support vector machines)을 사용하여 치료 예비 모델을 생성할 수 있다. 그러나, 전문한 임의의 다른 적합한 머신 러닝 알고리즘이 요법 예비 모델의 생성을 용이하게 할 수 있다.

[0153] 추가적으로 또는 대안적으로, 요법 모델은 건강 상태가 양호한 것으로 식별된 대상자 집단의 대상자로부터 평가된 "정상(normal)" 또는 기준선 마이크로바이옴 조성물 및/또는 기능적 특징의 식별과 관련하여 도출될 수 있다. 건강 상태가 양호한 것으로 특성화된 (예를 들어, 특성화 프로세스의 특징을 사용하여) 대상자 집단의 대상자의 서브세트의 식별시, 건강 상태가 좋은 대상자에 대한 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징을 조절하는 요법은 블록 S140에서 생성될 수 있다. 따라서, 블록 S140은 하나 이상의 기준선 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징(예를 들어, 각각의 인구통계 특성 세트에 대한 하나의 기준선 마이크로바이옴)의 식별, 및 식별된 기준선 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징 중 하나에 대한 장내 세균 불균형(dysbiosis)의 상태에 있는 대상자의 마이크로바이옴을 전환시킬 수 있는 잠재적인 요법 제형 및 요법 레지멘(therapy regimens)을 포함할 수 있다. 그러나, 요법 모델은 어느 다른 적절한 방식으로 생성 및/또는 개량될 수 있다.

[0154] 프로바이오틱 요법 및/또는 프리바이오틱 요법과 관련된(예를 들어, 요법 용이화 시스템에 의해 적용되는 요법 모델에 의해 결정된 프로바이오틱 요법과 관련된) 미생물 조성물은 배양 가능한(예를 들어, 확장 가능한 요법을 제공하도록 확장될 수 있는) 및/또는 비-치명적인(예를 들어, 원하는 치료 용량에서 비-치명적인) 미생물을 포함할 수 있다. 또한, 미생물 조성물은 대상자의 마이크로바이옴에 급성 또는 중등도의 영향을 갖는 단일 타입의 미생물을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 미생물 조성물은 대상자의 마이크로바이옴을 원하는 상태로 유도하는데 서로 협력하도록 구성된 다중 타입의 마이크로바이옴의 균형 잡힌 조합을 포함할 수 있다. 예를 들어, 프로바이오틱 요법에서 다중 타입의 박테리아의 조합은 대상자의 마이크로바이옴에 긍정적으로 영향을 미치는 강력한 효과를 갖는 제2 박테리아 타입에 의해 사용되는 생산물을 생성하는 제1 박테리아 타입을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 프로바이오틱 요법에서 다중 타입의 박테리아의 조합은 대상자의 마이크로바이옴에 긍정적으로 영향을 미치는 동일한 기능을 갖는 단백질을 생성하는 여러 박테리아 타입을 포함할 수 있다.

[0155] 프로바이오틱 및/또는 프리바이오틱 조성물은 자연적으로 또는 합성적으로 유도될 수 있다. 예를 들어, 일 적용으로, 프로바이오틱 조성물은 분변 물질 또는 다른 생물학적 물질(예를 들어, 특성화 프로세스 및 요법 모델을 사용하여 식별된 바와 같이, 기준선 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징을 갖는 하나 이상의 대상자)로부터 자연적으로 유도될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 프로바이오틱 조성물은 특성화 프로세스 및 요법 모델을 사용하여 식별된 바와 같이, 기준선 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징에 기초하여 합성적으로

유도될 수 있다(예를 들어, 벤치탑 방법을 사용하여 유도될 수 있다). 변형으로, 프로바이오틱 요법에 사용될 수 있는 미생물 제제는 효모(예를 들어, 사카로미세스 보울라디(Saccharomyces boulardii)), 그람-음성 박테리아(예를 들어, 이. 콜라이 니슬(E. coli Nissle), 그람-양성 박테리아(예를 들어, 비피도박테리아 비피덤, 비피도박테리아 인판티스(Bifidobacteria infantis), 락토바실러스 람토서스(Lactobacillus rhamnosus), 락토코커스 락티스(Lactococcus lactis), 락토바실러스 플란타럼(Lactobacillus plantarum), 락토바실러스 아시도필러스(Lactobacillus acidophilus), 락토바실러스 카세이(Lactobacillus casei), 바실러스 폴리페르멘티커스(Bacillus polyfermenticus) 등) 및 어느 다른 적절한 타입의 미생물 제제 중 하나 이상을 포함할 수 있다. 그러나, 프로바이오틱 요법, 프리바이오틱 요법 및/또는 다른 적절한 요법은 본원에 기재된 어느 적절한 분류와 관련된 어느 적절한 미생물 조합을 포함할 수 있고, 그리고/또는 요법은 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0156] 블록 S140은 하나 이상의 요법을 결정하기 위한 하나 이상의 요법 모델을 실행, 저장, 검색 및/또는 프로세싱하는 것을 포함할 수 있다. 하나 이상의 요법 모델을 프로세싱하는 것은 바람직하게 마이크로바이옴 특징에 기초한다. 예를 들어, 요법 모델을 생성하는 것은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 마이크로바이옴 특징, 마이크로바이옴 특성과 관련된 치료 효과와 같은 요법-관련 견지, 및/또는 다른 적절한 데이터에 기초할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 요법 모델을 프로세싱하는 것은 어느 적절한 데이터에 기초할 수 있다. 예를 들어, 요법 모델을 프로세싱하는 것은 하나 이상의 요법 모델, 사용자 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징값을 하나 이상의 요법 모델에 입력하는 것 등), 보충 데이터(예를 들어, 미생물-관련 대사; 사용자 병력; 인구통계 특성과 같은 사용자 인구통계 데이터와 관련된 것과 같이 요법과 관련된 사전 지식 등), 및/또는 어느 다른 적절한 데이터에 기초하여 사용자에게 대한 하나 이상의 요법을 결정하는 것을 포함할 수 있다. 그러나, 요법 모델을 프로세싱하는 것은 어느 적절한 방식으로 어느 적절한 데이터에 기초할 수 있다.

[0157] 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 하나 이상의 요법 모델을 포함할 수 있다. 실시예에서, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것(예를 들어, 하나 이상의 사용자에게 대해, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 등)은, 하나 이상의 요법 모델(예를 들어, 하나 이상의 요법 모델을 적용하는 것 등) 및/또는 다른 적절한 데이터(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 특징과 같은 마이크로바이옴, 사용자 데이터세트와 같은 미생물 데이터세트를 적용하는 것 등)에 기초한 것과 같이, 하나 이상의 요법을 결정하는 것을 포함할 수 있다. 특정 실시예에서, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것은 사용자에게 대한 제1 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 성향을 기술하는 것 등); 및 제1 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여 사용자에게 대한 제2 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 성향에 기초하여 사용자에게 권장하기 위한 것과 같은, 하나 이상의 요법을 결정하는 것 등)을 포함할 수 있다. 특정 실시예에서, 여성 생식계통-관련 특성화는 성향-관련 데이터(예를 들어, 진단 데이터; 관련 마이크로바이옴 조성, 기능, 다양성 및/또는 기타 특성 등) 및 요법-관련 데이터(예를 들어, 권장 요법; 잠재적 요법 등)를 모두 포함할 수 있다. 그러나, 여성 생식계통-관련 특성화는 어느 적절한 데이터(예를 들어, 본원에 기술된 데이터의 어느 조합 등)를 포함할 수 있다.

[0158] 요법 모델을 프로세싱하는 것은 다수의 요법 모델을 프로세싱하는 것을 포함할 수 있다. 예를 들어, 상이한 요법에 대해 상이한 요법 모델이 프로세싱될 수 있다(예를 들어, 소비재(consumable) 요법에 대한 제1 요법 모델 및 정신-관련 요법을 결정하기 위한 제2 요법 모델과 같은, 상이한 개별 요법에 대한 상이한 모델; 상이한 조합 및/또는 카테고리의 요법에 대한 상이한 모델). 실시예에서, 상이한 요법 모델이 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 프로세싱될 수 있다(예를 들어, 상이한 개별 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 상이한 모델; 상이한 조합 및/또는 카테고리의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 상이한 모델 등). 추가적으로 또는 대안적으로, 어느 적절한 타입의 데이터 및/또는 엔티티(예를 들어, 이에 기초하여; 이에 대해 상이한 요법 모델을 프로세싱하기 위해) 다수의 요법 모델이 수행될 수 있다. 그러나, 다수의 요법 모델을 프로세싱하는 것은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있고, 하나 이상의 요법 모델의 결정 및/또는 적용은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0159] **3.4 사용자 생물학적 샘플 프로세싱.**

[0160] 상기 방법(100)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로 사용자로부터 하나 이상의 생물학적 샘플(예를 들어, 사용자의 상이한 수집 부위로부터의 생물학적 샘플 등)을 프로세싱하는 것을 포함할 수 있는 블록 S150을 포함할 수 있다. 블록 S150은 특성화 프로세스를 위한 입력을 유도하기 위해 사용하기 위한 것과 같이(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 적용하는 것에 의한 것과 같이, 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 생성하기 위해), 사용자에게 대한 미생물 데이터세트의 생성을 용이하게 하는 기능을 할 수 있다. 이와 같이, 블록 S150은 하나 이상의 사용자로부터 하나 이상의 생물학적 샘플(예를 들어, 시간 경과에 따라 동일한

사용자에 대한 다중 생물학적 샘플, 상이한 사용자에게 대한 상이한 생물학적 샘플 등)을 수신, 프로세싱 및/또는 분석하는 것을 포함할 수 있다. 블록 S150에서, 생물학적 샘플은 바람직하게 비-침습적인(non-invasive) 방식으로 사용자 및/또는 사용자의 환경으로부터 생성된다. 변형으로, 비-침습적인 샘플 수신 방식은 투과성 기질(예를 들어, 사용자의 신체 영역을 닦도록 구성된 면봉, 화장지, 스펀지 등), 사용자의 신체 영역으로부터 샘플을 수신하도록 구성된 비-투과성 기질(예를 들어, 슬라이드, 테이프 등) 용기(예를 들어, 바이얼, 튜브, 백 등), 및 어느 적절한 샘플-수신 엘리먼트 중 어느 하나 이상을 사용할 수 있다. 특정 실시예에서, 생물학적 샘플은 비-침습적인 방식으로(예를 들어, 면봉 및 바이얼을 사용하여) 사용자의 코, 피부, 생식기, 입 및 내장 중 하나 이상으로부터(예를 들어, 대변 샘플 등을 통해) 수집될 수 있다. 그러나, 생물학적 샘플은 추가적으로 또는 대안적으로 반-침습적 방식 또는 침습적 방식으로 수신될 수 있다. 변형으로, 샘플 수신의 침습적 방식은 바늘, 주사기, 생검 엘리먼트, 랜스(lance) 및 반-침습적 또는 침습적 방식으로 샘플을 수집하기 위한 어느 다른 적절한 도구 중 어느 하나 이상을 사용할 수 있다. 특정 실시예에서, 샘플은 혈액 샘플, 혈장/혈청 샘플(예를 들어, 무-세포 DNA의 추출을 가능하게 하도록) 및 조직 샘플을 포함할 수 있다.

[0161] 상기 변형 및 실시예에서, 생물학적 샘플은 다른 엔티티(예를 들어, 사용자와 관련된 관리인, 헬스 케어 전문가, 자동화된 또는 반자동화된 샘플 수집 디바이스 등)에 의해 용이화(facilitation) 없이 사용자의 신체로부터 채취되거나, 또는 대안적으로 다른 엔티티의 도움으로 사용자의 신체로부터 채취될 수 있다. 일 실시예에서, 샘플 추출 프로세스에서 다른 엔티티에 의해 용이화 없이 생물학적 시료를 사용자로부터 채취한 경우, 샘플-제공 키트가 사용자에게 제공될 수 있다. 실시예에서, 키트는 샘플 획득을 위한 하나 이상의 면봉, 보관을 위해 면봉을 받도록 구성된 하나 이상의 용기, 샘플 제공 및 사용자 계정 설정을 위한 지침, 샘플(들)을 사용자와 연관시키도록 구성된 엘리먼트들(예를 들어, 바코드 식별자, 태그 등), 및 사용자로부터 샘플(들)이 샘플 프로세싱 작업으로 전달될 수 있게 하는 리셉터클(예를 들어, 우편 배송 시스템)을 포함할 수 있다. 다른 실시예에서, 다른 엔티티의 도움으로 생물학적 샘플이 사용자로부터 추출되는 경우, 하나 이상의 샘플은 사용자로부터 임상 또는 연구 설정에서 수집될 수 있다(예를 들어, 임상적 예약 동안). 그러나, 생물학적 샘플은 어느 다른 적절한 방식으로 사용자로부터 수신될 수 있다.

[0162] 또한, 사용자로부터 생물학적 샘플을 프로세싱 및 분석하는 것은 (예를 들어, 사용자 미생물 데이터셋을 생성하기 위해 등) 바람직하게 상기 블록 S110과 관련하여 기술된 샘플 수신의 구현, 변형, 및/또는 실시예를 들어, 및/또는 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 어느 다른 적절한 부분 중 하나와 유사한 방식으로 수행된다. 이와 같이, 블록 S150에서의 생물학적 샘플의 수신 및 프로세싱은 프로세스의 일관성을 제공하기 위한 것과 같이, 상기 방법(100)의 특성화 프로세스를 수행하기 위해 사용된 생물학적 샘플을 수신 및 프로세싱하기 위한 것들과 유사한 프로세스를 사용하여 사용자로부터 수행될 수 있다. 그러나, 블록 S150에서의 생물학적 샘플 수신 및 프로세싱은 추가적으로 또는 대안적으로 어느 다른 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0163] **3.5 여성 생식계통-관련 특성화 결정.**

[0164] 상기 방법(100)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로 블록 S160을 포함할 수 있으며, 이는 하나 이상의 특성화 프로세스(예를 들어, 블록 S130과 관련하여 기술된 하나 이상의 특성화 프로세스 등), 사용자의 생물학적 샘플로부터 유래된 하나 이상의 미생물 데이터셋 프로세싱(예를 들어, 사용자 미생물 서열 데이터셋, 마이크로바이옴 데이터셋, 마이크로바이옴 기능적 다양성 데이터셋; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하기 위해 사용될 수 있는 사용자 마이크로바이옴 특징을 추출하기 위한(예를 들어, 특징값 추출 등) 미생물 데이터셋의 프로세싱 등)에 기초한 것과 같이, 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 이용하여 결정하는 것을 포함할 수 있다. 블록 S160은 사용자의 마이크로바이옴-유래 데이터로부터 특징을 추출하는 것을 통해, 그리고 상기 블록 S130에 기술된 특성화 프로세스의 구현, 변형, 또는 실시예에 상기 특징을 입력으로서 사용하는 것과 같이(예를 들어, 마이크로바이옴-관련 컨디션 특성화 모델에 입력으로서 사용자 마이크로바이옴 특징값을 사용하는 것 등) 사용자에게 대해 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하는 기능을 할 수 있다. 실시예에서, 블록 S160은 사용자 마이크로바이옴 특징 및 여성 생식계통-관련 컨디션 모델(예를 들어, 블록 S130에서 생성된)에 기초하여 사용자에게 대해 여성 생식계통-관련 특성화를 생성하는 것을 포함할 수 있다. 여성 생식계통-관련 특성화는 어느 수 및/또는 조합의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션, 단일 여성 생식계통-관련 컨디션, 및/또는 다른 적절한 여성 생식계통-관련 컨디션의 조합 등), 사용자, 수집 부위, 및/또는 다른 적절한 엔티티에 대한 것일 수 있다. 여성 생식계통-관련 특성화는 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 진단(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션의 존재 또는 부재 등); 위험(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션의 발달 및/또는 존재에 대한 위험 스코어); 여성 생식계통-관련 특성화와 관한 정보(예를 들어, 증상, 사인(signs), 트리거, 관련 컨디션 등); 비교(예를 들어, 다른 서브그룹, 집단, 사용자,

히스토릭 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 다양성과 같은 사용자의 히스토릭 건강 상태와의 비교; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 비교 등); 요법 결정; 특성화 프로세스와 관련된 다른 적절한 출력; 및/또는 어느 다른 적절한 데이터.

[0165] 다른 변형으로, 여성 생식계통-관련 특성화는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관된 마이크로바이옴 다양성 스코어와 관련된(예를 들어, 상관적임; 부정적으로 상관적임; 긍정적으로 상관적임 등) 마이크로바이옴 다양성 스코어(예를 들어, 마이크로바이옴 조성, 기능 등)를 포함할 수 있다. 실시예에서, 여성 생식계통-관련 특성화는 시간 경과에 따른 마이크로바이옴 다양성 스코어(예를 들어, 시간 경과에 따른 수집된 사용자의 다수의 생물학적 샘플에 대해 산출된), 다른 사용자에 대한 마이크로바이옴 다양성 스코어에 대한 비교, 및/또는 어느 다른 적절한 타입의 마이크로바이옴 다양성 스코어를 포함할 수 있다. 그러나, 마이크로바이옴 다양성 스코어를 프로세싱하는 것(예를 들어, 요법을 결정 및/또는 제공하기 위해 마이크로바이옴 다양성 스코어를 사용하여 마이크로바이옴 다양성 스코어를 결정하는 것 등)은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0166] 블록 S160에서 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 것은 바람직하게, 사용자의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징과 관련된 특징 및/또는 특징의 조합을 결정하는 것(예를 들어, 사용자와 관련된 특징값을 결정하는 것으로서, 상기 특징값은 블록 S130에서 결정된 마이크로바이옴 특징에 상응함 등), 상기 특징을 특성화 프로세스에 입력하는 것, 및 행동 그룹, 성별 그룹, 다이어트 그룹, 질병-상태 그룹 및 특성화 프로세스에 의해 식별될 수 있는 어느 다른 그룹 중 하나 이상에 속하는 것으로서 사용자를 특성화하는 출력을 수신하는 것을 포함한다. 블록 S160은 추가적으로 또는 대안적으로 사용자의 특성화와 관련된 신뢰 메트릭의 생성 및/또는 출력을 포함한다. 예를 들어, 신뢰 메트릭은 특성화를 생성하기 위해 사용된 특징의 수, 특성화를 생성하기 위해 사용된 특징의 상대 가중치 또는 랭킹, 특성화 프로세스에서 바이어스의 측정치(measures), 및 특성화 프로세스의 견지와 관련된 어느 다른 적절한 파라미터로부터 도출될 수 있다. 그러나, 사용자 마이크로바이옴 특징을 활용하는 것은 어느 적절한 여성 생식계통-관련 특성화를 생성하기 위한 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0167] 일부 변형으로, 사용자의 미생물 데이터세트로부터 추출된 특징은 보충적 특징(예를 들어, 설문조사에서 도출된 특징, 병력에서 도출된 특징, 센서 데이터 등과 같은 사용자에 대해 수집된 보충 데이터로부터 추출된)으로 보충될 수 있으며, 여기서 이러한 데이터, 사용자 마이크로바이옴 데이터, 및/또는 다른 적절한 데이터는 블록 S130, 블록 S160 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적절한 부분의 특성화 프로세스를 추가적으로 개량하기 위해 사용될 수 있다.

[0168] 여성 생식계통-관련 특성화 결정은 바람직하게, 예를 들어, 블록 S130에 기술된 프로세스를 이용함으로써, 그리고/또는 본원에 기술된 어느 적절한 접근법을 이용함으로써, 사용자(예를 들어, 사용자 미생물 데이터세트에 기초하여)에 대한 사용자 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 사용자 마이크로바이옴 조성 다양성 특징; 사용자 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징; 특징값 추출 등), 특성화 모델, 및 다른 적절한 구성 요소를 추출 및 적용하는 것을 포함한다.

[0169] 변형으로, 도 22에 나타낸 바와 같이, 블록 S160은 웹 인터페이스, 모바일 애플리케이션, 및/또는 어느 다른 적절한 인터페이스에서와 같이, 여성 생식계통-관련 특성화(예를 들어, 치료적 개입을 용이하게 하는 것의 일부로서 특성화로부터 추출된 정보 등)를 제시하는 것을 포함할 수 있으나, 정보의 제시는 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다. 그러나, 사용자의 미생물 데이터세트는 추가적으로 또는 대안적으로 상기 방법(100)의 모델을 향상시키기 위한 어느 적절한 방식으로 사용될 수 있으며, 블록 S160은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0170] **3.6 치료적 개입 용이화.**

[0171] 도 25에 나타낸 바와 같이, 상기 방법(100)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로 블록 S170을 포함할 수 있으며, 이는 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 요법 모델에 기초하여) 하나 이상의 사용자에 대해 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 치료적 개입을 용이하게 하는 것(예를 들어, 요법 촉진, 요법 제공, 요법의 제공 용이화 등)을 포함할 수 있다. 블록 S170은 예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련하여 원하는 평형 상태 (및/또는 그렇지 않으면 여성 생식계통-관련 컨디션의 상태를 개선시키는 것)로 사용자의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 다양성을 전환시키는 것과 같이, 사용자에 대해 하나 이상의 요법과 관련되어 치료적 개입을 권장, 촉진, 제공, 및/또는 그렇지 않으면 용이하게 하는 기능을 할 수 있다. 블록 S170은 이들의 마이크로바이옴 조성 및 기능적 특징에 따라 사용자에게 맞춤형 요법의 제공을 포함할 수 있으며, 여기서 맞춤형 요법은 식별된 특성화를 갖는 사용자의 장내 세균 불균형을 수정하도록 구성된 미생물 제형을 포함할 수 있다. 이와 같이, 블록 S140의 출력은 트레이닝된 요법 모델에 기초하여 사용자에게 맞춤형 요법 제형 및 레지멘(예를 들어, 투여, 사용 지침)을 직접 촉진하도록 사용될 수 있다. 추가적으로

또는 대안적으로, 요법 제공은 원하는 상태로 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징을 전환시키기 위해 구성된 이용가능한 치료적 조치의 권장을 포함할 수 있다. 변형으로, 요법은 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 소비재(consumables), 국소 요법(예를 들어, 로션, 연고, 방부제 등), 약물(예를 들어, 적절한 약물 타입 및/또는 투여량과 관련된 약물 등), 박테리오파지, 환경 치료, 행동 변형(예를 들어, 다이어트 변형 요법, 스트레스 감소 요법, 신체 활동-관련 요법 등), 진단 절차, 기타 의료-관련 절차 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 다른 적절한 요법. 소비재는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 식품 및/또는 음료 품목(예를 들어, 프로바이오틱 및/또는 프리바이오틱 식품 및/또는 음료 품목 등), 영양 보충제(예를 들어, 비타민, 미네랄, 섬유, 지방산, 아미노산, 프리바이오틱스, 프로바이오틱스 등), 소비재 약물 및/또는 기타 적절한 치료적 조치. 실시예에서, 하나 이상의 요법 및/또는 그렇지 않으면 치료적 개입을 용이하게 하는 것을 제공하는 것은 하나 이상의 사용자와 관련된 하나 이상의 컴퓨팅 디바이스에서(예를 들어, 컴퓨팅 디바이스에서 제공되는 웹 애플리케이션과 같은 사용자 인터페이스에서 등) 하나 이상의 사용자에게 하나 이상의 요법에 대한 권장을 제공하는 것을 포함할 수 있다.

[0172] 예를 들어, 상업적으로 이용가능한 프로바이오틱 보충제들의 조합은 요법 모델의 출력에 따른 사용자에게 대한 적절한 프로바이오틱 요법을 포함할 수 있다. 다른 실시예에서, 상기 방법(100)은 여성 생식계통-관련 컨디션 모델(예를 들어, 및/또는 사용자 마이크로바이옴 특징)에 기초하여 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 컨디션을 결정하고; 그리고 여성 생식계통-관련 컨디션 위험에 기초하여 사용자에게 요법을 촉진하는 것을 포함할 수 있다.

[0173] 변형으로, 치료적 개입을 용이하게 하는 것은 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 건강 상태를 개선하기 위해 사용자 마이크로바이옴의 조절을 위한 것과 같이 다른 요법의 후속적인 촉진을 동기부여할 수 있는 여성 생식계통-관련 컨디션의 검출을 용이하게 하는 것 등) 진단 절차를 촉진하는 것을 포함할 수 있다. 진단 절차는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 병력 분석, 영상 검사, 세포배양 시험, 항체 시험, 피부 찌름(prick) 시험, 패치 시험, 혈액 시험, 챌린지 시험, 상기 방법(100)의 구현의 일부를 수행하는 것, 및/또는 여성 생식계통-관련 컨디션의 검출(예를 들어, 관찰, 예측 등)을 용이하게 하기 위한 어느 다른 적절한 절차. 추가적으로 또는 대안적으로, 진단 디바이스-장치 관련 정보 및/또는 다른 적절한 진단 정보는 보충 데이터 세트의 일부로서 (예를 들어, 블록 S120과 관련하여, 이러한 데이터는 특성화 모델, 요법 모델, 및/또는 다른 적절한 모델을 결정 및/또는 적용하는데 사용될 수 있는 등) 프로세싱되고, 그리고/또는 수집되고, 사용되고, 그리고/또는 그렇지 않으면 상기 방법(100)의 구현의 어느 적절한 부분과 관련하여 (예를 들어, 블록 S180과 관련된 요법 효능을 모니터링하기 위해 사용자에게 대한 진단 절차를 부여하는 것 등) 프로세싱될 수 있다.

[0174] 다른 변형으로, 블록 S170은 박테리오파지-기반 요법을 촉진하는 것을 포함할 수 있다. 보다 구체적으로, 사용자에서 나타나는 특정 박테리아 (또는 다른 미생물)에 특이적인 하나 이상의 박테리오파지 집단(예를 들어, 콜로니 형성 유닛의 관점에서)이 특정 박테리아의 집단을 하향 조절 또는 그렇지 않으면 제거하기 위해 사용될 수 있다. 이와 같이, 박테리오파지-기반 요법은 사용자에서 나타나는 원치 않는 박테리아 집단(들)의 크기(들)를 줄이는데 사용될 수 있다. 상호보완적으로, 박테리오파지-기반 요법은 사용된 박테리오파지(들)에 의해 표적화되지 않은 박테리아 집단의 상대적 풍부도를 증가시키는데 사용될 수 있다.

[0175] 다른 변형으로, 치료적 개입을 용이하게 하는 것(예를 들어, 요법 제공 등)은 권장 요법, 다른 형태의 요법, 여성 생식계통-관련 특성화, 및/또는 다른 적절한 데이터와 관련된 통지를 사용자에게 제공하는 것을 포함할 수 있다. 특정 실시예에서, 사용자에게 요법을 제공하는 것은, 예를 들어, 웹 인터페이스에서 통지를 제공하는 것을 통해(예를 들어, 사용자와 관련된 식별되는 사용자 계정 등을 통해), 요법 권장(예를 들어, 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화로부터 도출된 정보를 실질적으로 동시에 제공함) 및/또는 다른 적절한 요법-관련 정보(예를 들어, 요법 효능; 다른 개별 사용자, 사용자 서브그룹 및/또는 사용자 집단과의 비교; 요법 비교; 히스토릭 요법 및/또는 관련된 요법-관련 정보; 인지 행동 요법과 같은 정신 요법 가이드; 등)를 제공하는 것을 포함할 수 있다. 통지는 애플리케이션, 웹 인터페이스 및/또는 통지 제공을 위해 구성된 클라이언트에게 메세지 전달을 실행하는 전자 디바이스(예를 들어, 개인용 컴퓨터, 모바일 디바이스, 태블릿, 웨어러블, 헤드-마운트 웨어러블 컴퓨팅 디바이스, 위스트-마운트 웨어러블 컴퓨팅 디바이스 등)에 의해 사용자에게 제공될 수 있다. 일 실시예에서, 사용자와 관련된 개인용 컴퓨터 또는 랩톱의 웹 인터페이스는 사용자에게 의해, 사용자의 사용자 계정에 액세스를 제공할 수 있으며, 여기서 사용자 계정은 (예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과의 상관성에 대하여) 사용자의 여성 생식계통-관련 특성화, 사용자의 마이크로바이옴의 견지의 상세한 특성화에 관한 정보, 및/또는 (예를 들어, 블록 S140 및/또는 S170 등에서 생성된) 제안된 치료적 조치에 관한 통지를 포함한다.

다른 실시예에서, 개인 전자 디바이스(예를 들어, 스마트 폰, 스마트 워치, 헤드-마운트 스마트 디바이스)에서 실행되는 애플리케이션은 블록 S170의 요법 모델에 의해 생성된 요법 제안에 관한 통지(예를 들어, 디스플레이로, 햅틱으로, 청각적 방식 등으로)를 제공하도록 구성될 수 있다. 통지 및/또는 프로바이오틱 요법은 추가적으로 또는 대안적으로 사용자와 관련된 엔티티(예를 들어, 간병인, 배우자, 중요한 다른 사람, 의료 전문가 등)를 통해 직접 제공될 수 있다. 일부 추가 변형으로, 통지는 추가적으로 또는 대안적으로, 엔티티가 요법의 제공을 용이하게 할 수 있는 경우와 같이, 사용자와 관련된 엔티티(예를 들어, 헬스케어 전문가)에게 제공될 수 있다(예를 들어, 처방에 의해, 치료적 세션을 수행하는 것에 의해, 컴퓨팅 디바이스의 광학 및/또는 오디오 센서를 이용한 디지털 원격 의료 세션을 통하여 등). 그러나, 통지를 제공하고 및/또는 치료를 용이하게 하는 것은 어느 적절한 방식으로 수행된다.

[0176] **3.7 치료 효과 모니터링.**

[0177] 도 23에 도시된 바와 같이, 상기 방법은 블록 S180을 추가적으로 또는 대안적으로 포함할 수 있으며, 이는 시간 경과에 따라, (예를 들어, 사용자로부터 일련의 생물학적 샘플을 프로세싱하는 것에 기초하여) 하나 이상의 요법의 효과를 모니터링하고 그리고/또는 사용자에게 대한 다른 적합한 구성 요소(예를 들어, 마이크로바이옴 특성 등)를 모니터링하는 것을 포함할 수 있다. 블록 S180은 하나 이상의 요법의 긍정적 효과, 부정적인 효과 및/또는 효과의 부재(예를 들어, 주어진 특성화의 사용자를 위한 요법 모델에 의해 제안된 등)에 관한 추가 데이터를 수집하고 그리고/또는 (예를 들어, 시점 세트에서 사용자에게 대한 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징을 평가하기 위해서 등) 마이크로바이옴 특성을 모니터링하는 기능을 할 수 있다.

[0178] (예를 들어, 요법 전반에 걸쳐 사용자로부터 생물학적 샘플을 수신 및 분석함으로써, 요법 전반에 걸쳐 사용자로부터 설문조사에서 도출된 데이터를 수신함으로써) 요법 모델에 의해 촉진된 요법의 과정 동안에 사용자의 모니터링은 이에 따라 블록 S130의 특성화 프로세스에 의해 제공된 각각의 특성화 및 블록 S140 및 S170에 제공된 각각의 요법 조치에 대한 요법-효과 모델을 생성하기 위해 사용될 수 있다.

[0179] 블록 S180에서, 요법을 포함하는 요법 레지멘의 하나 이상의 주요 시점에서 추가 생물학적 샘플, 보충 데이터 및/또는 다른 적절한 데이터를 제공하도록 사용자에게 프롬프트될 수 있고, 추가 생물학적 샘플(들)은 (예를 들어, 블록 S120과 관련하여 설명된 것과 유사한 방식으로) 프로세싱되고 분석되어, 사용자의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징의 조절을 특성화하는 매트릭스를 생성한다. 예를 들어, 매트릭스는 초기 시점에서 사용자의 마이크로바이옴에 나타난 하나 이상의 분류학적 그룹의 상대적 풍부도의 변화, 사용자의 마이크로바이옴의 특정 분류학적 그룹의 나타남의 변화, 사용자 마이크로바이옴의 제1 분류 그룹 박테리아의 풍부도와 마이크로바이옴의 제2 분류 그룹 박테리아의 풍부도 사이의 비율, 사용자의 마이크로바이옴에서 하나 이상의 기능적 패밀리의 상대적 풍부도의 변화 중 하나 이상과 관련되며, 그리고 어느 다른 적합한 매트릭스가 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징의 변화로부터 요법 효과를 평가하기 위해 사용될 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 요법 중 사용자의 경험(예를 들어, 경험한 부작용, 개선의 개인 평가, 행동 수정, 증상 개선 등)과 관련된 사용자로부터의 설문조사로부터 도출된 데이터는 블록 S180의 요법의 효과를 결정하는 데 사용될 수 있다. 예를 들어, 상기 방법(100)은 사용자로부터 요법 후 생물학적 샘플을 수신하는 단계; 보충 데이터 세트를 사용자로부터 수집하는 단계로서, 여기서 보충 데이터세트는 요법(예를 들어, 결정되고 촉진된 요법)에 대한 사용자 준수 및/또는 다른 적절한 사용자 특성(예를 들어, 행동, 컨디션 등)을 기술하는 단계; 여성 생식계통-관련 특성화 모델 및 요법 후 생물학적 샘플에 기초하여 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 제1 사용자의 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화를 생성하는 단계; 및 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여(예를 들어, 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화와 요법 전 여성 생식계통-관련 특성화 사이의 비교 등에 기초하여) 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 사용자에게 대한 업데이트된 요법 및/또는 요법에 대한 사용자 준수(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 마이크로바이옴에 대한 긍정적 또는 부정적 결과에 기초하여 요법을 변형시키는 것 등)를 촉진하는 단계를 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 다른 적합한 데이터(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 행동을 기술하는 보충 데이터; 관찰된 증상과 같은 여성 생식계통-관련 컨디션을 기술하는 보충 데이터 등)가 요법 후 특성화(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련하여 요법 전/후에서 변화 정도 등), 업데이트된 요법(예를 들어, 효과 및/또는 촉진된 요법에 대한 준수에 기초하여 업데이트된 요법 결정 등)을 결정하는 데 사용될 수 있다.

[0180] 실시예에서, 상기 방법(100)은 보충 데이터(예를 들어, 증상 설문조사와 관련된 것과 같이, 여성 생식계통-관련 컨디션의 상태를 알려주는 설문조사에서 도출된 데이터 등)를 수집하는 단계; 사용자 마이크로바이옴 특징 및 보충 데이터에 기초하여 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계; 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여 (예를 들어, 사용자에게 대해 요법을 촉진하는 것 등) 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 치료와

관련된 치료적 개입을 용이하게 하는 단계; (예를 들어, 치료적 개입을 용이하게 한 후 등) 요법 후 생물학적 샘플을 사용자로부터 수집하는 단계; (예를 들어, 제2 설문조사로부터 도출된 데이터 및 디바이스 등 중 적어도 하나를 포함하는) 후속 보충 데이터를 수집하는 단계; 및 후속 보충 데이터 및 요법 후 생물학적 샘플과 관련된 요법 후 사용자 마이크로바이옴 특징에 기초하여 여성 생식계통-관련 조건에 대해 사용자에게 대한 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 실시예에서, 상기 방법(100)은 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화에 기초하여, 여성 생식계통-관련 조건을 개선하기 위해 사용자에게 대해 업데이트된 요법(예를 들어, 요법의 변형; 상이한 요법 등)과 관련되어 치료적 개입을 촉진하는 단계를 포함할 수 있으며, 예를 들어, 여기서 업데이트된 요법은 소비재, 디바이스-관련 요법, 수술 수행, 정신-관련 요법, 행동 교정 요법, 및 환경 요인 교정 요법 중 적어도 하나를 포함할 수 있다. 실시예에서, 요법 후 여성 생식계통-관련 특성화를 결정하는 단계는, 요법 후 마이크로바이옴 특징에 기초하여, 사용자의 마이크로바이옴 특성과 여성 생식계통-관련 조건과 관련되어 행동 및 환경 요인(및/또는 다른 적절한 특성) 중 적어도 하나를 공유하는 사용자 서브그룹에 상응하는 기준 마이크로바이옴 특성 사이의 비교를 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 그리고 여기서 업데이트된 요법과 관련하여 치료적 개입을 용이하게 하는 것은 행동 교정 요법 및 환경 요인 교정 요법 및/또는 다른 적절한 요법 중 적어도 하나를 용이하게 하기 위해 사용자에게 대한 비교를 제시하는 것을 포함할 수 있다. 그러나, 블록 S180은 추가 생물학적 샘플, 추가 보충 데이터, 및/또는 다른 적절한 추가 데이터와 관련되어 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0181] 요법 효과, (예를 들어, 추가의 여성 생식계통-관련 특성화, 요법 등을 결정하기 위한) 추가 생물학적 샘플의 프로세싱, 및/또는 여성 생식계통-관련 조건과 관련되어 계속된 생물학적 샘플 수집, 프로세싱, 및 분석과 관련된 다른 적절한 견지가, 모델(예를 들어, 특성화 모델, 요법 모델 등)을 생성, 업데이트, 및/또는 그렇지 않으면 프로세싱하기 위해, 그리고/또는 어느 다른 적절한 목적을 위해(예를 들어, 상기 방법(100)의 구현의 다른 부분과 관련된 입력으로서), 어느 적절한 시간 및 빈도로 수행될 수 있다. 그러나, 블록 S180은 임의의 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0182] **3.8 미생물 데이터베이스 프로세싱**

[0183] 상기 방법(100)은 추가적으로 또는 대안적으로 블록 S185를 포함할 수 있으며, 이는 하나 이상의 미생물 데이터베이스를 프로세싱(예, 데이터를 그 안에 생성, 적용, 저장하는 것 등)하는 것을 포함할 수 있다. 블록 S185는 마커 정보, 마이크로바이옴 특징, 하나 이상의 조건과의 연관성, 및/또는 다른 적절한 데이터를 포함하는 데이터베이스와 관련되어 프로세싱을 수행하는 기능을 할 수 있다(예, 하나 이상의 특성화 생성시 사용자 미생물 특징과의 비교를 위한 것과 같이, 특성화 프로세스를 용이하게 하기 위해 등). 예를 들어, 분류학적 데이터베이스는 상응하는 다수 분류군과 관련된 미생물 유전 서열을 저장할 수 있으며, 이는 하나 이상의 상응하는 조건과 관련되어 저장될 수 있다.

[0184] 마커는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 서열, 펩티드 서열, 바이오마커, 표적, 특징(예, 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 계통발생적 다양성 특징, 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징 등), 및/또는 미생물(예, 분류군) 및/또는 관련된 조건을 나타내는 어느 다른 적절한 마커. 분류학적 데이터베이스에 의해 저장되는 유전 서열은 바람직하게 rRNA에 대한 하나 이상의 유전 서열(예, rRNA 유전 서열의 가변 영역)을 포함하며, 이는 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 16S, 18S, 30S, 40S, 50S, 60S, 5S, 23S, 5.8S, 28S, 70S, 80S, 각 영역 사이의 유전자간 영역 및/또는 어느 다른 적절한 rRNA 유전자. 유전 서열은 바람직하게 HPV와 관련된 하나 이상의 유전자 서열, 및/또는 어느 적절한 여성 생식기-관련 조건과 관련된 서열을 포함한다. 추가적으로 또는 대안적으로, 유전 서열은 다른 RNA 유전자, 단백질 유전자, 및/또는 어느 다른 적절한 타입의 유전자와 관련될 수 있다. 분류학적 데이터베이스에 의해 저장되는 하나 이상의 마커는 바람직하게 마커 특성을 공유하며, 이는 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 다수의 분류군에 걸쳐 보존된 유전자 서열(예, 가변 영역을 포함하는 반-보존된 유전자 서열), 보존된 펩티드 서열, 공유된 바이오마커, 및/또는 어느 다른 적절한 마커-관련 정보.

[0185] 마커는 저장된 마커와의 비교에 기초하여 사용자 미생물 서열을 특정 분류군에 맵핑할 수 있도록, 다수의 분류군(예를 들어, 본원에 기재된 임의의 적합한 분류군)과 관련되는 것이 바람직하다.

[0186] 미생물 데이터베이스를 프로세싱하는 단계는 데이터베이스에 대한 기준 마커 세트를 결정하는 단계(예를 들어, 다수의 분류군에 걸친 공유 마커 특성에 기초하여 선택된 프라이머로부터 유도된 예측된 리드에 기초하여 등); 분류군의 표적 리스트를 결정하는 단계(예를 들어, 질-관련 조건과 관련됨); (예를 들어, 최적화 파라미터를 사용하는 동안) 기준 마커에 대한 비교(예를 들어, 서열 비교)에 기초하여 분류군의 표적 리스트를 필터링하는

단계; 및 상기 필터링된 분류군을 상응하는 기준 마커와 관련하여 데이터베이스에 저장하는 단계를 포함한다.

[0187] 예를 들어, 기준 마커 세트를 결정하는 단계는 바람직하게는 하나 이상의 프라이머(예를 들어, 블록 S110에서와 같이 생물학적 샘플로부터의 유전 물질의 증폭에 사용되는 프라이머)에 기초한다. 예를 들어, 상기 방법(100)은 프라이머(예를 들어, V4 프라이머, 포워드용 GTGCCAGCMGCCGCGTAA 및 리버스용 GGACTACHVGGGTWTCTAAT 등)에 기초하여 16S rRNA 유전자에 대한 앰플리콘을 예측하여 기준 데이터베이스(예를 들어, SILVA 데이터베이스)로부터의 서열과 비교하기 위한 임계 조건(예, 전체 서열에 걸쳐 최대 2개의 미스매치)을 만족하는 어닐링을 가능하게 하는 단계; 퇴행성에 기초하여 앰플리콘을 필터링하는 단계(예를 들어, 20개 초과 가능한 비-변성 서열로 확장되는 변성 앰플리콘을 필터링 아웃시키는 단계); 필터링된 앰플리콘을 변형(modifying)시켜 포워드 관독(예를 들어, 포워드 프라이머 및 포워드 프라이머의 3' 말단에 대한 125bp 등 포함) 및 리버스 관독(예를 들어, 리버스 프라이머 및 리버스 프라이머의 3' 말단에 대한 124bp 등 포함); 변형된 앰플리콘을 프로세싱하는 단계(예를 들어, 프라이머 제거); 및 프로세싱된 앰플리콘(예를 들어, 연결된 형태의 포워드 관독 후 125bp + 리버스 관독 후 124bp 등)을 기준 마커로서 저장하는 단계를 포함한다. 추가로 또는 대안적으로, 앰플리콘 예측, 프로세싱 및/또는 관련 조작은 임의의 적합한 프라이머를 기초로 할 수 있고, 그리고/또는 기준 마커를 결정하기 위해 임의의 적합한 방식으로 구성될 수 있다.

[0188] 변형으로, 상기 방법(100)은 분류군의 표적 리스트(예, 컨디션 세트와 관련된 속 세트 및 종 세트 등)를 결정하는 단계를 포함할 수 있으며, 이는 바람직하게 컨디션-관련 정보 소스(예를 들어, 과학 문헌, 임상 시험 등과 같은 제3자 정보 소스; 컨디션, 관련 미생물 및/또는 관련 마커와 관련된 정보를 포함하는 소스 등)를 프로세싱하는 단계를 포함한다. 변형으로, 블록 S110은 (예를 들어, 마커의 인간 큐레이션 및/또는 관련 정보 등으로) 컨디션-관련 정보 소스를 매뉴얼로 프로세싱하여 분류군의 표적 리스트를 생성하는 단계를 포함할 수 있다. 표적 분류군 결정은 컨디션-관련 정보 소스를 자동으로 프로세싱하는 단계를 포함할 수 있다. 예를 들어, 블록 S110은 온라인 정보 소스들의 리스트를 생성하는 단계; 리스트에 기초하여 온라인 정보 소스를 얻는 단계; 온라인 정보 소스를 프로세싱하여 (예를 들어, 자연어 프로세싱 기술 등을 적용하여) 분류군, 관련 컨디션 및/또는 기타 관련 데이터 세트를 추출하여 분류군의 표적 리스트를 생성하는 단계를 포함한다. 분류군의 표적 리스트 결정은 바람직하게, 예를 들어 PCT 출원번호 PCT/US2016/051, 156(2016년 9월 9일 출원)(이는 본 명세서에 참조로 포함됨)에 기술된 것과 유사한 기준 마커 세트와의 비교에 기초하여 분류군의 표적 리스트를 필터링하는 단계를 포함하며, 그리고/또는 어느 적절한 방식으로 기능할 수 있다.

[0189] 예로서, 상기 방법(100)은 기준 마커 세트에 대해 다수의 분류군으로부터 하나 이상의 분류군과 관련된 유전자 서열(예, 분류군에 대해 16S rRNA 유전자 V4 영역)의 길이의 100%에 걸쳐 100% 동일성을 사용하여 서열 유사성 서치를 수행하는 것에 기초한 것과 같이, 기준 마커 세트로부터의 기준 마커를 분류군의 표적 리스트로부터의 분류군과 연관시키는 단계를 포함할 수 있다. 그러나, 임의의 적합한 동일성 파라미터, 길이 파라미터 및/또는 다른 적합한 파라미터가 서열 유사성 서치에 적용될 수 있고, 기준 마커를 분류군과 연관시키는 것은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다. 예비 표적 리스트의 상이한 분류군에 대한 기준 마커는 바람직하게 최적화 파라미터(예를 들어, 민감도, 특이성, 정밀도, 음성 예측 값 및/또는 컨퓨전 매트릭스 사용을 통한 것과 같은 다른 메트릭에 대해 최적화하는)에 따라 필터링된다. 예를 들어, 표 4-5에 나타낸 바와 같이, 예비 표적 리스트로부터의 분류군은 최적화 파라미터 임계치(예를 들어, 각각의 최적화 파라미터가 90%를 초과하도록 요구하고; 95%를 초과하는 정밀도를 요구하는 등)에 기초하여 필터링될 수 있다. 다른 예에서, 블록 S120은 주어진 분류군을 상이한 수의 기준 마커(예를 들어, 서열)와 연관시키는 다수의 서브-데이터베이스를 생성하여, 상이한 최적화 파라미터 프로파일을 생성하는 것을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 블록 S110은 분류에 명백하게 대응하는 기준 마커의 제1 서브 세트를 수용하는 단계; dt/ti의 지수(quotient)에 기초하여 기준 마커의 제2 서브 세트로부터 기준 마커를 순위화(ranking)하는 단계로서, 여기서 "ti"는 관심있는 분류군에 대한 서열의 주석을 나타내고, "dt"는 상이한 분류군에 대한 서열의 주석을 나타내는, 단계; 상이한 지수 조건에 기초하여 분류군에 대한 서브-데이터베이스 세트를 생성하는 단계(예를 들어, 0의 지수 조건에 기초하여 특이성에 대해 최적화된 서브-데이터베이스; 100의 지수 조건에 기초하여 민감도에 대해 최적화된 서브-데이터베이스); 서브-데이터베이스 세트에 대한 최적화 파라미터 세트를 결정하는 단계; 최적화 파라미터 임계치를 만족시키는 최적화 파라미터에 상응하는 분류군에 대한 서브-데이터베이스에 기초하여 분류군의 예비 표적 리스트를 필터링하는 단계; 및 필터링된 분류군(예를 들어, 표 4-5에 나타낸 바와 같이)을 분류학적 데이터베이스에서 상응하는 기준 마커와 관련하여 저장하는 단계를 포함한다. 추가적으로 또는 대안적으로, 분류군의 표적 리스트 결정은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다.

[0190] 예로서, 상기 방법(100)은 HPV 기준 데이터베이스(예, PaVE 데이터베이스)로부터 주형 게놈 서열을 사용하여 최

대 2개의 미스매치를 허용하는, 프라이머(예, 포워드 프라이머에 대해 CGTCCCAAAGGAACTGATC, CGACCTAAAGGAACTGATC, CGTCCAAAAGGAACTGATC, GCCAAGGGGAACTGATC, CGTCCCAAAGGATACTGATC, CGTCCAAGGGGATACTGATC, CGACCTAAAGGGAATTGATC, CGTCCTAATGGGAATTGGTC, CGACCTAGTGGAAATTGATC, CGACCAAGGGGATATTGATC, GCCCAACGGAACTGATC, GCACCCAAGGGAACTGGTC, CGTCCTAAAGGAACTGGTC, GCGACCAATGCAAAATTGGT, CGTCCTAAAGGGAATTGATC, CGTCCHARRGGAWAYTGRTC, 그리고 리버스 프라이머에 대해 GCACAGGGACATAACAATGG, GCGCAGGGCCACAATAATGG, GCACAGGGACATAATAATGG, GCCCAGGGCCACAACAATGG, GCTCAGGGTTTAAACAATGG, GCACAAGGCCATAATAATGG)에 기초하여 HPV 게놈으로부터 L1 유전자에 대한 애플리콘을 예측하는 단계를 포함할 수 있다. 특정 예에서, 생성된 애플리콘은 최종의 짧은 연결된 애플리콘을 얻기 위해 변형될 수 있으며, 여기서 애플리콘은 5'에서 3'으로의 125bp의 애플리콘이 후속하는 포워드 프라이머(20bp)를 포함할 수 있다. 125bp의 표적 서열이 후속하는 리버스 프라이머를 포함하는 애플리콘의 리버스 서열에 동일한 절차가 적용될 수 있으며; 여기서 변형된 판독 모두는 연결되어 250bp의 최종 짧은 애플리콘을 생성할 수 있으며; 여기서 최종 애플리콘은 클러스터링되어 (예를 들어, CD-HIT 등을 사용하여) 서열 중복성을 감소시킬 수 있으며; 그리고 데이터베이스는 또한 완전한 애플리콘 + 75pb 확장을 양방향으로 포함할 수 있다.

[0191] 추가적으로 또는 대안적으로, 미생물 데이터베이스 프로세싱은 사용자 집단으로부터 수신된 보충 데이터세트와 관련하여 사용자 집단으로부터 수신된 생물학적 샘플을 프로세싱하는 것에 기초하여 기준 마커 및 관련 분류군을 식별하는 단계를 포함할 수 있으나(예를 들어, 사용자로부터 수집된 생물학적 샘플로부터 유래된 마이크로바이옴 조성 특징, 마이크로바이옴 계통발생적 다양성 특징 및/또는 마이크로바이옴 기능적 다양성 특징에 기초하여 사용자에게 대해 자체보고된 컨디션과의 상관관계를 결정하는 것), 표적 분류군에 상응하는 기준 마커를 결정하는 것은 임의의 적합한 방식으로 수행될 수 있다. 그러나, 분류학적 데이터베이스 프로세싱은 임의의 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0192] **3.9 검증**

[0193] 상기 방법(100)은 추가적으로 또는 대안적으로 블록 S190을 포함할 수 있으며, 이는 검증이 언급되어 있다. 블록 S190은 상기 방법(100)의 구현의 임의의 적절한 부분 및/또는 상기 시스템(200)의 구현의 임의의 적절한 구성 요소를 검증하는 기능을 할 수 있다. 예를 들어, 검증은 (예를 들어, 표적 분류군의 상대적 풍부도에 대한) 사용자 마이크로바이옴 파라미터 및/또는 기준 마이크로바이옴 파라미터 범위의 정확한 결정을 용이하게 하기 위해, 마이크로바이옴 데이터세트, 마이크로바이옴 특징 및/또는 마이크로바이옴 데이터베이스에 기초하여, 사용자에게 대해 하나 이상의 여성 생식 시스템-관련 특성화를 생성하는 데 사용되는 프로세스를 검증하는 것을 포함할 수 있다. 검증은 바람직하게 상기 방법(100)의 구현의 하나 이상의 일부를 수행하는 단계 및/또는 하나 이상의 기준 구성 요소(예를 들어, 분류군의 표적 리스트와 관련된 것과 같은 공지된 마이크로바이옴 조성, 마이크로바이옴 계통발생적 다양성 및/또는 마이크로바이옴 기능적 다양성을 갖는 기준 샘플; 기준 실험 기술 등)에 대한 상기 시스템(200)의 구현의 하나 이상의 구성 요소를 적용하는 단계를 포함한다.

[0194] 변형으로, 검증은 표적 분류군과 관련된 유전 물질 회석 (예를 들어, 임의의 적합한 비율로)에 기초하여 기준 샘플(예를 들어, 상이한 표적 분류군에 대해 16S rRNA 유전자의 V4 영역을 나타내는 합성 이중-가닥 DNA와 같은 합성 유전 물질 등)을 생성하는 단계; 및 상기 방법(100)의 구현의 일부(예를 들어, 블록 S110-S130 등) 중 하나 이상을 수행하여 기준 샘플을 프로세싱하여 기준 샘플과 관련된 표적 분류군의 검출을 검증하는 단계를 포함할 수 있다. 변형으로, 검증은 실제 및/또는 합성 생물학적 샘플(예를 들어, 공지된 조성의 살아있는 또는 재조합 물질을 갖는 질 샘플)로부터 유래된 기준 샘플을 프로세싱하여 기준 샘플과 관련된 표적 분류군의 검출을 검증하는 단계를 포함할 수 있다. 예를 들어, 여성 건강 분석을 위한 박테리아 표적의 검출이 검증될 수 있다. 특정 예에서, 컨트롤 샘플(예를 들어, 박테리아 표적에 대해 음성), C. 트라코마티스(*C. trachomatis*)에 양성인 제1 기준 샘플 및 N. 고노르호에(*N. gonorrhoeae*)에 양성인 제2 기준 샘플이 검출 능력을 평가하기 위한 여성 건강 분석을 위한 입력으로서 사용될 수 있으며(예를 들어, 도 15에 도시된 바와 같이, C. 트라코마티스(*C. trachomatis*)(n=5) 또는 N. 고노르호에(*N. gonorrhoeae*)(n=5) 및 16S rRNA 유전자 증폭 및 시퀀싱을 사용하여 병원체의 존재 여부에 대해 테스트된, 11명의 개체로부터의 96 질 샘플을 합하여 구성된 질 풀(VP)을 함유하는 10개의 정보 제거된(de-identified) 임상 검증 검체(iSpecimen)를 포함하며, 여기서 각 검체의 5 복사물이 시험되었으며, 여기서 각각의 반복 실험에서 2개의 병원체의 상대적 풍부도를 연합(부재) 내지 진함(100% 상대 풍부도) 등의 스케일로 나타내었음), 여기서 4개의 STI-관련 표적(즉, C. 트라코마티스(*C. trachomatis*), M. 제니탈륨(*M. genitalium*), N. 고노르호에(*N. gonorrhoeae*) 및 T. 팔리둠(*T. pallidum*))이 건강한 대상자 세트의 어느 샘플이나 혹은 추출된 DNA에 대해 *digene* 테스트의 성능을 검증하기 위해 사용된 질 샘플 세트에 존재하지 않았으며, 그리고 여기서 *digene* 테스트에 대한 분석의 HPV 유전자형 부분을 비교하기 위해 사용된 샘플 세트에서

C. 트라코마티스(*C. trachomatis*) 및 M. 제니탈륨(*M. genitalium*)은 특정 검체에서 발견되었다.

- [0195] 부가적으로 또는 대안적으로, 검증은 (예를 들어, 파라미터, 특징, 및/또는 다른 적절한 데이터와 관련된 정확도, 정밀도 및/또는 다른 적절한 매트릭스 등을 개선하기 위해) 특성화 프로세스를 검증하는 결과에 기초하여 상기 방법(100)의 구현의 일부 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 다른 적절한 일부 중 하나 이상과 관련된 하나 이상의 파라미터, 특징 및/또는 다른 적절한 데이터를 변형(예를 들어, 업데이트 등)하는 것을 포함 할 수 있다.
- [0196] 검증은 추가적으로 또는 변형적으로 기준 분석법 및/또는 다른 적절한 실험 기술과의 비교를 결정하는 단계를 포함할 수 있다. 변형으로, 검증은 기준 분석(예를 들어, digene High-Risk HPV HC2 DNA 테스트)에 대한 비교를 결정하는 것을 포함할 수 있다.
- [0197] 예로서, 샘플링 성능은 기준 HPV 분석(예를 들어, digene HPV 검출 테스트)과 비교될 수 있다. 특정 예에서, 제 1 샘플은 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현과 관련된 여성 건강 분석을 사용하여 수집될 수 있고, 제 2 샘플은 예를 들어 (예, 스스로 다회 샘플링된 개체로부터 유래된 질 샘플들을 합하여 등) 균질화된 질 풀을 사용하여 (예, 본원에 기술된) 스파이킹 및 실험 내 기술 반복성 실험(spiking and intra-run technical repeatability experiments)을 수행하는데 사용하기 위한 것과 같이, 검증 실험을 수행하기 위한 기준 HPV 분석을 사용하여 수집될 수 있다.
- [0198] 예로서, 증폭 및 서열-기반 HPV 타입 식별(예를 들어, 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현과 관련된)은 기준 HPV 분석(예를 들어, digene HPV 검출 테스트; digene HPV 검출 테스트의 hrHPV 프로브 및/또는 lrHPV 프로브 등)과 비교될 수 있다.
- [0199] 예로서, 여성 건강 분석(예를 들어, 방법(100)의 구현의 일부와 관련된)과 관련된 HPV 시퀀싱은 기준 HPV 분석(예를 들어, digene HPV 검출 테스트)에 대해 평가될 수 있다. 특정 예에서, hrHPV 유전자형의 경우, 일치는 95.3%이고, 0.804의 카파를 가졌으며; digene hrHPV 프로브가 lrHPV 타입과 교차-반응성을 나타내는 샘플을 제거한 후, hrHPV 유전자형 분석의 감도 및 특이성은 각각 94.5% 및 96.6%이고, 0.841의 카파를 가졌으며; lrHPV 유전자형 분석의 경우, 일치는 93.9%이고, 0.788의 카파를 가졌으며, 민감도와 특이도는 각각 100%와 92.9%였습니다.
- [0200] 특정 예에서, 기준 HPV 분석의 결과를 비교 표준으로 사용할 수 있는 경우와 같은 컨트롤 및 캘리브레이터를 사용하여, 자가-샘플링된 페어링된 질 샘플에 대한 성능을 평가함으로써, 기준 HPV 분석의 성능을 비교할 수 있으며, 여기서 여성 건강 분석의 결과(예를 들어, 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현과 관련된)는 스파이크-인 컨트롤에 할당된 정규화된 판독 수로 나눈 HPV 타입에 할당된 판독 수가 임계치(예, 0.1 등)보다 큰 경우에 HPV에 대해 양성인 것으로 간주될 수 있으며, 그리고 여기서 여성 건강 분석과 기준 HPV 분석 간의 일치는 Cohen's kappa로 평가될 수 있다(예, 여기서 일치 수준은 0-0.2, 불량; 0.21-0.40, 공정; 0.41-0.6, 보통; 0.61-0.8, 양호; 0.81-1.00, 매우 양호 등의 범위로 정의될 수 있음).
- [0201] 예로서, 추출된 DNA(예를 들어, 추출된 질 DNA) 및/또는 다른 적합한 샘플에 대한 성능은 도 16(예, 87쌍의 자가 수집된 자궁경부 샘플 세트에 대한 digene HC2 High-Risk HPV 분석 성능을 포함하며, 여기서 샘플은 DNA 추출 후 STM 튜브로부터 또는 페어드 샘플로부터 직접 시험되었으며, 여기서 라인은 digene 분석의 컷오프를 나타내며(RLU 비율=1), 여기서 TN, 진 음성(true negative); TP, 진 양성(true positive); FN, 가 음성(false negative); FP, 가 양성(false positive) 등을 나타냄) 및 표 12(예, 87쌍의 자가 수집된 질 샘플 세트에 대한 digene HC2 High-Risk HPV 분석 성능을 포함하며, 여기서 하나의 샘플 세트는 digene Specimen Transport medium("digene STM")에 재현탁된 digene 브러시를 사용하여 수집되었으며, 그리고 제2 세트는 용해/안정화 버퍼("digene DNA") 등이 함유된 튜브에 현탁된 스왑으로부터 DNA 추출되었음)에 나타난 바와 같이, 기준 분석(예를 들어, digene HFV 검출 시험 등)의 성능을 평가하기 위해 기준 분석에 대해 평가될 수 있다.
- [0202] 예를 들어, 임상 샘플(예를 들어, 임상 질 샘플) 및/또는 다른 적합한 샘플에 대한 성능은 여성 건강 분석 및 기준 분석(예를 들어, digene HPV 검출 테스트 등) 간의 비교를 통해 평가될 수 있으며, 예를 들어, hrHPV 시퀀싱의 성능에 대해, 도 17a(예, HPV 프라이머를 사용하여 PCR 증폭 및 시퀀싱에 의해 추출 및 시험되고, 그리고 추가적으로 HC2 hrHPV(도 17a) 또는 lrHPV(도 17b) 프로브 믹스를 사용하여 digene 분석에 직접 사용된 718 질 샘플의 DNA로부터의 결과를 포함하며, 여기서 각 샘플에 대해, x-축은 스파이크드-인 인터널 컨트롤(spiked-in internal control)에 할당된 판독에 걸쳐 검증된 HPV 타입에 할당된 정규화된 판독 비율을 나타내며, 한편 Y-축은 분석의 컷-오프 RLU에 걸쳐 정규화된 digene HPV 프로브 RLU 값을 나타내며, 여기서 라인은 각각의 분석에 대한 컷오프를 나타내고, 도 17a는 601 샘플의 서브 세트에서 hrHPV 시험 결과의 비교를 포함하고, 그리고 여기

서 digene hrHPV 분석에서 양성이고 hrHPV 유전형 분석에서 음성인 6개의 샘플(다만, 여기서 1rHPV 서열은 유전형 분석에 의해 검출되었음)은 삼각형으로 표시됨) 및 표 13(예, 여성 건강 분석법 및 hrHPV를 검출하기 위한 digene HC2 hrHPV 분석의 비교 결과를 포함하며; 여기서 601개의 샘플 중, 504개가 두 테스트에서 음성이었으며, 한편 69개는 두 테스트에서 양성이었으며; 여기서 유전자형 분석은, 스파이크-인 컨트롤에 할당된 판독 수로 나눈 검증된 어느 hrHPV 타입(16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 및 68)에 할당된 정규화된 판독 수가 0.1보다 큰 경우에 양성인 것으로 간주하였으며; 여기서 digene 테스트는 측정된 RLU가 분석의 컷오프 이상((1 이상의 RLU 비율)인 경우에 양성으로 간주되었으며; 그리고 정규화된 hrHPV 시퀀싱 판독의 수와 digene HC2 hrHPV RLU 비율 간에 양성 상관 관계가 발견되었음 등)에 나타난 바와 같다.

[0203] 예로서, 임상 샘플(예를 들어, 임상 질 샘플) 및/또는 다른 적합한 샘플에 대한 성능은, 예를 들어, 도 17b(예, 여기서 도 17b는 148개 샘플의 서브세트에서 1rHPV 시퀀싱 결과의 비교 등을 포함함) 및 표 14(예, 148개 샘플 중 118개는 두 테스트 모두에서 음성이었으며, 한편 21개는 두 테스트 모두에서 양성이었으며; 여기서 유전자형 분석은, 스파이크-인 컨트롤에 할당된 판독 수로 나눈 검증된 어느 hrHPV 타입(6, 11, 42, 43, 44)에 할당된 정규화된 판독 수가 0.1보다 큰 경우에 양성인 것으로 간주하였으며; 여기서 digene 테스트는 측정된 RLU가 분석의 컷오프 이상((1 이상의 RLU 비율)인 경우에 양성으로 간주되었으며; 그리고 정규화된 1rHPV 시퀀싱 판독의 수는 digene HC2 hrHPV RLU 비율과 양성적으로 상관 관계가 있었음 등)에 나타난 바와 같이 1rHPV 시퀀싱의 성능에 대해, 여성 건강 분석 및 기준 분석(예를 들어, digene HPV 검출 시험 등) 간의 비교를 통해 평가될 수 있다.

[0204] 예로서, 임상 샘플에서 hrHPV 및 1rHPV 타입의 유병률은, 도 18a 및 18b(예, 합하여진 718개 샘플에 대한 결과 포함함)에 나타난 바와 같이, 여성 건강 분석 및 기준 분석(예를 들어, digene HPV 검출 시험 등) 간에 비교될 수 있다.

[0205] 검증은 추가적으로 또는 대안적으로 시험관 내 검증(예를 들어, 임의의 적합한 분류군 및/또는 표적, 예컨대 분류군 및/또는 여성 건강 분석과 관련된 표적 등)을 포함할 수 있다. 변형으로, 검증은 박테리아 표적(예를 들어, 표 1에 기재된 32개의 박테리아 표적 등)의 시험관 내 검증을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 시험관 내 검증은, 합성 DNA, 예를 들어 프라이머 영역(예, SILVA 대표 서열에 기초하며; 여기서 분류군마다 SILVA 대표 서열은 분류군에서 모든 서열의 전체-대-전체 서열 비교(all-against-all sequence comparison)를 수행하고, 세트에서 가장 많은 수의 서열과 가장 높은 유사성을 공유하는 대표 서열로서 식별함으로써 선택될 수 있음) + 양 5' 및 3' 사이드 모두에 75개의 추가 염기를 포함하는 16S rRNA 유전자의 V4 영역을 포함하는 합성 DNA를 (도 7에 나타난 바와 같이) 표적 당 하나의 sDNA를 가지고 사용하는 것을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 각 표적이 질 스왑 검체에서 검출될 수 있는 것을 검증하기 위해, 각 sDNA(예, 3ng)를 질 풀의 분취액(예, 500 μ l)에 스파이킹되고(spiked), 본 시험에 포함된 여성의 질 검체를 합하여 생성될 수 있으며, 그리고 DNA는 각각의 스파이킹된 질 풀로부터 추출하였으며; 여기서 각각의 스파이크-인 실험은 3회 수행되었고; 16S rRNA 유전자를 표적으로 하는 PCR, 시퀀싱, 및 생물정보학 파이프라인, 예를 들어 방법 100의 구현의 일부를 사용하여 증폭에 의해 박테리아 표적이 검출되었으며; 여기서 각각의 표적은 질 풀로부터 추출된 DNA에 대해 수행된 각각의 삼중 스파이크-인 증폭 반응에서 검출 한계(LOD) 초과로 검출되었다. 추가적으로 또는 대안적으로, 표적의 LOD(예를 들어, 박테리아 표적)가 결정될 수 있다. 특정 예에서, 블랭크 한계(LOB)는 PCR 플레이트의 웰(예를 들어, 플레이트의 제1 열 및 제1 컬럼의 웰)이 상이한 표적으로부터의 합성 16S rRNA 유전자 DNA 200pg/ μ l를 각각 함유하였음을 사용하여 계산될 수 있으며; 여기서 LOB는 이들 블랭크 웰에서의 평균 판독 수 + 1.65 표준 편차로서 설정되었으며; 여기서 박테리아 sDNA 풀은 상이한 비율로 혼합되었으며(예를 들어, 각각의 박테리아 sDNA는 각각 sDNA를 등몰량으로 함유하는 2개의 풀 A 및 B 중 하나에 무작위로 할당되었음); 여기서 각각의 풀은 PCR 등급의 물에 연속적으로 희석되었으며(예를 들어, 풀 A 희석물은 희석되지 않은 풀 B와 1:1로 혼합되고, 그 반대로도 혼합되었음); 여기서 풀 A/B 조합은 아래에 설명된 바와 같이 DNA 추출, 증폭 및 시퀀싱을 위해 3회 사용되었으며; 여기서 각각의 표적에 대해, LOD는 sDNA의 최저 농도로 정의되었으며, 여기서 3개의 복제물 중 적어도 2개는 10,000개 이상의 판독으로 샘플에서 상기 표적에 대해 적어도 2개의 판독을 함유하였으며; LOD를 사용하는 경우, LOB(48.27)+ LOD*1.65에서 분류군의 표준 편차로서 LOD에서 각 분류군에 대한 검출에 대한 하한 임계치를 계산할 수 있으며; 그리고 여기서 임계치는 샘플에서 LOD 이상으로 식별된 분류군을 정확하게 할당하기 위해 사용된다. 특정 예에서, 혼합 풀 A 및 B에 중 및 속 수준 sDNA가 모두 존재하는 표적의 경우, 생물정보학적 보정을 적용할 수 있으며, 해당 속 내의 종이 혼합 풀에 존재하는 속-수준 표적에 대한 총 판독은, 속에 대한 측정된 총 판독으로서 그리고 동일한 풀 혼합에서 해당 속에 속하는 종-수준 표적에 상응하는 모든 판독을 빼는 것으로 정의된다(예, 속과 일치하며 종 수준과 일치하지 않는 판독만이 속에 할당될 수 있음).

[0206] 변형으로, 검증은 HPV 표적(예를 들어, 표 1에 기재된 HPV 표적 등)의 시험관 내 검증을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 대략 600bp 길이의 L1 유전자의 단편이 사용될 수 있다. 특정 예에서, (예를 들어, 여성 건강 분석에 포함된) 5 hrHPV 및 19 hrHPV 타입을 나타내는 합성 DNA 서열이 표 8에 기재될 수 있다. 특정 예에서, 각각의 표적이 질 스왑 검체에서 검출될 수 있는 것을 검증하기 위해, 각각의 HPV sDNA(예를 들어, 3ng)가 본 시험에 포함된 여성의 질 검체 합하여 생성된 질 풀의 분취량(예를 들어, 500 μ l)으로 스파이킹 될 수 있고, DNA는 각 스파이크킹된 질 풀로부터 추출되었으며; 여기서, 스파이킹된 HPV 표적은 L1 유전자 및 생물정보학 파이프라인을 표적하는 PCR을 사용하여 증폭에 의해 검출되었으며(예를 들어, 방법(100)의 구현의 일부); 여기서 각 스파이크-인 실험은 3회 수행되었고; 여기서 질 풀로부터 추출된 DNA에 대해 수행된 각각의 삼중 스파이크-인 증폭 반응에서 각각의 HPV 표적이 LOD 위에서 검출되었으며; 여기서 각 표적은 인터널 스파이크-인 컨트롤에 할당된 정규화 관독의 총 수로 나눈 HPV-할당 관독의 수에 대해 비율이 0.1보다 컸다. 특정 예에서, HPV 표적의 LOD를 결정하기 위해, HPV 표적을 나타내는 sDNA의 10-배 연속 희석물을 μ l 당 10^5 내지 10^2 분자 범위의 뉴클레아제-프리 물에 제조하였으며; 여기서 하나의 표적의 희석액은 다른 표적의 희석액과 역으로 합하여져서 상이한 쌍의 HPV sDNA를 형성하였다. 각각의 희석 쌍을 하기 기재된 바와 같이 PCR에 대한 주형으로서 직접 사용하였다.

[0207] 그러나, 검증은 어느 적절한 방식으로 수행될 수 있다.

[0208] **4. 시스템**

[0209] 도 2에 도시된 바와 같이, 시스템(200)의 구현(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하기 위한)은 다음 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다: 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 유전자 서열; 미생물 서열 데이터 세트 등)의 결정을 용이하게 하기 위해 하나 이상의 사용자(예를 들어, 인간 대상자, 환자, 동물 대상자, 환경 생태계, 케어 제공자 등)로부터의 생물학적 샘플(예를 들어, 사용자에게 의해 수집되고 프리-프로세싱 시약을 포함하는 용기에 포함됨)을 수집 및/또는 프로세싱하도록 작동가능한 취급 시스템(예를 들어, 샘플 취급 시스템 등)(210); 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 특징; 마이크로바이옴 기능적 특징; 다양성 특징; 상대적 풍부도 범위; 예를 들어 미생물 데이터 세트 및/또는 다른 적합한 데이터에 기초한 것 등)을 결정하고, 여성 생식계통-관련 특성화(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션 특성화, 요법-관련 특성화, 사용자에게 대한 특성화 등)를 결정하도록 작동가능한 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220); 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 기초하여; 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 개선하기 위해 등) 치료적 개입을 용이하게 하도록 (예를 들어, 요법을 촉진하는 등) 작동가능한 치료 촉진 시스템(230).

[0210] 시스템(200)의 구현은 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 치료적 개입의 생성을 용이하게 하기 위해, 미생물 핵산 및/또는 생물학적 샘플의 다른 구성 요소를 데이터(예를 들어, 후속 정렬 및 분석될 수 있는 유전자 서열; 미생물 데이터세트 등)로 변형시키기 위해 생물학적 샘플을 수신 및/또는 프로세싱(예를 들어, 단편화, 증폭, 서열화, 관련 데이터세트 생성 등)하는 기능을 할 수 있는 하나 이상의 취급 시스템(210)을 포함할 수 있다. 취급 시스템(210)은, 예를 들어 메일 운반 시스템을 통해, 샘플 키트(250)(예를 들어, 하나 이상의 수집 부위로부터 샘플을 수집하기 위한 샘플 용기, 지침서 등)를 다수의 사용자에게(예를 들어, 샘플 키트(250)에 대한 구매 주문에 대한 응답으로) 제공하도록 추가적으로 또는 대안적으로 기능할 수 있다. 취급 시스템(210)은, 미생물 데이터(예를 들어, 미생물 서열 데이터, 미생물 데이터세트를 위한 다른 데이터 등) 생성시와 같이, 하나 이상의 생물학적 샘플을 시퀀싱하기 위해(예를 들어, 생물학적 샘플 등으로부터 미생물 핵산을 시퀀싱하기 위해), 하나 이상의 시퀀싱 시스템(215)(예를 들어, 차세대 시퀀싱 시스템, 표적화된 앰플리콘 시퀀싱을 위한 시퀀싱 시스템, 시퀀싱-합성 기술, 캐필러리 시퀀싱 기술, 생거 시퀀싱 기술, 파이로시퀀싱 기술, 나노포어 시퀀싱 기술 등)을 포함할 수 있다. 차세대 시퀀싱 시스템(예를 들어, 차세대 시퀀싱 플랫폼 등)은 고-처리량 시퀀싱(예를 들어, 고-처리량 시퀀싱 기술; 대규모 병렬 시그네이처 시퀀싱, 폴로니 시퀀싱, 454 파이로시퀀싱, 일루미나 시퀀싱, SOLiD 시퀀싱, Ion Torrent 반도체 시퀀싱, DNA 나노볼 시퀀싱, Heliscope 단일 분자 시퀀싱, 단일 분자 실시간(SMRT) 시퀀싱, Nanopore DNA 시퀀싱 등을 통해 용이하게 됨), 어느 세대의 시퀀싱 기술(예를 들어, 차세대 시퀀싱 기술, 3세대 시퀀싱 기술, 4세대 시퀀싱 기술 등), 앰플리콘-관련 시퀀싱(예를 들어, 표적화된 앰플리콘 시퀀싱), 합성에 의한 시퀀싱(sequencing-by-synthesis), 터널링 전류 시퀀싱, 하이브리드화에 의한 시퀀싱, 질량 분석법 시퀀싱, 현미경-기반 기술, 및/또는 어느 적절한 차세대 시퀀싱 기술 중 하나 이상을 위해 어느 적절한 시퀀싱 시스템을 포함할 수 있다. 추가적으로 또는 대안적으로, 시퀀싱 시스템(215)은 캐필러리 시퀀싱, 생거 시퀀싱(예를 들어, 미세유체 생거(Sanger) 시퀀싱 등), 파이로시퀀싱, 나노 포어 시퀀싱(옥스포드 나노포어 시퀀싱 등) 및/또는 어느 적절한 시퀀싱 기술에 의해 용이하게되는 어느 다른 적절한 타입의 시퀀싱

중 어느 하나 이상을 실행할 수 있다.

[0211] 상기 취급 시스템(210)은 추가적으로 또는 대안적으로, 시퀀싱 시스템에 의해 시퀀싱되는 다중 방식으로 생물학적 샘플을 자동적으로 준비하도록 작동가능한(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 유전자 표적과 호환가능한 프라이머를 이용하여 단편화 및 증폭시키는 것) 라이브러리 제조 시스템; 및/또는 어느 적절한 구성 요소를 포함한다. 상기 취급 시스템(210)은 본원에 기술된 어느 적절한 샘플 프로세싱 기술을 수행할 수 있다. 그러나, 상기 취급 시스템(210) 및 관련된 구성 요소는 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0212] 상기 시스템(200)의 구현은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)을 포함할 수 있으며, 이는 미생물 데이터세트(예를 들어, 미생물 유전자 서열; 기준 서열에 대한 정렬을 이끄는 프로세싱된 생물학적 샘플에 기초한 것 등), 마이크로바이옴 특징(예를 들어, 개체 변수; 변수 그룹; 표현형 예측, 통계적 설명과 관련된 특징; 개체로부터 얻은 샘플과 관련된 변수; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 변수; 샘플의 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능성을 상대적으로 또는 절대적으로 정량화하는 데 있어서, 완전히 또는 부분적으로 기술된 변수 등), 모델, 및/또는 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 치료적 개입을 용이하게 하기 위한 다른 적절한 데이터를 결정, 분석, 특성화 및/또는 그렇지 않으면 프로세싱하는 기능을 할 수 있다. 예로서, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 샘플들(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션의 존재, 부재, 위험, 이에 대한 성향 및/또는 이와 관련된 다른 견지들과 관련된 샘플들)의 차이를 통계적으로 기술하는 특징의 정보와 관련된 데이터를 식별할 수 있으며, 예를 들어, 여기서 차이 분석은 다른 샘플들을 차별화(예를 들어, 컨디션의 존재 또는 부재와 관련된 서브그룹을 차별화하는 것)하는 특징들에 컴플리멘팅 뷰를 제공할 수 있다. 특정 예에서, 개별 예측 인자, 특정 생물학적 프로세스 및/또는 통계적으로 유추된 잠복 변수는 특성화, 진단 및/또는 치료와 관련하여 다양한 다운 스트림 기회를 용이하게 하기 위해 상이한 수준의 데이터 복잡성에서 컴플리멘터리(보완) 정보를 제공할 수 있다. 다른 특정 예에서, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 하나 이상의 특성화 프로세스를 수행하기 위한 보충 데이터를 프로세싱한다.

[0213] 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 포함, 생성, 적용, 및/또는 그렇지 않으면 프로세싱할 수 있으며, 이는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 특성화하기 위한 여성 생식계통-관련 컨디션 모델(예를 들어, 하나 이상의 사용자에게 대한 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 성향을 결정하는), 요법을 결정하기 위한 요법 모델, 및/또는 상기 시스템(200) 및/또는 방법(100)의 구현과 관련된 어느 적절한 목적을 위한 어느 다른 적절한 모델 중 어느 하나 이상을 포함할 수 있다. 특정 예에서, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션을 치료하기 위해 사용되는 요법을 식별 및/또는 특성화하기 위해, (예를 들어, 교차-컨디션 분석 등에 기초한) 요법 모델을 생성 및/또는 적용할 수 있다. 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델들의 상이한 조합; 상이한 분석 기술을 적용하는 상이한 모델; 상이한 입력 및/또는 출력 타입; 시간 및/또는 빈도와 관련된 것과 같은 것이 상이한 방식으로 적용되는 것 등)이 다음 중 하나 이상에 기초하여 적용(예를 들어, 실행, 선택, 검색, 저장 등)될 수 있다: 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 상이한 여성 생식계통-관련 컨디션 및/또는 컨디션들의 조합과 관련된 데이터를 프로세싱하는 데 상이한 수준의 적합도를 갖는 경우와 같이, 특성화되는 여성 생식계통-관련 컨디션 또는 컨디션들에 따라 달라지는 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 사용함), 사용자(예를 들어, 상이한 사용자 데이터 및/또는 특성, 인구통계 특성, 유전학, 환경적 요인 등에 기초한, 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델), 여성 생식계통-관련 특성화(예를 들어, 관련 마이크로바이옴 조성 식별하기 위한 것 대(versus) 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 성향 스코어를 결정하기 위한 것과 같이, 요법-관련 특성화 대 진단-관련 특성화와 같은 상이한 타입의 특성화를 위한 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델), 요법(예를 들어, 상이한 요법의 효능을 모니터링하기 위한 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델), 신체 부위(예를 들어, 상이한 샘플 수집 부위로부터의 생물학적 샘플에 상응하는 미생물 데이터세트를 프로세싱하기 위한 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델 등). 그러나, 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 여성 생식계통-관련 특성화 및/또는 치료적 개입을 용이하게 하기 위해 맞춤화되고 그리고/또는 어느 적절한 방식으로 사용될 수 있다.

[0214] 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 바람직하게 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화(예를 들어, 부위-특이적 분석)를 결정할 수 있다. 예로서, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 상이한 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성 및/또는 적용할 수 있다. 특정 예에서, 상이한 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델은, 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델이 관련된 하나 이상의 신체 부위와 관련된 부위-특이적 특징들과 같은(예를 들어, 사용자 내장 수집 부위에서 수집된 사용자 샘플에 기초하여 특성화를 결정하기 위해 적용될 수 있는 내장 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델을 생성하기 위한 것과 같이, 대

상자의 내장 수집 부위에서 수집된 샘플로부터 유래되고, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 상관적인 내장 부위-특이적 특징들을 이용하여), 상이한 마이크로바이옴 특징들에 기초하여 생성 및/또는 적용될 수 있다. 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화 모델, 부위-특이적 특징, 샘플, 부위-특이적 요법, 및/또는 다른 적절한 엔티티(예를 들어, 신체 부위 등과 관련될 수 있는)는 바람직하게, 내장 부위(예를 들어, 대변 샘플 등에 기초하여 특성화가능한), 피부 부위, 코 부위, 생식기 부위(예를 들어, 성기, 외음부; 질 부위 등), 입 부위, 및/또는 어느 적절한 신체 영역 중 하나 이상을 포함하는 적어도 하나의 신체 부위(예를 들어, 샘플 수집 부위 등에 상응하는)와 관련된다. 예로서, 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델은 상이한 타입의 입력, 출력, 여성 생식계통-관련 특성화, 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 특성화하는 데 필요한 상이한 표현형 측정치), 및/또는 어느 다른 적절한 엔티티에 맞춤화될 수 있다. 그러나, 부위-특이적 여성 생식계통-관련 특성화는 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220) 및/또는 다른 적절한 구성 요소에 의해 어느 방식으로 구성되고, 어느 방식으로 결정될 수 있다.

[0215] 상기 시스템(200)의 구현의 여성 생식계통-관련 특성화 모델, 다른 모델, 다른 구성 요소 및/또는 상기 방법(100)의 구현의 적절한 부분(예를 들어, 특성화 프로세스, 마이크로바이옴 특징 결정, 여성 생식계통-관련 특성화 결정 등)은 다음 중 어느 하나 이상을 포함하는 분석 기술을 이용할 수 있다: 단일변량 통계 테스트, 다변량 통계 테스트, 차원 감소 기술(dimensionality reduction techniques), 인공 지능 접근법(예를 들어, 기계 학습 접근법 등), 데이터에 대한 패턴 인식 수행(예를 들어, 여성 생식계통-관련 컨디션과 마이크로바이옴 특징 사이의 상관성 식별 등), 다수의 공급원으로부터의 데이터 융합(예를 들어, 데이터로부터 추출된 마이크로바이옴 특징에 기초한 것과 같이, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 다수의 사용자로부터의 마이크로바이옴 데이터 및/또는 보충 데이터에 기초한 특성화 모델 생성), 값들의 조합(평균 값 등), 압축, 변환(예를 들어, 디지털-아날로그 변환, 아날로그-디지털 변환), 데이터에 대한 통계적 추정 수행(예를 들어, 오디너리 리스퀘어 회귀(ordinary least squares regression), 논-네거티브 리스퀘어 회귀(non-negative least squares regression), 주성분 분석, 능선 회귀 등), 과 변조, 정규화, 업데이트(예를 들어, 시간 경과에 따른 프로세싱된 생물학적 샘플에 기초한 특성화 모델 및/또는 요법 모델 등), 순위(예를 들어, 마이크로바이옴 특징; 요법 등), 가중치(예를 들어, 마이크로바이옴 특징 등), 검증(validating), 필터링(예를 들어, 기준선 보정, 데이터 크로핑 등), 노이즈 감소, 스무딩, 채우기(예를 들어, 깎 채우기), 정렬, 모델 피팅, 비닝(binning), 윈도잉, 클리핑, 변환(transformation), 수학 연산(예를 들어, 미분, 이동 평균, 합산, 빼기, 곱하기, 나누기 등), 데이터 결합, 다중화, 역다중화, 보간(interpolating), 외삽, 클러스터링, 이미지 프로세싱 기술, 다른 신호 프로세싱 수행, 다른 이미지 프로세싱 수행, 시각화 및/또는 어느 다른 적절한 프로세싱 수행. 인공 지능 접근법은 다음 중 어느 하나 이상을 포함한다: 지도 학습(예를 들어, 로지스틱 회귀 사용, 역전파 신경망 사용, 랜덤 포레스트 사용, 디시전 트리 등), 비지도 학습(예를 들어, Apriori 알고리즘 사용, K-means 클러스터링 사용), 반-지도 학습, 딥 러닝 알고리즘(예를 들어, 신경망, 제한된 볼츠만 머신(restricted Boltzmann machine), 딥 빌리프 네트워크 방법(deep belief network method), 컨볼루션 신경망 방법(convolutional neural network method), 반복 신경망 방법(recurrent neural network method), 스택형 자동-인코더 방법 등), 강화 학습(예를 들어, Q-학습 알고리즘 사용, 시간 차이 학습 사용), 회귀 알고리즘(예를 들어, 오디너리 리스퀘어 회귀, 로지스틱 회귀, 단계적 회귀, 다변량 적응 회귀 스플라인, 국소 추정 산점도 스무딩 등), 인스턴스-기반 방법(예를 들어, k-최근접 이웃, 학습 벡터 양자화(learning vector quantization), 자가-조직화 맵(self-organizing map) 등), 정규화 방법(예를 들어, 능선 회귀, 최소 절대 위링키지 및 선택 오퍼레이터(absolute shrinkage and selection operator), 엘라스틱 넷(elastic net) 등), 디시전 트리 학습 방법(예를 들어, 분류 및 회귀 트리, 반복 이분법 3, C4.5(iterative dichotomiser 3, C4.5), 카이-제곱 자동 상호작용 감지(chi-squared automatic interaction detection), 디시전 스텝프, 랜덤 포레스트, 다변량 적응 회귀 스플라인, 구배 부스팅 머신 등), 베이지안 방법(Bayesian method)(예를 들어, naive Bayes, 평균 원-디펜던스 추정기, Bayesian 빌리프 네트워크, 커널 방법(kernel method)(예를 들어, 서포트 벡터 머신, 방사형 기본 함수, 선형 판별 분석 등), 클러스터링 방법(예를 들어, k-means 클러스터링, 기대 최대화 등), 관련 규칙 학습 알고리즘(예를 들어, Apriori 알고리즘, Eclat 알고리즘 등), 인공 신경망 모델(예를 들어, Perceptron 방법, 역-전파 방법, Hopfield 네트워크 방법, 자가-조직화 맵 방법, 학습 벡터 양자화 방법 등), 앙상블 방법(예를 들어, 부스팅, 부스트래핑된 집계, AdaBoost, 스택 일반화, 구배 부스팅 머신 방법, 랜덤 포레스트 방법 등) 및/또는 어느 적절한 인공 지능 접근법. 그러나, 데이터 프로세싱은 어느 적절한 방식으로 이용될 수 있다.

[0216] 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 교차-컨디션 분석을 수행할 수 있다(예를 들어, 다중-컨디션 마이크로바이옴 특징과 같은 상이한 여성 생식계통-관련 특성화 모델의 출력에 기초하여 다중-컨디션 특성화를 생성하는 것 등). 예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템은 미생물

데이터, 마이크로바이옴 특징 및/또는 다수의 여성 생식계통-관련 컨디션(예를 들어, 진단, 특성화된 것 등)과 관련된 사용자와의 다른 적합한 마이크로바이옴 특성에 기초하여, 여성 생식계통-관련 컨디션들 사이의 관계를 특성화할 수 있다. 특정 예에서, 교차-컨디션 분석은 개체의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 특성화(예를 들어, 개체의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 여성 생식계통-관련 특성화 모델로부터의 출력)에 기초하여 수행될 수 있다. 교차-컨디션 분석은 컨디션-특이적 특징(예를 들어, 단일 여성 생식계통-관련 컨디션에만 관련된 것 등), 다중-컨디션 특징(예를 들어, 둘 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 것 등), 및/또는 다른 적합한 타입의 특징의 식별을 포함한다. 교차-컨디션 분석은 상이한 쌍의 여성 생식계통-관련 컨디션을 평가하는 것에 의한 것과 같이, 둘 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션 사이의 관계를 설명하는 파라미터 인포밍 상관성, 일치율, 및/또는 다른 유사한 파라미터의 결정을 포함할 수 있다. 그러나, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템 및/또는 다른 적절한 구성 요소는 교차-컨디션 분석을 용이하게 하기 위한 어느 적절한 방식(예를 들어, 교차-컨디션 분석 목적을 위한 분석 기술 적용; 교차-컨디션 특성화 생성 등)으로 구성될 수 있다.

[0217] 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 바람직하게 원격 컴퓨팅 시스템(예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 모델 등을 적용하기 위한)을 포함하지만, 어느 적합한 컴퓨팅 시스템(예를 들어, 로컬 시스템, 사용자 디바이스, 클라우드 시스템 구성 요소 등)을 추가적으로 또는 대안적으로 포함할 수 있다. 그러나, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0218] 상기 시스템(200)의 구현은 (예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 사용자의 상태를 개선하기 위한, 사용자 마이크로바이옴 조성 및 기능적 다양성의 조절 용이화 등) 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대해 치료적 개입(예를 들어, 하나 이상의 요법을 촉진하는 것 등)을 용이하게 하기 위한 기능을 할 수 있는, 하나 이상의 요법 용이화 시스템(230)을 포함할 수 있다. 요법 용이화 시스템(230)은, 예를 들어, 부위-특이적 특성화(예를 들어, 다수의 신체 부위와 관련된 다중-부위 특성화 등), 다중-컨디션 특성화, 기타 특성화, 및/또는 어느 다른 적절한 데이터에 기초하는 것과 같이, 임의의 수의 신체 부위(예를 들어, 임의의 적절한 수의 샘플 수집 부위 등에 상응하는 등)와 관련된 임의의 수의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 치료적 개입을 용이하게 할 수 있다. 요법 용이화 시스템(230)은 다음 중 하나 이상을 포함할 수 있다: 통신 시스템(예를 들어, 요법 권고, 선택, 단념 및/또는 다른 적절한 요법-관련 정보를 컴퓨팅 디바이스(예를 들어, 사용자 디바이스 및/또는 케어 제공자 디바이스; 모바일 디바이스; 스마트폰; 데스크탑 컴퓨터; 컴퓨팅 디바이스에 의해 액세스되는 웹 사이트, 웹 애플리케이션 및/또는 모바일 애플리케이션 등)에 통신하기 위해; 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련되어 케어 제공자와 대상자 사이에 원격 진료를 가능하게 하기 위해 등); 사용자 디바이스상에서 실행 가능한 애플리케이션(예를 들어, 사용자에게 대한 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능성을 나타내는 것 등), 의료 디바이스(예를 들어, 상이한 수집 부위로부터 샘플을 수집하기 위한 것과 같은 생물학적 샘플링 디바이스; 의약 제공 디바이스; 외과적(surgical) 시스템 등), 사용자 디바이스(예를 들어, 생체 센서) 및/또는 어느 다른 적합한 구성 요소. 하나 이상의 요법 용이화 시스템(230)은 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)을 제어 가능하고, 이와 통신 가능하고 그리고/또는 이와 연관될 수 있다. 예를 들어, 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)은 상응하는 사용자(예를 들어, 인터페이스(240) 등에서)에게 제시하기 위한 요법 용이화 시스템(230)에 대한 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션의 특성화를 생성할 수 있다. 다른 예로서, 요법 용이화 시스템(230)은 요법을 촉진(예를 들어, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션과 관련된 사용자 상태를 개선하기 위한 할일 목록 애플리케이션, 라이프스타일 변화를 촉진하는 것)하기 위해 디바이스의 애플리케이션 및/또는 다른 소프트웨어를 업데이트 및/또는 그렇지 않으면 변형시킬 수 있다. 그러나, 요법 용이화 시스템(230)은 어느 다른 방식으로 구성될 수 있다.

[0219] 도 25에 도시된 바와 같이, 상기 시스템(200)의 구현은 추가적으로 또는 대안적으로 마이크로바이옴 특성, 여성 생식계통-관련 컨디션 정보(예를 들어, 성향 매트릭스; 요법 권장; 다른 사용자와의 비교 등), 및/또는 하나 이상의 여성 생식계통-관련 특성화와 관련된(예를 들어, 이에 포함되거나, 관련되거나, 이로부터 유래될 수 있는 것 등) 특정 정보(예를 들어, 본원에 기술된 어느 적절한 데이터)의 제시를 개선시키는 기능을 할 수 있는 인터페이스(240)를 포함할 수 있다. 예를 들어, 인터페이스(240)는, 인구통계 특성을 공유하는 사용자 그룹(예를 들어, 흡연자, 운동가, 다른 다이어트 요법을 사용하는 사용자, 프로바이오틱스 소비자, 항생제 사용자, 특정 요법을 받고 있는 그룹 등)와 관련된 것과 같이, 하나 이상의 여성 생식계통-관련 컨디션에 대한 마이크로바이옴 조성(예를 들어, 분류학적 그룹; 상대 풍부도 등), 기능적 다양성(예를 들어, 특정 기능과 관련된 유전자의 상대 풍부도), 및 성향 매트릭스를 포함하는 여성 생식계통-관련 컨디션 정보를 제시할 수 있다. 그러나, 인터페이스(240)는 어느 적절한 방식으로 구성될 수 있다.

[0220] 상기 시스템(200)의 구현의 구성 요소는 일반적으로 별개의 구성 요소로서 기술되지만, 이들은 물리적 및/또는

논리적으로 어느 방식으로 통합될 수 있다. 예를 들어, 컴퓨팅 시스템(예를 들어, 원격 컴퓨팅 시스템, 사용자 디바이스 등)은 여성 생식계통-관련 특성화 시스템(220)(예를 들어, 사용자에게 대한 여성 생식계통-관련 컨디션의 특성화를 생성하기 위해 마이크로바이옴-관련 컨디션 모델을 적용하는 것 등) 및 요법 용이화 시스템(230)(예를 들어, 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능과 관련된 통찰력을 제시함으로써; 요법 권고 및/또는 정보를 제시함으로써; 여성 생식계통-관련 개선을 위한 요법과 관련되어 사용자에게 알리기 위해, 스마트폰의 달력 애플리케이션에 매일의 이벤트를 스케줄링함으로써 치료적 개입을 용이하게 하는 것 등)의 일부 및/또는 전부를 실행할 수 있다. 일 예로서, 상기 시스템(200)의 구현은 요법 용이화 시스템(230)을 생략할 수 있다. 일 예로서, 상기 시스템(200)은 인-클리닉 자궁경부암 스크리닝, 다른 적절한 여성 건강 스크리닝을 위한 기존의 및/또는 현재의 접근법, 여성 건강과 관련된 다른 적절한 인-클리닉 접근법, 및/또는 어느 적절한 접근법을 보완할 수 있는 여성의 건강 분석(예, 본원에 기재된 것 등)을 포함할 수 있다. 그러나, 상기 시스템(200)의 구현의 기능성은 어느 적절한 시스템 구성 요소들 사이에 어느 적절한 방식으로 분배될 수 있다. 그러나, 상기 시스템(200)의 구현의 구성 요소는 어느 적합한 방식으로 구성될 수 있다.

[0221] **5. 기타**

[0222] 그러나, 상기 방법(100)의 구현은 대상자로부터 생물학적 샘플의 수신, 대상자로부터 생물학적 샘플의 프로세싱, 생물학적 샘플로부터 유래된 데이터 분석, 및 대상자의 특정 마이크로바이옴 조성 및/또는 기능적 특징에 따른 맞춤형 진단 및/또는 프로바이오틱-기반 요법을 제공하기 위해 사용될 수 있는 모델 생성을 용이하게 하도록 구성된 임의의 다른 적절한 블록 또는 단계를 포함할 수 있다.

[0223] 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현은, 임의의 변형(예, 구현, 변화, 실시예, 특정 실시예, 도면 등)을 포함하는 다양한 시스템 구성 요소 및 다양한 방법 프로세스의 모든 조합 및 순열을 포함할 수 있으며, 여기서 상기 방법(100) 및/또는 본원에 기술된 프로세스의 구현의 일부는 비동기적으로(asynchronously)(예, 연속적으로), 동시에(예, 병렬적으로), 또는 상기 시스템(200) 및/또는 본원에 기재된 다른 엔티티의 하나 이상의 예, 엘리먼트, 구성 요소 및/또는 다른 견지에 의해 그리고/또는 이를 사용하여 임의의 다른 적절한 순서로 수행될 수 있다.

[0224] 본원에 기술된 임의의 변형(예를 들어, 구현, 변화, 실시예, 특정 실시예, 도면 등) 및/또는 본원에 기술된 변형의 임의의 부분은 추가적으로 또는 대안적으로 조합, 집합, 배제, 사용, 연속적으로 수행, 병렬적으로 수행되고 그리고/또는 달리 적용된다.

[0225] 상기 방법(100) 및/또는 시스템(200)의 구현의 일부는 컴퓨터-판독 가능 지침을 저장하는 컴퓨터-판독 가능 매체를 수신하도록 구성된 머신으로서 적어도 부분적으로 구현 및/또는 실행될 수 있다. 지침은 시스템과 통합될 수 있는 컴퓨터-실행 가능 구성 요소에 의해 실행될 수 있다. 컴퓨터-판독 가능 매체는 RAM, ROM, 플래시 메모리, EEPROM, 광학 디바이스(CD 또는 DVD), 하드 드라이브, 플로피 드라이브 또는 임의의 적절한 디바이스와 같은 임의의 적합한 컴퓨터-판독 가능 매체에 저장될 수 있다. 컴퓨터-실행 가능 구성 요소는 일반 또는 애플리케이션 특정 프로세서일 수 있지만, 임의의 적합한 전용 하드웨어 또는 하드웨어/펌웨어 조합 장치가 대안적으로 또는 추가적으로 지침을 실행할 수 있다.

[0226] 당업자는 앞선 상세한 설명 및 도면 및 청구범위로부터 인식하는 바와 같이, 청구범위에 정의된 범위를 벗어나지 않고 상기 방법(100), 시스템(200) 및/또는 변형의 구현에 대한 수정 및 변경이 이루어질 수 있다.

표 1

표 1.

표적	분류학적 지위	관련성	건강 컨디션
<i>Aerococcus</i>	속	상관	박테리아성 질증 (Bacterial Vaginosis)
<i>Aerococcus christensenii</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Atopobium</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Atopobium vaginae</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Chlamydia trachomatis</i>	종	상관	성적 접촉 감염
	종	상관	자궁경부염
	종	상관	골반 염증 질환
	종	상관	특발성 불임
<i>Dialister microaerophilus</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Fusobacterium</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	종	역상관	인유두종 바이러스 감염

[0227]

			감염
<i>Gardnerella</i>	속	상관	박테리아성 질증
	속	상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Gardnerella vaginalis</i>	종	상관	박테리아성 질증
	종	상관	호기성 질염
	종	상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Gemella</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Lactobacillus</i>	속	역상관	자궁경부염
	속	역상관	박테리아성 질증
<i>Lactobacillus iners</i>	종	역상관	박테리아성 질증
	종	역상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Lactobacillus jensenii</i>	종	역상관	박테리아성 질증
<i>Megasphaera</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus curtisii</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus mulieris</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Mycoplasma genitalium</i>	종	상관	성적 접촉 감염
	종	상관	자궁경부염
	종	상관	불임
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	종	상관	성적 접촉 감염
	종	상관	골반 염증 질환
	종	상관	불임
<i>Papillibacter</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Parvimonas</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Peptoniphilus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Peptostreptococcus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Porphyromonas</i>	속	상관	박테리아성 질증

[0228]

<i>Prevotella</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Prevotella amnii</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Prevotella timonensis</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Sneathia</i>	속	상관	박테리아성 질증
	속	상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Staphylococcus aureus</i>	종	상관	호기성 질염
<i>Streptococcus agalactiae</i>	종	상관	호기성 질염
<i>Treponema pallidum</i>	종	상관	성적 접촉 감염
HPV (any described types)	-	상관	인유두종 바이러스 감염
lrHPV (types 6, 11, 42, 43, and 44)	-	상관	생식기 혹(Genital warts)
hrHPV (types 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, and 68)	-	상관	자궁경부암
	-	상관	SIL(고 및 저)
	-	상관	자궁경부염

[0229]

표 2

표 2.

컨디션	부위	유기체	관련성
클라미디아	내장	Bacteroides sp. AR20	상관
클라미디아	내장	Bacteroides sp. AR29	역상관
클라미디아	내장	Bacteroides sp. D22	상관
클라미디아	내장	Alistipes sp. EBA6-25cl2	상관
자궁내막증	내장	Actinobacteria	역상관
자궁내막증	내장	Alistipes sp. EBA6-25cl2	상관
자궁내막증	내장	Bacteroidales	상관
자궁내막증	내장	Bacteroides	상관
자궁내막증	내장	Bacteroides sp. AR20	상관
자궁내막증	내장	Bacteroides sp. AR29	상관
자궁내막증	내장	Bacteroides sp. D22	상관

[0230]

			감염
<i>Gardnerella</i>	속	상관	박테리아성 질증
	속	상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Gardnerella vaginalis</i>	종	상관	박테리아성 질증
	종	상관	호기성 질염
	종	상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Gemella</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Lactobacillus</i>	속	역상관	자궁경부염
	속	역상관	박테리아성 질증
<i>Lactobacillus iners</i>	종	역상관	박테리아성 질증
	종	역상관	인유두종 바이러스 감염
<i>Lactobacillus jensenii</i>	종	역상관	박테리아성 질증
<i>Megasphaera</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus curtisii</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Mobiluncus mulieris</i>	종	상관	박테리아성 질증
<i>Mycoplasma genitalium</i>	종	상관	성적 접촉 감염
	종	상관	자궁경부염
	종	상관	불임
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	종	상관	성적 접촉 감염
	종	상관	골반 염증 질환
	종	상관	불임
<i>Papillibacter</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Parvimonas</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Peptoniphilus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Peptostreptococcus</i>	속	상관	박테리아성 질증
<i>Porphyromonas</i>	속	상관	박테리아성 질증

[0231]

자궁내막증	내장	Odoribacter	상관
자궁내막증	내장	Oscillospiraceae	상관
자궁내막증	내장	Roseburia	역상관
자궁내막증	내장	Roseburia sp. 11SE39	역상관
자궁내막증	내장	Ruminococcaceae	역상관
자궁내막증	내장	Sarcina	역상관
자궁내막증	내장	Subdoligranulum variabile	역상관
자궁내막증	내장	Sutterellaceae	상관
자궁내막증	내장	Terrisporobacter	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bifidobacterium	역상관
생식기 헤르페스	내장	Actinobacteria	역상관
생식기 헤르페스	내장	Alistipes sp. EBA6-25cl2	역상관
생식기 헤르페스	내장	Alistipes sp. HGB5	상관
생식기 헤르페스	내장	Anaerostipes sp. 5_1_63FAA	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bacteroides acidifaciens	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bacteroides sp. AR20	상관
생식기 헤르페스	내장	Bacteroides sp. AR29	상관
생식기 헤르페스	내장	Bacteroides sp. D22	상관
생식기 헤르페스	내장	Bacteroides thetaiotaomicron	상관
생식기 헤르페스	내장	Bifidobacteriaceae	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bifidobacteriales	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bifidobacterium	역상관

[0232]

생식기 헤르페스	내장	<i>Blautia luti</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	역상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Flavonifractor plautii</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Fusicatenibacter</i>	역상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Fusicatenibacter saccharivorans</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Hespellia</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Lachnospira pectinoschiza</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Moryella</i>	상관
생식기 헤르페스	내장	Oscillospiraceae	상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Roseburia</i> sp. 11SE39	역상관
생식기 헤르페스	내장	<i>Subdoligranulum variabile</i>	역상관
생식기 헤르페스	내장	Bifidobacteriaceae	역상관
생식기 흑(Genital warts)	내장	Bifidobacteriales	역상관
생식기 흑	내장	<i>Bifidobacterium</i>	역상관
생식기 흑	내장	Clostridia	역상관
생식기 흑	내장	Clostridiales	역상관
생식기 흑	내장	Negativicutes	역상관
생식기 흑	내장	Selenomonadales	역상관
생식기 흑	내장	Veillonellaceae	역상관
임질	내장	<i>Alistipes</i> sp. RMA 9912	상관
임질	내장	<i>Bacteroides caccae</i>	역상관

[0233]

임질	내장	Bacteroides sp. AR29	역상관
임질	내장	Bacteroides sp. D22	역상관
임질	내장	Bacteroides vulgatus	역상관
임질	내장	Bilophila sp. 4_1_30	역상관
임질	내장	Intestinimonas	상관
임질	내장	Prevotellaceae	상관
생리통(Painful Periods)	내장	Actinobacteria	역상관
생리통	생식기	Actinobacteria	역상관
생리통	내장	Alistipes putredinis	상관
생리통	내장	Alistipes sp. EBA6-25cl2	상관
생리통	내장	Alistipes sp. NML05A004	상관
생리통	내장	Alphaproteobacteria	상관
생리통	내장	Anaerostipes sp. 5_1_63FAA	상관
생리통	입	Bacilli	상관
생리통	생식기	Bacilli	상관
생리통	내장	Bacteroidaceae	상관
생리통	내장	Bacteroidales	상관
생리통	내장	Bacteroides	상관
생리통	내장	Bacteroides caccae	상관
생리통	내장	Bacteroides sp. AR20	상관
생리통	내장	Bacteroides sp. AR29	상관
생리통	내장	Bacteroides sp. D22	상관
생리통	내장	Bacteroides sp. SLC1-38	상관
생리통	내장	Bacteroides thetaiotaomicron	상관
생리통	내장	Bacteroidetes	상관
생리통	내장	Bacteroidia	상관

[0234]

생리통(Painful Periods)	내장	Barnesiella intestinihominis	상관
생리통	내장	Blautia luti	상관
생리통	내장	Blautia sp. Ser8	역상관
생리통	내장	Blautia sp. YHC-4	상관
생리통	내장	Blautia stercoris	역상관
생리통	내장	Blautia wexlerae	역상관
생리통	내장	Butyricimonas	역상관
생리통	내장	Clostridia	역상관
생리통	내장	Clostridiaceae	역상관
생리통	내장	Clostridiales	역상관
생리통	내장	Clostridium	역상관
생리통	내장	Collinsella	역상관
생리통	내장	Collinsella aerofaciens	역상관
생리통	내장	Collinsella aerofaciens	역상관
생리통	내장	Coriobacteriaceae	역상관
생리통	내장	Coriobacteriales	역상관
생리통	내장	Coriobacteria	역상관
생리통	내장	Dielma	역상관
생리통	내장	Dielma	역상관
생리통	내장	Dorea formicigenerans	역상관
생리통	내장	Dorea longicatena	역상관

[0235]

생리통(Painful Periods)	내장	Eggerthella	상관
생리통	내장	Eggerthella sp. HGA1	상관
생리통	내장	Eisenbergiella	상관
생리통	내장	Eisenbergiella tayi	상관
생리통	내장	Faecalibacterium	역상관
생리통	내장	Faecalibacterium prausnitzii	역상관
생리통	입	Firmicutes	상관
생리통	내장	Flavobacteriaceae	상관
생리통	내장	Flavobacteriales	상관
생리통	내장	Flavobacteriia	상관
생리통	내장	Flavonifractor plautii	상관
생리통	내장	Fusicatenibacter	역상관
생리통	내장	Fusicatenibacter saccharivorans	역상관
생리통	내장	Hespellia	상관
생리통	내장	Lachnospira pectinoschiza	상관
생리통	내장	Lactobacillaceae	상관
생리통	생식기	Lactobacillaceae	상관
생리통	생식기	Lactobacillales	상관
생리통	내장	Lactobacillus	상관
생리통	생식기	Lactobacillus	상관
생리통	내장	Marvinbryantia	역상관
생리통	내장	Megasphaera	역상관
생리통	내장	Moryella	상관
생리통	내장	Odoribacter	역상관
생리통	내장	Odoribacter splanchnicus	역상관

[0236]

생리통(Painful Periods)	내장	Oscillospiraceae	상관
생리통	내장	Parabacteroides	상관
생리통	입	Porphyromonadaceae	역상관
생리통	내장	Rhodospirillales	상관
생리통	내장	Roseburia inulinivorans	역상관
생리통	내장	Roseburia sp. 11SE39	역상관
생리통	내장	Ruminococcaceae	역상관
생리통	내장	Sarcina	역상관
생리통	내장	Selenomonadales	역상관
생리통	내장	Subdoligranulum	역상관
생리통	내장	Subdoligranulum variabile	역상관
생리통	내장	Terrisporobacter	역상관
생리통	내장	Terrisporobacter	상관
다낭 난소 증후군	내장	Bacteroidaceae	상관
다낭 난소 증후군	내장	Bacteroides	상관
다낭 난소 증후군	내장	Barnesiella intestinihominis	상관
다낭 난소 증후군	내장	Clostridiaceae	역상관
다낭 난소 증후군	내장	Coriobacteriaceae	역상관
다낭 난소 증후군	내장	Coriobacteriales	역상관
다낭 난소 증후군	내장	Coriobacteria	역상관

[0237]

다당 난소 증후군	내장	Eggerthella	상관
다당 난소 증후군	내장	Eggerthella sp. HGA1	상관
다당 난소 증후군	내장	Eisenbergiella	상관
다당 난소 증후군	내장	Flavonifractor plautii	상관
다당 난소 증후군	내장	Lachnospira pectinoschiza	상관
다당 난소 증후군	내장	Lactobacillaceae	상관
다당 난소 증후군	내장	Lactobacillus	상관
다당 난소 증후군	내장	Moryella	상관
다당 난소 증후군	내장	Roseburia sp. 11SE39	상관
다당 난소 증후군	내장	Sarcina	역상관
다당 난소 증후군	내장	Terrisporobacter	역상관
요로 감염	피부	Bacteroidales	역상관
요로 감염	피부	Bacteroidia	역상관
진균 감염(Yeast Infection)	내장	Acidaminococcaceae	역상관
진균 감염	내장	Actinobacteria	역상관
진균 감염	생식기	Actinobacteria	역상관
진균 감염	내장	Actinobacteria	역상관
진균 감염	생식기	Actinomycetales	역상관

[0238]

진균 감염(Yeast Infection)	내장	Alistipes sp. EBA6-25cl2	상관
진균 감염	균	Anaerococcus	역상관
진균 감염	내장	Anaerostipes sp. 5_1_63FAA	역상관
진균 감염	입	Bacilli	상관
진균 감염	생식기	Bacilli	상관
진균 감염	내장	Bacteroidaceae	상관
진균 감염	내장	Bacteroidales	상관
진균 감염	내장	Bacteroides	상관
진균 감염	내장	Bacteroides sp. AR20	상관
진균 감염	내장	Bacteroides sp. AR29	상관
진균 감염	내장	Bacteroides sp. D22	상관
진균 감염	내장	Bacteroides sp. EBA5-17	상관
진균 감염	내장	Bacteroides sp. SLC1-38	상관
진균 감염	내장	Bacteroides thetaiotaomicron	상관
진균 감염	내장	Bacteroidetes	상관
진균 감염	내장	Bacteroidia	상관
진균 감염	내장	Barnesiella	상관
진균 감염	내장	Barnesiella intestinihominis	상관
진균 감염	내장	Betaproteobacteria	역상관
진균 감염	내장	Bifidobacteriaceae	역상관
진균 감염	내장	Bifidobacteriales	역상관
진균 감염	내장	Bifidobacterium	역상관
진균 감염	내장	Blautia luti	역상관
진균 감염	내장	Blautia sp. YHC-4	상관
진균 감염	내장	Burkholderiales	역상관

[0239]

진균 감염(Yeast Infection)	내장	Butyricimonas	역상관
진균 감염	내장	Butyricimonas	상관
진균 감염	내장	Clostridia	역상관
진균 감염	내장	Clostridiaceae	역상관
진균 감염	내장	Clostridiales	역상관
진균 감염	내장	Collinsella	역상관
진균 감염	내장	Collinsella aerofaciens	역상관
진균 감염	내장	Coriobacteriaceae	역상관
진균 감염	내장	Coriobacteriales	역상관
진균 감염	내장	Coriobacteriia	역상관
진균 감염	내장	Corynebacteriaceae	역상관
진균 감염	생식기	Corynebacteriaceae	역상관
진균 감염	내장	Corynebacteriales	역상관
진균 감염	생식기	Corynebacteriales	역상관
진균 감염	내장	Corynebacterium	역상관
진균 감염	생식기	Corynebacterium	역상관
진균 감염	내장	Dorea	역상관
진균 감염	내장	Dorea formicigenerans	역상관
진균 감염	내장	Dorea longicatena	역상관

[0240]

진균 감염(Yeast Infection)	내장	Eisenbergiella	상관
진균 감염	내장	Eisenbergiella tayi	상관
진균 감염	내장	Enterorhabdus	역상관
진균 감염	내장	Erysipelatoclostridium	역상관
진균 감염	내장	Erysipelotrichaceae	역상관
진균 감염	내장	Erysipelotrichales	역상관
진균 감염	내장	Erysipelotrichia	역상관
진균 감염	내장	Faecalibacterium prausnitzii	역상관
진균 감염	생식기	Firmicutes	상관
진균 감염	내장	Firmicutes	역상관
진균 감염	내장	Flavonifractor plautii	상관
진균 감염	내장	Fusicatenibacter	역상관
진균 감염	내장	Fusicatenibacter saccharivorans	역상관
진균 감염	내장	Hespellia	상관
진균 감염	내장	Lachnospira pectinoschiza	상관
진균 감염	코	Lactobacillaceae	상관
진균 감염	내장	Lactobacillaceae	상관
진균 감염	생식기	Lactobacillaceae	상관
진균 감염	생식기	Lactobacillales	상관
진균 감염	코	Lactobacillus	상관
진균 감염	내장	Lactobacillus	상관
진균 감염	생식기	Lactobacillus	상관
진균 감염	내장	Marvinbryantia	역상관

[0241]

진균 감염(Yeast Infection)	내장	Moryella	상관
진균 감염	내장	Negativicutes	역상관
진균 감염	내장	Odoribacter splanchnicus	역상관
진균 감염	내장	Oscillospira	상관
진균 감염	내장	Oscillospiraceae	상관
진균 감염	내장	Parabacteroides	상관
진균 감염	내장	Phascolarctobacterium	역상관
진균 감염	내장	Prevotellaceae	역상관
진균 감염	내장	Proteobacteria	역상관
진균 감염	내장	Roseburia inulinivorans	역상관
진균 감염	내장	Roseburia sp. 11SE39	역상관
진균 감염	내장	Sarcina	역상관
진균 감염	내장	Selenomonadales	역상관
진균 감염	내장	Subdoligranulum	역상관
진균 감염	내장	Subdoligranulum variabile	상관
진균 감염	내장	Sutterella wadsworthensis	역상관
진균 감염	내장	Sutterella wadsworthensis	상관
진균 감염	내장	Sutterellaceae	역상관
진균 감염	내장	Terrisporobacter	상관
진균 감염	내장	Veillonellaceae	역상관
진균 감염	내장	Verrucomicrobiae	상관
진균 감염	내장	Verrucomicrobiales	상관

[0242]

표 3

표 3.

컨디션	유기체	관련성
인유두종 바이러스 감염	HR-HPV	상관
인유두종 바이러스 감염	Gardnerella	상관
인유두종 바이러스 감염	Gardnerella vaginalis	상관
인유두종 바이러스 감염	Sneathia	상관
인유두종 바이러스 감염	Fusobacterium nucleatum	역상관
인유두종 바이러스 감염	Lactobacillus iners	역상관
자궁경부암	HR-HPV	상관
편평상피내 병태(고등급 및 저등급)	HR-HPV	상관
성적 접촉 감염	Chlamydia trachomatis	상관
성적 접촉 감염	Mycoplasma genitalium	상관
성적 접촉 감염	Neisseria gonorrhoeae	상관
성적 접촉 감염	Treponema pallidum	상관
자궁경부암	HR-HPV	상관
자궁경부암	Chlamydia trachomatis	상관
자궁경부암	Mycoplasma genitalium	상관
자궁경부암	Lactobacillus	역상관
골반 염증 질환	Chlamydia trachomatis	상관
골반 염증 질환	Neisseria gonorrhoeae	상관
박테리아성 질증	Aerococcus	상관
박테리아성 질증	Aerococcus christensenii	상관
박테리아성 질증	Atopobium	상관
박테리아성 질증	Atopobium vaginae	상관
박테리아성 질증	Dialister microaerophilus	상관
박테리아성 질증	Fusobacterium	상관
박테리아성 질증	Gardnerella	상관
박테리아성 질증	Gardnerella vaginalis	상관
박테리아성 질증	Gemella	상관
박테리아성 질증	Megasphaera	상관

[0243]

박테리아성 질염	Mobiluncus	상관
박테리아성 질염	Mobiluncus curtisii	상관
박테리아성 질염	Mobiluncus mulieris	상관
박테리아성 질염	Papillibacter	상관
박테리아성 질염	Parvimonas	상관
박테리아성 질염	Peptoniphilus	상관
박테리아성 질염	Peptostreptococcus	상관
박테리아성 질염	Porphyromonas	상관
박테리아성 질염	Prevotella	상관
박테리아성 질염	Prevotella amnii	상관
박테리아성 질염	Prevotella timonensis	상관
박테리아성 질염	Sneathia	상관
박테리아성 질염	Lactobacillus	역상관
박테리아성 질염	Lactobacillus iners	역상관
박테리아성 질염	Lactobacillus jensenii	역상관
호기성 질염	Gardnerella vaginalis	상관
호기성 질염	Staphylococcus aureus	상관
호기성 질염	Streptococcus agalactiae	상관
특발성 불임	Chlamydia trachomatis	상관
특발성 불임	Mycoplasma genitalium	상관
특발성 불임	Neisseria gonorrhoeae	상관

[0244]

표 4

표 4.

속	민감도	특이성	정확성	NPV
<i>Aerococcus</i>	99.41	100.00	100.00	99.99
<i>Anaerotruncus</i>	98.16	99.99	99.21	99.99
<i>Atopobium</i>	97.11	100.00	100.00	99.99
<i>Eggerthella</i>	100.00	99.99	99.01	100.00
<i>Enterococcus</i>	98.39	99.99	99.33	99.99
<i>Fusobacterium</i>	97.97	99.99	99.64	99.99
<i>Gardnerella</i>	97.91	100.00	100.00	99.99
<i>Gemella</i>	99.10	99.99	99.88	99.99
<i>Lactobacillus</i>	90.27	100.00	100.00	99.87
<i>Leptotrichia</i>	98.69	100.00	100.00	99.99
<i>Megasphaera</i>	97.96	99.99	99.84	99.99

[0245]

<i>Mobiluncus</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Mycoplasma</i>	98.29	100.00	100.00	99.99
<i>Papillibacter</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Parvimonas</i>	98.35	99.99	99.81	99.99
<i>Peptoniphilus</i>	92.8	100.00	100.00	99.98
<i>Peptostreptococcus</i>	96.86	99.99	99.54	99.99
<i>Porphyromonas</i>	98.88	100.00	100.00	99.99
<i>Prevotella¹</i>	92.38	100.00	100.00	99.91
<i>Sneathia</i>	98.68	100.00	100.00	99.99
<i>Staphylococcus</i>	99.21	99.99	99.99	99.93
<i>Streptococcus</i>	98.89	99.99	99.95	99.96
<i>Ureaplasma</i>	99.41	100.00	100.00	99.99
<i>Veillonella</i>	94.27	100.00	100.00	99.97

[0246]

표 5

표 5.

종	민감도	특이성	PPV	NPV
<i>Aerococcus christensenii</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Atopobium vaginae</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Bulleidia extructa</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Campylobacter ureolyticus</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Chlamydia trachomatis</i>	98.23	100.00	100.00	100.00
<i>Dialister microaerophilus</i>	100.00	100.00	93.75	100.00
<i>Eggerthia cateniformis</i>	90.00	100.00	100.00	100.00
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	97.06	100.00	92.03	100.00
<i>Gardnerella vaginalis</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Lactobacillus brevis</i>	95.69	100.00	99.01	100.00
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	98.95	100.00	98.95	100.00
<i>Lactobacillus fermentum</i>	97.16	100.00	98.56	100.00
<i>Lactobacillus iners</i>	95.00	100.00	100.00	100.00
<i>Lactobacillus jensenii</i>	100.00	100.00	94.74	100.00
<i>Lactobacillus kefiranoformis</i>	100.00	100.00	98.04	100.00
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	93.27	100.00	96.3	100.00
<i>Lactobacillus salivarius</i>	97.53	100.00	96.34	100.00
<i>Megasphaera micronuciformis</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Microbacterium halophilum</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Mobiluncus curtisii</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Mobiluncus mulieris</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Mycoplasma genitalium</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Mycoplasma hominis</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	100.00	100.00	97.92	100.00
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	94.34	100.00	100.00	100.00
<i>Prevotella amnii</i>	100.00	100.00	100.00	100.00

[0247]

<i>Prevotella bivia</i>	100.00	100.00	97.87	100.00
<i>Prevotella disiens</i>	100.00	100.00	95.00	100.00
<i>Prevotella timonensis</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Staphylococcus aureus</i>	99.80	99.94	93.60	100.00
<i>Streptococcus agalactiae</i>	99.74	100.00	98.95	100.00
<i>Thermosiphon atlanticus</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Thermovirga lienii</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Trueperella bernardiae</i>	100.00	100.00	100.00	100.00
<i>Veillonella montpellierensis</i>	100.00	100.00	100.00	100.00

[0248]

표 6

표 6.

타입	# 클러스터	TP	FN	FP	TN	민감도	특이성	정확성	NPV	상태 (Status)
HPV 타입 16	3	19795	0	0	15929	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 18	1	800	0	0	34924	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 26	1	18	0	0	35706	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 31	1	136	0	0	35588	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 33	3	641	0	0	35083	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 35	1	108	0	0	35616	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 39	1	140	0	0	35584	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 45	1	244	0	0	35480	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 51	1	65	0	0	35659	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 52	2	744	0	0	34980	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 53	1	84	0	0	35640	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 56	1	29	0	0	35695	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 58	1	7412	0	0	28312	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 59	1	78	0	0	35646	100	100	100	100	PASS

[0249]

HPV 타입 66	1	165	0	0	35559	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 68	2	242	0	0	35482	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 70	1	165	0	0	35559	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 73	1	12	0	0	35712	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 82	2	44	0	0	35680	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 6	2	2695	0	0	33029	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 11	2	908	0	0	34816	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 40	1	102	0	0	35622	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 42	1	210	0	0	35514	100	100	100	100	PASS
HPV 타입 54	2	11	0	0	35713	100	100	100	100	PASS

[0250]

표 7

표 7.

미생물	서열
<i>Aerococcus</i>	TATAAGAGAAGAACAATTTAGAGTAAGTACTGCTACAGTCTTGACGGTATCTTATCAGAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGGGAGCGCAGGTGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTTAACCGTGGAGG GTCATTTGAAACTGGGAACTTGAGTACAGAAGAGGAAATGTGAACTCCATGTGTAGCGGTGGA ATGCGTAGATATATGGAAGAACACCAGTGGCGAAGGCGACATTTCTGGTCTGTACTGACACTGA GGCTCGAAAGCGTGGGAGCAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAAACGATGAG TGCTAGGTGTTGGAGGGTTTCCGCCCTTCAGTGCCGCGTAAACGCATTAAGCACTCC
<i>Aerococcus christensenii</i>	TGTAAGAGAAGAACAATTTAGAGTAAGTACTGCTACAGTCTTGACGGTATCTTACCAGAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGGGGGCGCAGGCTGCTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTTAACCGTGGAAAG TGCAATTTGAAACTGGGAACTTGAGTACAGAAGAGGAAATGTGAACTCCATGTGTAGCGGTGGA ATGCGTAGATATATGGAAGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTACTGACGCTGA GGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAAACGATGAG CGCTAGGTGTTGGAGGGTTTCCACCTTCAGTGCCGCGCTAACGCATTAAGCGCTCC
<i>Atopobium</i>	TTCCGGTTGTAAACCGCTTTTCCAGCAGGAGCGAGGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAAGCCC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTTCAITTTGG GCGTAAAGCGCTCGTAGGCGGTCTGTTAGGTCCGGAGTTAAATCCGGGGGCTCAACCCCGCTC GCTCCCGATACCGGCAGACTTGAGTTGGTAGGGGAAGGTGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGGA TGCGCAGATATTAGGAAGAACCACAGTGGCGAAGGCGGCTTCTGGCCATAACTGACGCTGAG

[0251]

	GAGCGAAAAGCTAGGGGAGCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCTAGCCGTAAACGATGGAC ACTAGGTGTGGGGGAATATTTCTTCCGTGCCGACGCTAACGCATTAAGTGTCCCGCC
<i>Atopobium vaginae</i>	CGGGTTGTAAACCGCTTTTCAGCAGGGACCAGGCCGCAAGGTGACGGTACCTGCACAAGAAGCCC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTATCCGGATTCATTTGG GCGTAAAGCGCGCTAGGCCGCTCTGTTAGGTCAGGAGTTAAATCTGGGGGCTCAACCCCTATCC GTCCTGTATACCGGCAGGCTTGAGTCTGGTAGGGGAAGATGGAATCCAAGTGTAGCGGTGAAA TGCGCAGATATTTGGAAGAACACCCGTTGGCGAAGGCGGCTTTCTGGGCCATGACTGACGCTGAG GCGCGAAAAGCTAGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCTACCTGTAAACGATGGAC ACTAGGTGTGGGGAGATTATACITTTCCGTGCCGACGCTAACGCATTAAGTGTCCCGC
<i>Chlamydia trachomatis</i>	CGCTTGGGAATAAGAGAAGGCGGTTAATACCCGCTGGATTGAGCGTACCAGGTAAAGAAGCAC CGGCTAACTCCGTGCGCAGCAGCTGCGGTAATACGGAGGGTGTCTAGCGTTAATCCGGATTTATTGG GCGTAAAGGGCGCTGTAGCGGAAAGGTAAGTTAGTTGTCAAAGATCGGGGCTCAACCCCGAGTC GGCATCTAATACTATTTTTCTAGAGGGTAGATGGAGAAAAGGGAATTTACCGTGTAGCGGTGAA ATGCGTAGATATGTGGAAGAACACCCAGTGGCGAAGGCGCTTTCTAATTTATACCTGACGCTAA GGCGCGAAAAGCAAGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCTTGGCCGTAAACGATGCA TACTGTAGTGTGATGTTCTCAACCCCTCCGTGTGGAGCTAACGCGTTAAGTATGCC
<i>Dialister microaerophil us</i>	GATTCGGGACGAAAGGCCATATGTGAATAATATATGGAAATGACGGTACCAGAAAAGCAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCGGGAATTTATTGG GCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTCACTTAAGTCCATCTTAGAAGTGGCGGGCTTAAACCCCGTGTAT GGGATGGAAACTGGGAGACTGGAGTATCGGAGAGGAAAGTGGAAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAA TGCGTAGATATTTAGGAAGAACACCCGTTGGCGAAGGCGACTTTCTGGACGAAAACGACGCTGAG GCGCGAAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGGAT ACTAGGTGTAGGAGGTATCGACCCCTCTGTGTCGGGAGTTAACGCAATAAGTATCCC
<i>Fusobacteriu m</i>	TTTTCGGAATGTAAAGTGCCTTTCAGTTGGGAAGAAAAGAAATGACGGTACCACAGAAGAAGTGA CGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGTACAGGCGTTATCCGGATTTATTGG GCGTAAAGCGCGCTTAGGTGGTTATGTAACTCTGATGTGAAAATGCAGGGCTCAACTCTGTATT GGGTTGGAAACTGTATAAAGTAGAGTACTGGAGAGGTAAGCGGAACTACAAGTGTAGAGGTGAAA TTCTGTAGATATTTGTAGGAATGCCGATGGGGAAGCCAGCTTACTGGACAGATACTGACGCTAAA GCGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGATT ACTAGGTGTGGGGTCCAACTCAGCGCCCAAGCAAACGCGATAAGTAATCCGCCT
<i>Fusobacteriu m nucleatum</i>	TTTTCGGAATGTAAAGTGCCTTTCAGTTGGGAAGAAAAGAAATGACGGTACCACAGAAGAAGTGA CGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGTACAGGCGTTATCCGGATTTATTGG GCGTAAAGCGCGCTTAGGTGGTTATATAAGTCTGATGTGAAAATGCAGGGCTCAACTCTGTATT GCGTTGGAAACTGTATAAAGTAGAGTACTGGAGAGGTAAGCGGAACTACAAGTGTAGAGGTGAAA TTCTGTAGATATTTGTAGGAATGCCGATGGGGAAGCCAGCTTACTGGACAGATACTGACGCTGAA GCGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGATT ACTAGGTGTGGGGTCCAACTCAGCGCCCAAGCAAACGCGATAAGTAATCCGCCT
<i>Gardnerella</i>	GGGTGTAAACCGCTTTTGATTGGGAGCAAGCCTTTTGGGTGAGTGTACCTTTCGAATAAGCGC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAAATTATTGG GCGTAAAGAGCTTGTAGGCGGTTCTGTCGCGTCTGGTGTGAAAGCCCATCGCTTAAACGGTGGGTT TGCGCCGGGTACGGGCGGCTAGAGTGCAGTAGGGGAGACTGAAATTTCTCGGTGTAAACGGTGGGA ATGTGTAGATATCGGGAAGAACACCAATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCTGTTACTGACGCTGA GAAGCGAAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGGTGGGA CGCTGGATGTGGGGCCCATTTCCACGGGTTCTGTGTCCGAGCTAACGCGTTAAGCGTCC
<i>Gardnerella vaginalis</i>	CGGGTTGTAAACCGCTTTTGATTGGGAGCAAGCCTTTTGGGTGAGTGTACCTTTCGAATAAGCGC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAAATTATTGG GCGTAAAGAGCTTGTAGGCGGTTCTGTCGCGTCTGGTGTGAAAGCCCATCGCTTAAACGGTGGGTT TGCGCCGGGTACGGGCGGCTAGAGTGCAGTAGGGGAGACTGAAATTTCCCGGTGTAAACGGTGGGA ATGTGTAGATATCGGGAAGAACACCAATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCTGTTACTGACGCTGA GAAGCGAAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGGTGGGA CGCTGGATGTGGGGCCCATTTCCACGGGTTCTGTGTCCGAGCTAACGCGTTAAGCGTCC

[0252]

<i>Gemella</i>	TGTTAGGGGAAGAATGATTGTGTAGTAACTATACACAGTAGAGACGGTACCTAACCCAGAAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAAATTTATGG GCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTTAAATAAGTCTGTATGTGAAAGCCACCGCTCAACCGTGGAGG GTCAATTGGAACCTGTTAACTTGAGTGCAGGAGAGAAAAGTGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAA ATGCGTAGAGATTAGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTTTTGGCCGTGTAACCTGACACTGA GGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCACGCGCTAAACCGATGAG TGCTAAGTGTGGTCTCATAAGAGATCAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGC
<i>Lactobacillus</i>	TGGTAGTGAAGAAGATAGAGGTAGTAACTGGCCTTTATTTGACGGTAATTACTTAGAAAAGTCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGCGAGTGCAGGCGGTTCAATAAGTCTGTATGTGAAAGCCTTCGGCTCAACCGGAGAAT TGCATCAGAAACTGTTGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAGTGGAACTCCATGTGTAGCGGTGGA ATGCGTAGATATATGGAAGAACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGCAACTGACCGTGA GGCTCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCATGCCGTAAACCGATGAG TGCTAAGTGTGGGAGGTTTCCGCCTCTCAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCC
<i>Lactobacillus iners</i>	TGTTGGTGAAGAAGGACAGGGTAGTAACTGACCTTTGTTTGACGGTAATCAATTAGAAAAGTCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGCGAGTGCAGGCGGCTCGATAAGTCTGTATGTGAAAGCCTTCGGCTCAACCGGAGAAT TGCATCAGAAACTGTGAGCTTGAGTACAGAAAGAGGAGTGGAACTCCATGTGTAGCGGTGAA ATGCGTAGATATATGGAAGAACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTTACTGACCGTGA GGCTCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCATGCCGTAAACCGATGAG TGCTAAGTGTGGGAGGTTTCCGCCTCTCAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCC
<i>Lactobacillus jensenii</i>	TGTTGGTGAAGAAGGATAGAGGTAGTAACTGGCCTTTATTTGACGGTAATCAACCAGAAAAGTCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGCGAGCGCAGGCGGATTGATAAGTCTGTATGTGAAAGCCTTCGGCTCAACCGAAGAAC TGCATCAGAAACTGTCAATCTTGAGTGCAGAAAGAGGAGTGGAACTCCATGTGTAGCGGTGGA ATGCGTAGATATATGGAAGAACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTTACTGACCGTGA GGCTCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCATGCCGTAAACCGATGAG TGCTAAGTGTGGGAGGTTTCCGCCTCTCAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCC
<i>Megasphaera</i>	AATATGGGACGAAACAGGACATCGGTTAATACCCGGTGTCTTTGACGGTACCGTAAGAGAAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAAATTTATTTGG GCGTAAAGGCGCGCAGGCGGATCGCAAGTCCGCTTTAAAAGTGGGGGCTTAAACCCGTGAG GGACCCGAAACTGTGAAGCTTCGAGTGTCCGAGAGGAAAGCGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAA TGCGTAGATATTAGGAGGAACCCAGTGGCGAAAGCGGCTTTCTGGACGCAACTGACCGTGA GCGCGAAAGCCAGGGGAGCAACCGGATTAGATACCCCGGTAGTCCGTGGCCGTAAACCGATGGAT ACTAGGTGTAGGAGGTATCGACTCCTTCTGTGCCGGAGTTAACGCAATAAGTATCCC
<i>Mobiluncus</i>	ACTCCTTTTTCTCGCGAAAAGGCACAGCTTTGGCTGTGTTGATGGTAGTGGGGGAAGAAGCGC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGGAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGAGCTCGTAGGTGTTTCGTGCGCTCTGTGCGTAAAGCCAGCAGCTTAACTGTTGGTCT TGCGGTGGGTACGGGCGGGCTTGAGTGCAGTATGGGTGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGA ATGCGCAGATATCAGGAGGAACCCGATGGCGAAGGCAGGTCACTGGGCCGTTACTGACACTGA GGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCACGCTGTAACCGTTGGG AACTAGGTGTGGGGATGCTATCCTGTGTTTCTGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGTTCC
<i>Mobiluncus curtisii</i>	ACTCCTTTTTCTCGCGAAAAGGCACAGTTTTGGCTGTGTTGATGGTAGTGGGGGAAGAAGCGC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGGAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGAGCTCGTAGGTGTTTCGTGCGCTCTGTGCGTAAAGCCAGCAGCTTAACTGTTGGTCT TGCGGTGGGTACGGGCGGGCTTGAGTGCAGTATGGGTGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGA ATGCGCAGATATCAGGAGGAACCCGATGGCGAAGGCAGGTCACTGGGCCGTTACTGACACTGA GGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCCACGCTGTAACCGTTGGG AACTAGGTGTGGGGATGCTATCCTGTGTTCTGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGTTCC
<i>Mobiluncus mulieris</i>	ACTCCTTTTTCTCGTGAAGAAGGCATGCTTTTGGTGTGTTGATGGTAGCGGGGAAGAAGCGC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGGAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG

[0253]

	<p>GCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGTTTCGTCCGCTCTGTCTGAAAGCCAGCAGCTTAACTGTGGTC TCGGGTGGGTACGGGCGGGCTTGAGTGCAGGTAGGGGTGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGA ATGCGCAGATATCAGGAGGAAACCCGATGGCGAAGGCAGGTCACTGGGCCGTTACTGACGCTGA GGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGG AACTAGGTGTGGGGATGCTATCCTGTGTTTCTGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGTTCC</p>
<i>Mycoplasma genitalium</i>	<p>ATTTGGGAAGAATGACTCTAGCAGGCAATGGCTGGAGTTTACTGTACCACCTTGAATAAGTGA CGACTAACTATGTGCCAGCAGTCGCGGTAATACATAGGTGCGCAAGCGTTATCCGGATTTATTGG GCGTAAAGCAAGCGCAGGCGGATTGAAAAGTCTGGTGTAAAGGCAGCTGCTTAAACAGTTGTAT GCATTTGGAAACTATCAGTCTAGAGTGTGGTAGGGAGTTTGGAAATTCATGTGGAGCGGTGAAA TCGGTAGATATATGAAGGAACACCAGTGGCGAAGCGAAAACCTTAGGCCATTAAGTACGCTTAG GCTTGAAGTGTGGGGAGCAATAGGATTAGATACCCCTAGTAGTCCACCCGTAACCGATAGAT ACTAGCTGTGCGGAGCGATCCCTTCGGTAGTGAAGTTAACACATTAAGTATCTCGCCT</p>
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	<p>TGTCAGGGAAGAAAAGGCTGTGTCCTAATATCGGCGCGCGATGACGGTACCTGAAGAATAAGCAC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAGCGTTAATCGGAATTAAGTGG GCGTAAAGCGGGCGCAGACGGTTACTTFAAGCAGGATGTGAAATCCCGGGCTCAACCCGGGAAC TCGGTTCTGAACTGGGTGACTCGAGTGTGTCAGAGGGAGGTGGAATTCACGCTGTAGCAGTGAA ATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCTCCTGGGATAACACTGACGTTCA TGTCCGAAAGCGTGGGTAGCAACACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGTC AATTAGCTGTGGGCAACTTGATTGCTTGGTAGCGTAGCTAACCGGTGAAATTGACCG</p>
<i>Papillibacter</i>	<p>AGGCTTTTCGGGTTGTAAACTCCTTTGACGAGGGACGATGATGACGGTACCTCGAAAAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTACTGG GTGTAAAGGGCGCGTAGGCGGGCAGGCAAGTCAAGATGTGAAATCCTCGGGCTCAACCCGGGAAT TGCATTTGAAACTGCAGTCTTGAGTATCGGAGAGGCAAGCGGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAA ATGCGTAGATATTAGGAGGAAACCCAGTGGCGAAGGCAGCCTTGTCTGGACGCAACTGACGCTGA GCGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCATGCCCCATAACCGATGAA TATATGTGTGGGGGACTGACCCCTTCGGTGGCGGAGTAAACACAATAAGTATTTCCACC</p>
<i>Parvimonas</i>	<p>AGGTTTTTCGAATCGTAAAGCTCTGTCTTATGAGAAGATAATGACGGTATCATAGGAGGAAGCCC CGGCTAAATACTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGCGGCGAGCGTTGTCCGGAATTAATGG GCGTAAAGGGTACGTAGGCGGTTTTTTAAGTCAAGGTGTGAAAGCGTGAGGCTTAACCTCATTAA GCATTTGAAACTGGAAGACTTGAGTGAAGGAGAGGAAAGTGAATTCCTAGTGTAGCGGTGAAA TCGGTAGATATTAGGAGGAATACCCGTGGCGAAGGCAGCTTTCTGGACTTTTACTGACGCTCAG TAGCAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACCGCGTAAACCGATGAAT GCTAGGTGTTGGGAGTCAAATCTCGGTGCCGAAGTTAACACATTAAGCATTCCGCCCT</p>
<i>Peptoniphilus</i>	<p>AGGCTTTTCGAGTCGTAAAGTTCTTTTATATGGGAAGATAATGACGGTACCATAAGAAAAAGCCC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCTAGCGTTGTCCGGAATCACTGG GCGTAAAGGGTTCGCGAGGCGGAAATGCAAGTCAAGTGTAAAGGCAGTAGCTTAACTACTGTAA GCATTTGAAACTGCATATCTTGAGAAGAGTAGAGGTAAGTGAATTTTTAGTGTAGCGGTGAAA TCGGTAGATATTTAAAAGAATACCCGTGGCGAAGGCAGCTTACTGGGCTCAITTCGACGCTGAG GAACGAAAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACCGATGAGT GCTAGGTATCGGAATAATTCGGTGGCGCAGTTAACACATTAAGCATTCCGCCCTGGGG</p>
<i>Peptostreptococcus</i>	<p>AGGCTTTTCGGATCGTAAAGTTCTGTGTCAGGGGAAGATAATGACGGTACCCTGTGAGGAAGCCC CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCTAGCGTTATCCGGATTTACTGG GCGTAAAGGGTTCGCGAGGCGGAAATGCAAGTCAAGTGTAAAGGCAGTAGCTTAACTACTGTAA GCCCAGAACTGGAGGACTTGAGTGCAGGAGAGGAAAGTGAATTCAGTGTAGCGGTGAAA TCGGTAGATATTTGGGAGGAACACCAGTAGCGAAGGCAGCTTTCTGGACTGCAACTGACACTGAG GCACGAAAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACCGATGAGT ACTAGGTGTGCGGGGTTACCCCTCGGTGCCGAGCTAACGCATTAAGTACTCCGC</p>
<i>Porphyromonas</i>	<p>TTCTTTTGTAGGGGAATAACGGACGGCACGCTGTGCCGTAGTGAATGTACCCACGAATAAGCAT CGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGATGCGAGCGTTATCCGGATTTATTGG GTTTAAAGGGTTCGTAGGCGGCTGTTAAGTCAAGCGGTGAAATCTAGGAGCTTAACTCCTAAAT TGCCATTGATACTGGCGGCTTGAGTGTAGATGAGGTAGGCGGAATGCGTGGTGTAGCGGTGGA</p>

[0254]

	ATGCATAGATATCACGCAGAACTCCAATTGCGAAGGCAGCTTACTAAGGTACAACCTGACGCTGA AGCACGAAAGCGTGGGTATCAAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGAT AACTGGGCGTATGGGATATACAGTATGCTCCCTAAGCGAAAGCGTTAAGTTATCCACCT
<i>Prevotella</i>	TGCTTTTATAAGGGAATAAAGTGAGTCTCGTGAGACTTTTTCATGTACCTTATGAATAAGGAC CGGCTAATTCGCTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTTATTTGG GTTTAAAGGGAGCGTAGGCCGAGATTAAGCGTGTGTGAAAATGTAGAAAGCTCAACGCTGCAC TGCGAGCGCAACTGGTTTCCTTGAGTACGTACAAAGTGGGCGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAA ATGCTTAGATATCACGAAGAATCCGATTGCGAAGGCAGCTCACTGGAGCGCAACTGACGCTGA AGCTCGAAAGTGCAGGATCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGA TGCCCGCTGTGGTCTGAATAGGTCAGCGCCAAGCGAAAGCATTAAAGCATCCACCT
<i>Prevotella amni</i>	TGCTTTTATAAGGGAATAAAGTGAGGACGCTGCTCCCTTATTCATGTACCATATGAATAAGGAC CGGCTAATTCGCTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCAGGCGTTATCCGGATTTATTTGG GTTTAAAGGGAGCGTAGGCTGTTTGTAAAGCGTGTGTGAAAATGTAGGAGCTCAACTTTTAGAT TGCAGCCGCAACTGGCAGACTTGAGTGCACAAAGTGGGCGGAATTCATGGTGTAGCGGTGAA ATGCTTAGATATCATGACGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCTTACGGGAGCGCAACTGACGCTAA AGCTCGAAGTGCAGGATCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACAGTAAACGATGGA TGCCCGCTGTTAGCACCTAGTGTAGCGGCTAAGCGAAAGCATTAAAGCATCCACCTG
<i>Prevotella timonensis</i>	TGCTTTTATGTTGGGATAAAGTGCGTGACGTGTCTATGCAATTCAGGTTACCACATGAATAAGGAC CGGCTAATTCGCTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTTATTTGG GTTTAAAGGGAGCGTAGGCTGCTCTATTAAGCGTGTGTGAAAATTCACGGCTCAACCGGTGCT TGCGAGCGCAACTGGTGCAGTGTAGTATGCGAAGTGGGCGGAATTCATGGTGTAGCGGTGAA ATGCTTAGATATCATGACGAACTCCGATTGCGCAGGCAGCTTACTGTAGCATAACTGACGCTGA TGCTCGAAAGTGCAGGATCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCGCACGGTAAACGATGGA TGCTCGCTAATTCGCTCCCTTTTGGATGAGTGGCAAGTGAAACATTAAAGCATCCACCT
<i>Sneathia</i>	GTTTTAGGACTGTAAAACACTTTTTAGTAGGGAAGAAAAATGACCGTACCTACAGAAGAAGCGA CGGCTAAATACGCTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAATGTCGCGAGCGTTATCCGGAATTTATTTGG GCTTAAAGGGCATCTAGGCGGTTAAACAAGTTGAAGGTGAAAACCTGTGGCTCAACCATAGGCT TGCTTACAAACTGTATAACTAGAGTACTGGAAGGTTGGGTGGAACCTACACGAGTAGAGGTGAA ATTGCTAGATATGTTAGGAAATGCCGATGATGAAGATAACTCACTGGACAGCAACTGACGCTGA ATGCGGAAAGCTAGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAGCTGTAAACGATGAT CACTGGGTGTGGGATTGCAAGTCTCTGTGCGGAAGCAAAGCGATAAGTGATCCGCC
<i>Staphylococ- cus aureus</i>	TATTAGGGAAGAAACATATGTGTAAGTAACTGTGCACATCTTGACGGTACCTAATCAGAAAGCCA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTTATTTGG GCGTAAAGCGCGCTAGGCGGTTTTTAAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGG GTCACTTGAAACTGGAAAACCTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGGAAATCCATGTGTAGCGGTGAA ATGCGCAGAGATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTCTGCTGTGTAAGTACGCTGA TGTGCGAAGCGTGGGGATCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGAG TGCTAAGTGTTAGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGTGCTGACGCTAACGCATTAAGCACTCC
<i>Streptococcus agalactiae</i>	GTTAGAGAAGAAGCTTGGTAGGAGTGGAAAATCTACCAAGTGACGGTAACTAACAGAAAGGGA CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTCCGAGCGTTGTCCGGATTTATTTGG GCGTAAAGCGAGCGCAGGCGGTTCTTTAAGTCTGAAGTTAAAGGCAGTGGCTTAACCATTTGTAC GCTTTGGAAACTGGAGGACTTGAGTGCAGAAGGGGAGAGTGGAAATCCATGTGTAGCGGTGAAA TGCGTAGATATATGGAGGAACACCGGTGGCGAAAGCGGCTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAG GCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGAGT GCTAGGTGTTAGGCCCTTTCCGGGGCTTAGTGTGCGCAGCTAACGCATTAAGCACTCC
<i>Treponema pallidum</i>	GCCGACGAAGAATGAGGACGGGAGGGAATGCCCGTTTGTATGACGGTAGTCTGTGCGAATAAGCCC CGGCTAATACGTGCCAGCAGCCGCGTAACCGTAAGGGGCGAGCGTTGTTCCGGAATTTATTTGG GCGTAAAGGGCATGCAGGCGACTGGTAAGCCTGTTGTTGAAAATCCCGAGCTCAACTTGGGAAC TGCACTGGGTACTGCTGTCTAGAATCACGGAGGGGAAACCGGAATCCAAGTGTAGGGGTGGA ATCTGTAGATATTTGGAAGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTTTTCTGGCCGATGATTGACGCTGA GGTGCAGAGGTGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACAGTAAACGATGTA

[0255]

	CACTAGGTGTTGGGCGATGAGTCTCGGCGCCGACGCGAAGCGCATTAAAGTGTACCGCT
--	---

[0256]

표 8

표 8.

HPV 타입	위험 타입	서열
HPV6	저-위험	TATGTTAACACCCCGAGCGGCTCTTTGGTGTCCCTCTGAGGCACAATTGTTTAAATAAGCCA TA TTGGCTACAAAAAGCCCAGGGACATAACAATGGTATTTGTTGGGGTAATCAACTGTTTGT TA CTGTGGTAGATACCACACGCAGTACCAACATGACATATATGTGCATCCGTAACATACATCTT CC ACATACACCAATCTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGTGGAAGAGTATGATTTACAA TT TATTTTCAATTATGTAGCATTACATTGTCTGCTGAAGTAATGGCCTATATTCACACAAT GA ATCCCTCTGTTTGGGAAGACTGGAACCTTTGGGTTATCGCCTCCCCCAAATGGTACATTAG AA GATACCTATAGGTATGTGCAGTCA CAGGCCATTACCTGTCAAAGCCCCTCTGAAAAG GA AAAGCCAGATCCCTATAAGAACCTTAGTTTTTGGGAGGTTAATTTAAAAGAAAAGTTTTTC TA GTGAATTGGATCAGTATCCCTTTGGGACGCAAGTTTTTGTTCAAAAGTGGATATAGGGGAC GG TCCTCTATTCGTACAGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCAA
HPV11	저-위험	CATCTACATACACCTAGTGGCTCATTTGGTGTCTTCAGAGGCTCAAGCATCTAGTCAACCA GA TTGGCTTCAAAGGCTCAGGGACATAACAATGGTATTTGCTGGGGAAACCCTTGTTTGT TA CTGTGGTAGATACCACACGCAGTACAAATATGACACTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTG CT ACATACACTAATTCAGATTATAAGGAATACATGCGCCATGTGGAGGAGTTTGATTTACAG TT TATTTTCAATTGTGTAGCATTACATTATCTGCAGAAGTCATGGCCTATATACACACAAT GA ATCCTTCTGTTTGGAGGACTGGAACCTTTGGTTTATCGCCTCCACCAAATGGTACACTGG AG GATACTTATAGATATGTACAGTCA CAGGCCATTACCTGTGAGAAACCCACACCTGAAAA GA AAAACAGGATCCCTATAAGGATATGAGTTTTTGGGAGGTTAACTTAAAAGAAAAGTTTTTC AA GTGAATTAGATCAGTTTCCCTTTGGACGTAAGTTTTTATTTGCAAAGTGGATATCGAGGAC GG ACGTCTGCTCGTACAGGTATAAAGCGCCAGCTCTCTGTAA
HPV16	고-위험	TATTTTCTACACCTAGTGGTTCTATGGTTACCTCTGATGCCCAAATATTCATAAACCT TA TTGGTTACAACGAGCACAGGGCCACAATAATGGCATTGTTGGGGTAACCAACTATTTGT TA CTGTTGTTGATACTACACGCAGTACAAATATGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAG AA ACTACATATAAAAATACTAACTTTAAGGAGTACCTACGACATGGGGAGGAATATGATTTA CA GTTTATTTTCAACTGTGCAAAATAACCTTAACTGCAGACGTTATGACATACATACATTC TA TGAATCCACTATTTGGAGGACTGGAATTTTGGTCTACAACCTCCCCAGGAGGCACAC TA GAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCA CC TAAAGAAGATGATCCCTTAAAAAATACACTTTTGGGAAGTAAATTTAAAGGAAAAGTT TT CTGCAGACCTAGATCAGTTTCCTTTAGGACGCAAAATTTTACTACAAGCAGGATTGAAGG

[0257]

<p>HPV18</p>	<p>고-위험</p>	<p>CC AAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCAC TATTCTCCCTCTCCAAGTGGCTCTATTTGTTACCTCTGACTCCCAGTTGTTAATAAACCA TA TTGGTTACATAAAGGCACAGGGTCATAACAATGGTGTTTGCTGGCATAATCAATTATTTGT TA CTGTGGTAGATACCACTCCCAGTACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTG TA CCTGGGCAATATGATGCTACCAAATTTAAGCAGTATAGCAGACATGTTGAGGAATATGAT TT GCAGTTTATTTTTCAGTTGTGTACTATTACTTTAACTGCAGATGTTATGTCTATATTCA TA GTATGAATAGCAGTATTTTAGAGGATTGGAACCTTTGGTGTTCACCCCCCAACTACTA GT TTGGTGGATACATATCGTTTGTACAATCTGTTGCTATTACCTGFCAAAAGGATGCTGCA CC GGCTGAAAATAAGGATCCCTATGATAAGTTAAAGTTTGGAAATGTGGATTTAAAGGAAAA GT TTTCTTTAGACTTAGATCAATATCCCTTGGACGTAATTTTGGTTTCAGGCTGGATTGC GT CGCAAGCCCACCATAGGCCCTCGCAAACGTTCTGTCCATCTGCCAC</p>
<p>HPV26</p>	<p>고-위험</p>	<p>TATTTCTGCTACACCTAGTGGCTCTATGGTTACTTCGGATGCACAACATTTAATAAGCCA TA CTGGTTACAACGTGCACAGGGTCATAATAATGGTATCTGTTGGGGCAATCAATTGTTTGT TA CCTGTGTTGATACCAACCCGAGTACTAACCTTACCATTAGTACATTATCTGCAGCATCTG CA TCCACTCCATTTAAACCATCTGATTATAACAATTTATAAGACATGGCGAAGAATATGAA TT ACAATTTATATTTTCAGTTGTGTAATAAACAACCTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACA TT TAATGAATGCCTCCATATTGGAGGATTGGAATTTGGACTAACCTTACCTCCCCTGCTA GT TTGGAAGATGCCTATAGGTTTATTAATAAATCTGCTACTACCTGTGAGCGTAAACGCCCT CC TGTGCCAAAGGAAGATCCTTTTCAAAAATTTAAATTTGGGATGTAGATTTAAAGAAAA AT TTTCTATGATTTGGATCAATTTCCACTAGGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATA CA CGGCGCCGAAACTAGGCACCAACGTCCTTATCTTCTACCTCTTC</p>
<p>HPV31</p>	<p>고-위험</p>	<p>TACTTTCTACACCTAGCGGCTCCATGGTTACTTCAGATGCACAATTTTAAATAAACCA TA TTGGATGCAACGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGTTATTTGT TA CTGTGGTAGATACCAACACGTAGTACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGCAAACAGT AT ACTACATTTAAAAGTAGTAATTTTAAAGAGTATTTAAGACATGGTGAGGAATTTGATTTA CA ATTTATATTTTCAGTTATGCAAATAACATTTATCTGCAGACATAATGACATATATTTCAG TA TGAATCCTGCTATTTTGAAGATTGGAATTTGGATTGACCACCTCCCTCAGGTTCTT TG GAGGATACCTATAGGTTTGTCACTCACAGGCCATTACATGTCAAAAACTGCCCCCAA AA GCCCAAGGAAGATCCATTTAAAGATTATGTATTTGGGAGGTTAATTTAAAGAAAAAGTT TT CTGCAGATTTAGATCAGTTTCCACTGGGTGCAAAATTTTATTTACAGGCAGGATATAGGG CA CGTCCATAAATTTAAAGCAGTAAACGTTAGTGCACCCCTCAGCATC</p>
<p>HPV33</p>	<p>고-위험</p>	<p>TTTTTCCCCTCCTAGTGGATCAATGGTTACTTCCGAATCTCAGTTATTTAATAAGCCA TA TTGGCTACAACGTGCACAAGGTCAATAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGATTTGT TA CTGTGGTAGATACCACTCGCAGTACTAATATGACTTTATGCACACAAGTAACTAGTGACA GT</p>

[0258]

		<p>ACATATAAAAATGAAAATTTTAAAGAATATATAAGACATGTTGAAGAATATGATCTACAG TT TGTTTTTCAACTATGCAAAGTTACCTTAACTGCAGAAGTTATGACATATATTCATGCTAT GA ATCCAGATATTTTAGAAGATTGGCAATTTGGTTTTAACACCTCCTCCATCTGCTAGTTAC AG GATACCTATAGGTTTGTACCTCTCAGGCTATTACGTTGTCAAAAACAGTACCTCCAAG GA AAAGGAAGACCCCTTAGGTAATATACATTTTGGGAAGTGGATTTAAAGGAAAAATTTTC AG CAGATTTAGATCAGTTTCCTTTGGGACGCAAGTTTTTATTACAGGCAGGTCTTAAAGCAA AA CCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCACATCCACCCGCACATC</p>
HPV35	고-위험	<p>TATTTTCCTACTCCTAGTGGCTCTATGGTAACCTCCGATGCACAATATTTAATAAACCA TA TTGGTTGCAACGTGCACAAGGCCATAATAATGGTATTGTTGGAGTAACCAATTGTTTGT TA CTGTAGTTGATACAACCCGTAGTACAAATATGTCTGTGTGTTCTGCTGTGCTTCTAGTG AC AGTACATATAAAAAAGACAATTTTAAGGAATATTTAAGGCATGGTGAAGAATATGATTTA CA GTTTATTTTTCAGTTATGTAAAATAACACTAACAGCAGATGTTATGACATATATTCATAG TA TGAACCCGTCCATTTAGAGGATTGGAATTTGGCCTTACACCACCGCCTTCTGGTACCT TA GAGGACACATATCGCTATGTAACATCACAGGCTGTAACCTTGTCAAAAACCCAGTGCACCA AA ACCTAAAGATGATCCATTTAAAAATTTATACCTTTTGGGAGGTTGATTTAAAGGAAAAGTT TT CTGCAGACTTAGATCAATTTCCGTTGGGCCGTAATTTTGGTTACAAGCAGGACTAAAGG CC AGGCCTAATTTTAGATTAGGCAAGCGTGCAGCTCCAGCATCT</p>
HPV39	고-위험	<p>TACTGCCCTCTCCAGCGGTTCCATGGTAACCTCTGATTCCCAGTTATTTAATAAGCCT TA TTGGCTACATAAGGCCAGGGCCACAACAATGGTATAATGTTGGCATAATCAATTAATTTCT TA CTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTTCCA TACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGTTTAAGGAATATACCAGGCACGTGGAGGATG ATTT ACAATTTATATTTCAACTGTGTACTGTACATTAAACAATGATGTTATGTCTTATATTTCA CA CTATGAATTCCTCTATATTTGGACAATTTGGAATTTTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCA GT TTGGTAGACACTTACAGATACCTACAGTCTGCAGCCATTACATGTCAAAGGATGCTCCA GC ACCTGAAAAGAAAGATCCATATGACCGTCTAAAGTTTGGAAATGTTGACTTAAGGGAAAA GT TTAGTTTGGAACTTGATCAATTTCCCTTTGGGACGTAATTTTGTGTCAGGCCAGGGTCC GC AGGCGCCCTACTATAGGTTCCCGAAAGCGGCTGCTGCATCCACTTC</p>
HPV40	저-위험	<p>TATTACTCCACACCAAGTGGATCCTTGGTTACCTCTGATTCTCAGATATTTAACAAGCCA TT GTGGATACAAAAGGCCAGGGCCATAACAATGGCATATGTTTGGCAATCAGTTATTTGT TA CAGTTGTAGACACCCTCGTAGCACTAATTTAACCTTATGTGCTGCCACACAGTCCCCCA CA CCAACCCATATAAATAACAGTAATTTCAAGGAATATTTGCGTCATGGGGAGGAGTTTGAT TT GCAGTTTATTTTTCAGTTATGTGTAATTACCTTAAATGCAGAGTTATGACATATATTTCA TG CAATGGATCCTACGTTGTTGGAGGATTGGAACTTTAAAATTGCTCCTCCAGCCTCTGCAT CC TTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATTTGCTGTGTCAGCGGATGCGCCC CC CAAGGTACGGGAGGATCCATATAAAAAATATAAATTTGGGATGTCAATTTAACAGAAAG</p>

[0259]

		AT TTTCTTCCCAATTAGATCAATTTCCATTAGGACGTAAGTTCCTTATGCAGGCTGGTGTAC GT GCAGGGCTTAGGTTTAAATCCAGGAAGCGCCCTGCCCTTCCCTCGTC
HPV42	저-위험	TATTATCCTACCCCTAGTGGTTCATGGTAACATCTGATGCACAACATTTAATAAACCA TA ITGGTTACAACAAGCACAAGGACACAATAATGGTATATGTTGGGAAATCAGCTATTTTT AA CTGTGGTTGATACTACCCGTAGTACTAACATGACTTTGTGTGCCACTGCAACATCTGGTG AT ACATATACAGCTGCTAATTTAAGGAATATTTAAGACATGCTGAAGAATATGATGTGCAA TT TATATTTCAATTGTGTAATAACATTAACGTTGAAGTTATGTCATATATACACAATAT GA ATCCTAACATATTAGAGGAGTGAATGTGGTGTGCACCACCACCTTCAGGAACCTTAG AA GATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTTCGTGTGCAGGCTAAGGTAAACAACGCCA GA AAAAAAGGATCCTTATTTCAGACTTTTGGTTTTGGGAGGTAAATTTATCTGAAAAGTTTTT TA CTGATTTAGATCAATTTCCCTTAGGTAGAAAGTTTTTACTGCAGGCCGGGTTGCGTGCAA GG CCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGCGCTACAGCTAA
HPV45	고-위험	TATTCCCTTCTCCAGTGGCTCTATTATTACTTCTGATTCTCAATTATTTAATAAGCCA TA TTGGTTACATAAGGCCAGGCCATAACAATGGTATTTGTTGCCATAATCAGTTGTTTGT TA CTGTAGTGGACACTACCCGCAGTACTAATTTAACATTATGTGCCTCTACACAAAATCCTG TG CCAAGTACATATGACCCCTACTAAGTTAAGCAGTATAGTAGACATGTGGAGGAATATGAT TT ACAGTPTATTTTTTCAGTTGTGCACTATTACTTTAACTGCAGAGGTTATGTCATATATCCA TA GTATGAATAGTAGTATATTAGAAAATTTGGAATTTTGGTGTCCCTCCACCCTACTACAA GT ITGGTGGATACATATCGTTTTGTGCAATCAGTTGCTGTTACCTGTCAAAGGATACTACA CC TCCAGAAAAGCAGGATCCATATGATAAAATTAAGTTTTGGACTGTTGACCTAAAGGAAAA AT TTTCCCTCCGATTTGGATCAATATCCCTTGGTTCGAAAGTTTTTACTGCAGGCTGGGTTAC GT GSTAGGCCTACCATAGGACCTCGTAAGCGTCTCTGCTGCTTCCACGTC
HPV51	고-위험	TACTCTGCTACTCCAGTGGTCTATGATAACATCTGATTCTCAAATTTTAAATAAGCCT TA TTGGCTCCACCGTGCAGGGTCAACAATAATGGCATTGCTGGAACAATCAGCTTTTAT TA CCTGTGTGATACTACCAGAAGTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTT CC CCAACATTTACTCCAAGTAACTTTAAGCAATATATTAGGCATGGGAAGAGTATGAATTG CA ATTTATTTTTCAATATGTAATAATTTACTTTAACTACAGAGGTAATGGCTTATTTACACAC AA TGGATCCTACCATTCTTGAACAGTGAATTTTGGATTAAACATTACCTCCGCTGCTAGTT TG GAGGATGCATATAGGTTTGTAGAAATGCAGCTACTAGCTGTCAAAGGACACCCCTCCA CA GGCTAAGCCAGATCCTTTGGCCAAATATAAAATTTGGGATGTGATTTAAAGGAACGATT TT CTTTAGATTTAGACCAATTTGCATTTGGTTCGCAAGTTTTTGTGTCAGGTTGGCGTACAAC GC AAGCCAGACCAGGCTTAAACGCCCGGCTCATCGGCATCCTCT
HPV52	고-위험	TTTTTTCTACTCCTAGTGGTTCATGGTAACCTCAGAATCCCAATTATTTAATAAACCG TA CTGGTTACAACGTCGCAGGGCCAACAATAATGGCATATGTTGGGCAATCAGTTGTTGT CA

[0260]

		<p>CAGTTGTGGATACCACCTCGTAGCACTAACATGACTTTATGTGCTGAGGTTAAAAAGGAAA GC ACATATAAAAAATGAAAAATTTAAGGAATACCTTCGTCATGGCGAGGAATTTGATTTACAA TT TATTTTTCAATTGTGCAAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTATAAGAT GG ATGCCACTATTTTAGAGGACTGGCAATTTGGCCTTACCCACCACCGTCTGCATCTTTGG AG GACACATACAGATTTGTCACTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAAACACACCACCTAAA GG AAAGGAAGATCCTTTAAAGGACTATATGTTTTGGGAGGTGGATTTAAAAGAAAAGTTTTTC TG CAGATTTAGATCAGTTTCCCTTAGGTAGGAAGTTTTGTTACAGGCAGGGCTACAGGCTA GG CCCAAACTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTC</p>
HPV53	고-위험	<p>TATGTTGCTACACCTAGTGGGTCTATGATAACTTCAGAGGCTCAATTGTTTAAATAAGCCA TA TTGGCTGCAACGTGCCCAGGGACATAATAATGGCATCTGTTGGAACAATCAGTTATTTGT AA CTGTTGTGGATACCACCAGGAATACAAACATGACTCTTTCCGCAACCACACAGTCTATGT CT ACATATAAATCAAAGCAAATTAACAGTATGTTAGACATGCAGAGGAATATGAATTACAA TT TGTGTTTCAACTATGTAAAATATCCCTGTCTGCTGAGGTTATGGCCTATTTACATACTAT GA ATTCTACCTTACTGGAAGACTGGAATATAGGTTTTGTCGCCTCCTGTTGCCACTAGCTTAG AG GACAAATACAGATATGTGAAAAGTGCAGCTATAACCTGTCAAAGGATCAGCCCCCTCCT GA AAAGCAGGACCCACTATCTAAATATAAAATTTGGGAGGTCAATTTGCAAAACAGTTTTTC TG CTGATTTGGATCAGTTTCCCTTGGCAGGAAGTTTTTAAATGCAGGTTGGGGTCCGTA AA CCGCCTGTATCCTCTAAAAAACGCTCTGCTTCTACTACA</p>
HPV54	저-위험	<p>TATGCTGCAACTCCTAGTGGGTCTATGGTAACATCTGAATACCAAATTTAATAAGCCA TA CTGGTTACAACGGGCCCAGGGTCAAACAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTGTTTTT AA CAGTTGTAGATACCACCCGTAGTACTAACCTAACATTGTTGTGCTACAGCATCCACGCAG AT AGCTTTAATAATCTGACTTTAGGGAGTATATTAGACATGTGGAGGAATATGATTTACAG TT TATATTTCAAGTTATGTACCATAACCTTACAGCAGATGTTATGGCCTATATTCATGGAAT GA ATCCCACTATTTCTAGAGGACTGGAACCTTTGGTATAACCCCCCAGCTACAAGTAGTTGG AG GACACATATAGGTTTGTACAGTCAAGGCCATTGCATGTCAAAGAATAATGCCCTGCA AA GGAAAAGGAGGATCCTTACAGTAAATTAATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATT TT CATCTGACCTTGACCAGTTTCCCTTGGGTGCAAGTTTTTACTACAGGCTGGCCTACGTC CA CGTCCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGCGTGCAGCCCTTCCTCCTC</p>
HPV56	고-위험	<p>ATGTTGCTACGCCTAGTGGGTCTATGATTACGTCTGAGGCACAGTTATTTAATAAACCTT AT TGGTTGCAACGTGCCCAAGGCCATAATAATGGCATTGCTGGGGTAATCAATTATTTGTT AC TGTAGTAGATACTACTAGAAGTACTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAG TA AATATGATGCACGAAAAATTAATCAGTACCTTAGACATGTGGAGGAATATGAATTACAAT TT GTTTTTCAATTATGCAAAATTAATTTGTCTGCAGAGGTTATGGCATATTTACATAATATG AA TGCTAACCTACTGGAGGACTGGAATATTGGGTTATCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGA AG</p>

[0261]

		<p>ATAAATATAGATATGTTAGAAGCACAGCTATAACATGTCAACGGGAACAGCCACCAACAG AA AAACAGGACCCATTAGCTAAATATAAATTTTGGGATGTTAACTTACAGGACAGTTTTTCT AC AGACCTGGATCAATTTCCACTGGGTAGAAAATTTTAAATGCAACTGGGCACTAGGTCAA GC CTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCTC</p>
HPV58	고-위험	<p>TTTTTCCAACTCCTAGTGGCTCTATAGTTACCTCAGAATCACAATTATTTAATAAGCCT TA TTGGCTACAGCGTGCACAAGGTCATAACAATGGCATTGCTGGGGCAATCAGTTATTTGT TA CCGTGGTTGATACCACTCGTAGCACTAATATGACATTATGCACTGAAGTAACTAAGGAAG GT ACATATAAAAATGATAATTTAAGGAATATGTACGTCATGTTGAAGAATATGACTTACAG TTTTGTTTTTCAGCTTTGCAAAATPACACTAAGTGCAGAGATAATGACATATATACACT ATGG ATTCCAATATTTTGGAGGACTGGCAATTTGGTTTAAACACCTCCTCCGCTGCGCAGTTTAC AG GACACATATAGATTGTTACCTCCAGGCTATTACTTGCAAAAAACAGCACCCCTAAA GA AAAGGAAGATCCATTAATAAATAACTTTTTGGGAGGTTAACTTAAAGGAAAAGTTTTT TG CAGATCTAGATCAGTTTCCTTTGGGACGAAAGTTTTTATTACAATCAGGCCTTAAAGCAA AG CCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCTACTACCCGTCACCAATC</p>
HPV59	고-위험	<p>TATCCCTTCCCCAAGTGGTCTGTGGTTACTTCTGATTCACAATTATTTAATAAACCA TA TTGGCTGCACAAGGCTCAGGTTTTAAACAATGGTATATGTTGGCACAATCAATGTTTTT AA CAGTTGTAGATACTACTCGCAGCAACAATCTTTCGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTA TT CCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGAATATGCCAGACATGTGGAGGAATTTGAT TT GCAGTTTATATTTCAACTGTGTAATAAATAACATTAACACAGAGGTAATGTCATACATTCA TA ATATGAATACCACATTTTTGGAGGATTTGGAATTTTGGGTGTTACACCACCTCCTACTGCTA GT TTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAATCTGTCTGTGTAACCTTGTCAAAAGGACACCGCA CC GCCAGTTAAACAGGACCCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGCCTGTAGATCTTAAAGGAAAG GT TTTCTGCAGATCTTGATCAGTTTCCTTTGGGACGTAATTTTTTATTGCAATTAGGAGCTA GA CCTAAGCCCACTATAGGCCCAAGCAACGTCAGCGCCTGCCCTAC</p>
HPV66	고-위험	<p>TATGTTGCTACTCCTAGTGGGTCCATGATTACCTCTGAGGCCAATTATTTAATAAACCT TA TTGGTTGCAACGTGCACAGGGCCATAATAATGGCATATGCTGGGGTAATCAGGTATTTGT TA CTGTTGTGGATACTACCAGAAGCACCAACATGACTATTAATGCAGCTAAAAGCACATTAA CT AAATATGATGCCCGTGAAATCAATCAATACCTTCGCCATGTGGAGGAATATGAACTACAG TT TGTGTTTCACTTTGTAAAATAACCTTAACTGCAGAAGTTATGGCATATTTGCATAATAT GA ATAATACTTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAG AG GATAAATATAGGTATATTTAAAAGCACAGCTATTACATGTCAGAGGGAACAGCCCTGCA GA AAAGCAGGATCCCCTGGCTAAAATAAAGTTTTGGGAAGTTAATTTACAGGACAGCTTTTC TG CAGACCTGGATCAGTTTCCTTTGGGTAGAAAATTTTTAATGCAACTAGGCCCTAGACCCC CT AGACCCAAAGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGCGGGCGGC</p>
HPV68 a	고-위험	<p>TATGCCCTTCGCTAGCGGTCTATGGTGTCTGACTCCAGTTATTTAACAAGCCC TA</p>

[0262]

		TTGGCTGCACAAGGCACAGGGACACAACAATGGTATTGTTGGCATAATCAATTATTTCT TA CCGTTGTGGATACAACCGCAGTACTAATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTG TA CCAGCTGTGTATGATTCTAATAAAATTAAGGAATATGTTAGGCATGTTGAGGAATATGAT TT GCAGTTTATATTTTCAGTTGTGTACTATAACATTATCCACTGATGTAATGTCATATATACA TA CTATGAATCCTGCTATTTTGGATGATTGGAATTTTGGTGTGCCCTCCACCATCTGCTA GT CTTGTAGATACATACCGCTACCTACAATCAGCAGCAATTACATGTCAAAGGACGCCCT GC ACCTGTTAAAAAGATCCCTATGATGGCTTAACTTTTGGAAATGTTGAAATTTAAAGGAAAA GT TTAGTTCTGAACGGACCAATCCCATTAGGACGCAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTT GC AGACGGCCCAACCATAGGCCCTCGTAAACGCACTGCCACTGCAGCTAC
HPV68 b	고-위험	TATGCCCTCGCCTAGTGGTCTATGGTATCCTCAGACTCCAGTTATTTAACAAGCCC TA TTGGCTGCACAAGGCACAGGGACACAACAATGGTATTGTTGGCATAATCAATTATTTCT TA CTGTTGTGGATACCCTCGCAGTACCAATTTTACTTTGTCTACTACTACTGAATCAGCTG TA CCAAAATTTATGATCCTAATAAAATTAAGGAATATATTAGGCATGTTGAGGAATATGAT TT GCAATTTATATTTTCAGTTGTGTACTATAACATTGTCCACTGATGTAATGTCCTATATACA TA CTATGAATCCTGCTATTTTGGATGATTGGAATTTTGGTGTGCCCTCCACCATCTGCTA GT CTTGTAGATACATACCGCTATCTGCAATCAGCAGCAATTACATGTCAAAGGACGCCCT GC ACCTACTAAAAAGGATCCATATGATGGCTTAACTTTTGGAAATGTAATTTAAAGGAAAA GT TTAGTTCTGAACGGACCAATTTCCCTTAGGACGCAATTTCTTTTACAGGCAGGCGTCC GC CGACGACCCACTATAGGCCCCCGTAAACGCCCCGCCACAGCAACTAC
HPV70	고-위험	TATTTCCCTTCCCAAGTGGCTCTATGGTCTCTTCTGATTTCCAGTTGTTTAAAGGCC TA TTGGTTGCATAAGGCCACAGGGACACAATAATGGCATTTGTTGGCATAACCAGTTGTTTAT TA CTGTGGTGGACACTACAGTAGTACTAATTTTACATTGTCGCTGCACCCGAAACGGCCA TA CCTGCTGTATATAGCCCTACAAAGTTTAAAGGAATATACTAGGCATGTTGAGGAATATGAT TT ACAATTTATATTTCAAATTTGTGTACTATCACATTAACGCTGACGTTATGGCCTACATCCA TA CTATGAATCCTGCAATTTTGGACAATTTGGAATATAGGAGTTACCCCTCCACCATCTGCAA GC TTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGCTATAGCATGTCAAAGGATGCTCCT AC ACCTGAAAAAAGGATCCCTATGACGATTTAAAAATTTTGGAAATGTTGATTTAAAGGAAAA GT TTAGTACAGAAGTAGATCAGTTTCCCTTTGGGGCGCAATTTTACTACAGGTAGGGGCTC GC AGACGCTCTACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATC
HPV73	고-위험	TTTATCCTACACCTAGTGGTCCATGGTTCTTTCAGATGCACAGTTGTTTAAATAAACCT TA TTGGTTGCAAAAGGCACAGGGACAAAATAATGGTATTGTTGGCATAATCAATTATTTT AA CTGTTGTAGATACTACTAGAAGCACTAATTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTA GC TCTACTACAACGTATGCCAATCTAATTTTAAAGGAATATTTAAGACATGCAGAAGGTTT GA TTTACAGTTTGTTTTTCAGTTATGTAATAATAGTTTAACTACTGAGGTAATGACATATAT AC

[0263]

		ATTCTATGAATTCTACTATATTGGAAGAGTGGAAATTTTGGTCTTACCCACCACCGTCAG GT ACTTTAGAGGAAACATATAGATATGTAACATCACAGGCTATTAGTTGCCAACGCTCTCAA CC TCCTAAAGAAACAGAGGCCCATATGCCAAGCTATCCTTTGGGATGTAGATCTTAAGGA AA AGTTTCTGCAGAAATTAGACCAGTTTCCTTTGGGAAGAAAATTTTATTACAACCTGGTA TG CGTGCACGTCCTAAGTTACAAGCTTCTAAACGTTCTGCATCTGCTACCAC
HPV82	고-위험	TATTCAGCTACTCCAGTGGTTCTATGATAACCTCTGATTCTCAGATTTTAAATAAGCCT TA TTGGTTGCATCGCGCCAGGGCCACAATAATGGCATTTGCTGGAATAATCAGCTTTTAT TA CTTGTGTGACACTACTAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACCTGCTGTTACTCCATCTG TT GCACAAACATTTACTCCAGCAAACCTTAAGCAGTACATTAGGCATGGGGAAGAATATGAA TT GCAATTTATATTTCAATTTGTGTAAAATCACTTTAACTACTGAAATTTATGGCTTACCTGCA CA CCATGGATTCTACAATTTTAGAACAGTGGAAATTTGGATTAAACATTCGCCCTCCGCTA GT TTGGAGGATGCCTATCGATTTGTAAAAATGCAGCAACATCCTGTCACAAGGACAGTCC CC ACAGGCTAAAGAAGACCCTTTGGCAAATATAAATTTTGGAAATGTAGACCTTAAGGAACG CT TTTCTTTGGATTTGGATCAGTTTGCAATTTGGTTCGCAAGTTTATTACAAATCGGTGCC AA CGCAAACCCAGACCAGGCCTTAAAGGCCTGCCCATCCTCTCCGCT

[0264]

표 9

표 9.

명칭	서열 (5' --> 3')
HPV_PGMY11-A_Reverse	GCACAGGGACATAACAATGG
HPV_PGMY11-B_Reverse	GCGCAGGGCCACAATAATGG
HPV_PGMY11-C_Reverse	GCACAGGGACATAATAATGG
HPV_PGMY11-D_Reverse	GCCCAGGGCCACAACAATGG
HPV_PGMY11-E_Reverse	GCTCAGGGTTTAAACAATGG
HPV_PGMY11-CvJJ_Reverse	GCACAAGGCCATAATAATGG
HPV_PGMY09-F_Forward	CGTCCCAAAGGAAACTGATC
HPV_PGMY09-G_Forward	CGACCTAAAGGAAACTGATC
HPV_PGMY09-H_Forward	CGTCCCAAAGGAAACTGATC
HPV_PGMY09-I_Forward	GCCAAGGGGAAACTGATC
HPV_PGMY09-J_Forward	CGTCCCAAAGGATACTGATC
HPV_PGMY09-K_Forward	CGTCCAAGGGGATACTGATC
HPV_PGMY09-L_Forward	CGACCTAAAGGGAATTGATC
HPV_RSMY09-L_Forward	CGTCCTAATGGGAATTGGTC
HPV_PGMY09-M_Forward	CGACCTAGTGGAAATTGATC

[0265]

HPV_PGMY09-N_Forward	CGACCAAGGGGATATTGATC
HPV_PGMY09-P_Forward	GCCCAACGGAAACTGATC
HPV_PGMY09-Q_Forward	CGACCCAAGGGAAACTGGTC
HPV_PGMY09-R_Forward	CGTCCTAAAGGAAACTGGTC
HPV_HMBo1_Forward	GCGACCCAATGCAAAATTTGGT
HPV_RSMY09-LvJJ_Forward	CGTCCTAAAGGGAATTGATC

[0266]

표 10

표 10.

희석	분류군	LOD
1:100	<i>Mycoplasma genitalium</i>	52.6
1:100	<i>Porphyromonas</i>	59.1
1:250	<i>Dialister micraerophilus</i>	49.0
1:250	<i>Atopobium vaginae</i>	49.0
1:250	<i>Chlamydia trachomatis</i>	49.8
1:250	<i>Fusobacterium</i>	50.6
1:250	<i>Peptoniphilus</i>	51.8
1:250	<i>Gemella</i>	51.8
1:250	<i>Gardnerella vaginalis</i>	54.3
1:250	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	55.7
1:250	<i>Lactobacillus iners</i>	55.9
1:500	<i>Lactobacillus jensenii</i>	49.0
1:500	<i>Aerococcus</i>	50.3
1:500	<i>Streptococcus agalactiae</i>	50.6
1:500	<i>Sneathia</i>	51.0
1:500	<i>Atopobium</i>	51.0
1:500	<i>Parvimonas</i>	51.1
1:500	<i>Gardnerella</i>	51.7
1:500	<i>Papillibacter</i>	52.2
1:500	<i>Staphylococcus aureus</i>	52.3
1:500	<i>Aerococcus christensenii</i>	52.3
1:500	<i>Megasphaera</i>	53.0
1:500	<i>Prevotella amnii</i>	54.3
1:1000	<i>Prevotella</i>	50.6
1:1000	<i>Mobiluncus curtisii</i>	51.0
1:1000	<i>Peptostreptococcus</i>	51.0
1:1000	<i>Prevotella timonensis</i>	52.6
1:1000	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	65.2
1:1000	<i>Lactobacillus</i>	1346.9

[0267]

표 11

표 11.

HPV 타입	희석	임계치
6	1:100	87.7
11	1:100	76.1
16	1:100	46.4
18	1:100000	47.7
31	1:1	224.8
33	1:100	52.5
39	1:100000	56.2
42	1:100	58.3
45	1:100	66.5
51	1:100000	41.6
52	1:100	114.9
53	1:100	46.8
56	1:100	40.8
58	1:100	50.2
59	1:100	55.6
66	1:100000	41.6
68a	1:1	149.3
68b	1:1	73.6

[0268]

표 12

표 12.

	<i>digene</i> STM hrHPV +	<i>digene</i> STM hrHPV -	합
<i>digene</i> DNA hrHPV +	15	0	15
<i>digene</i> DNA hrHPV -	3	69	72
합	18	69	87

[0269]

표 13

표 13.

	<i>digene</i> hrHPV +	<i>digene</i> hrHPV -	합
--	-----------------------	-----------------------	---

[0270]

유전형 hrHPV +	69	18	87
유전형 hrHPV -	10	504	514
합	79	522	601

[0271]

표 14

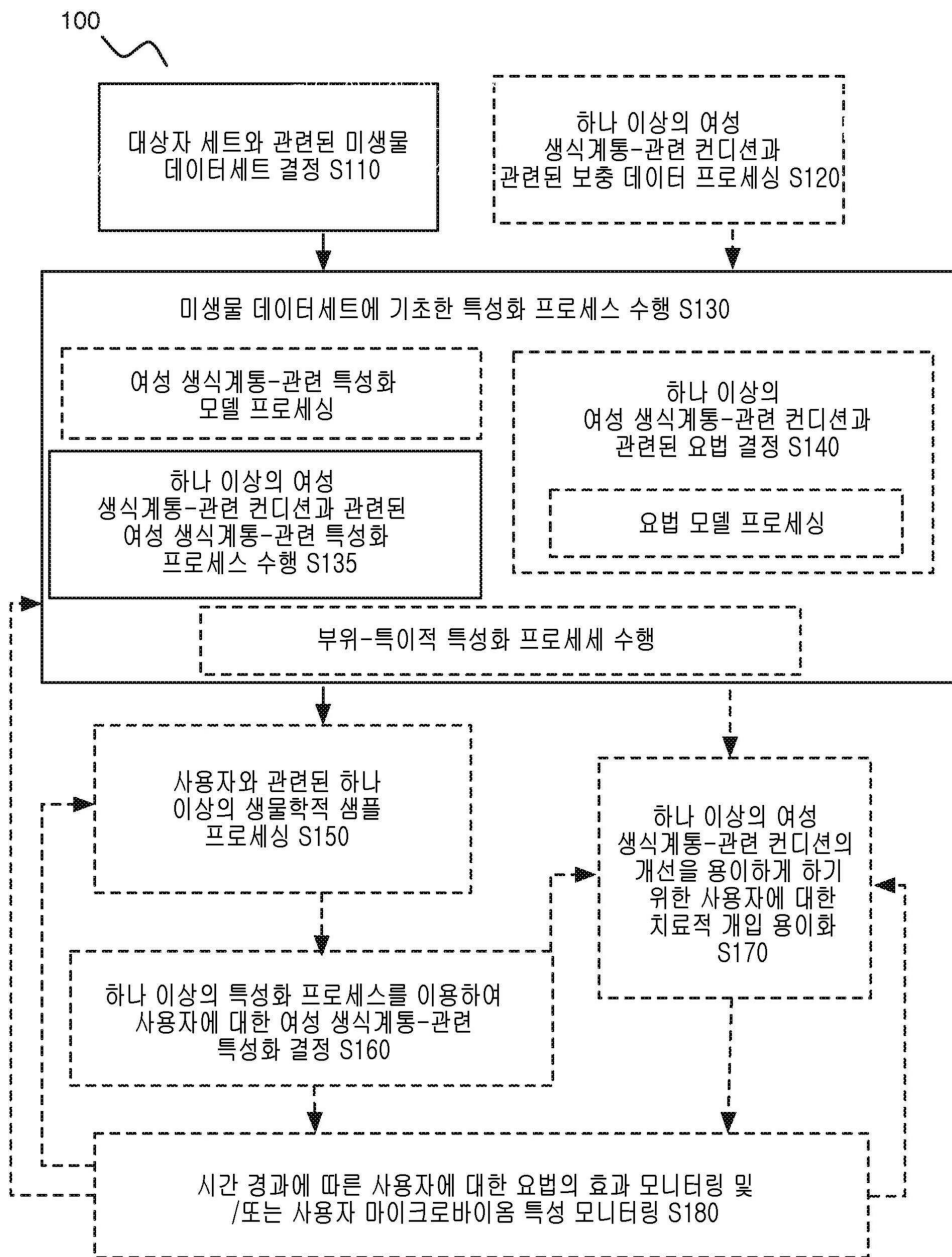
표 14.

	<i>digene</i> lrHPV +	<i>digene</i> lrHPV -	합
유전형 lrHPV +	21	9	30
유전형 lrHPV -	0	118	118
합	21	127	148

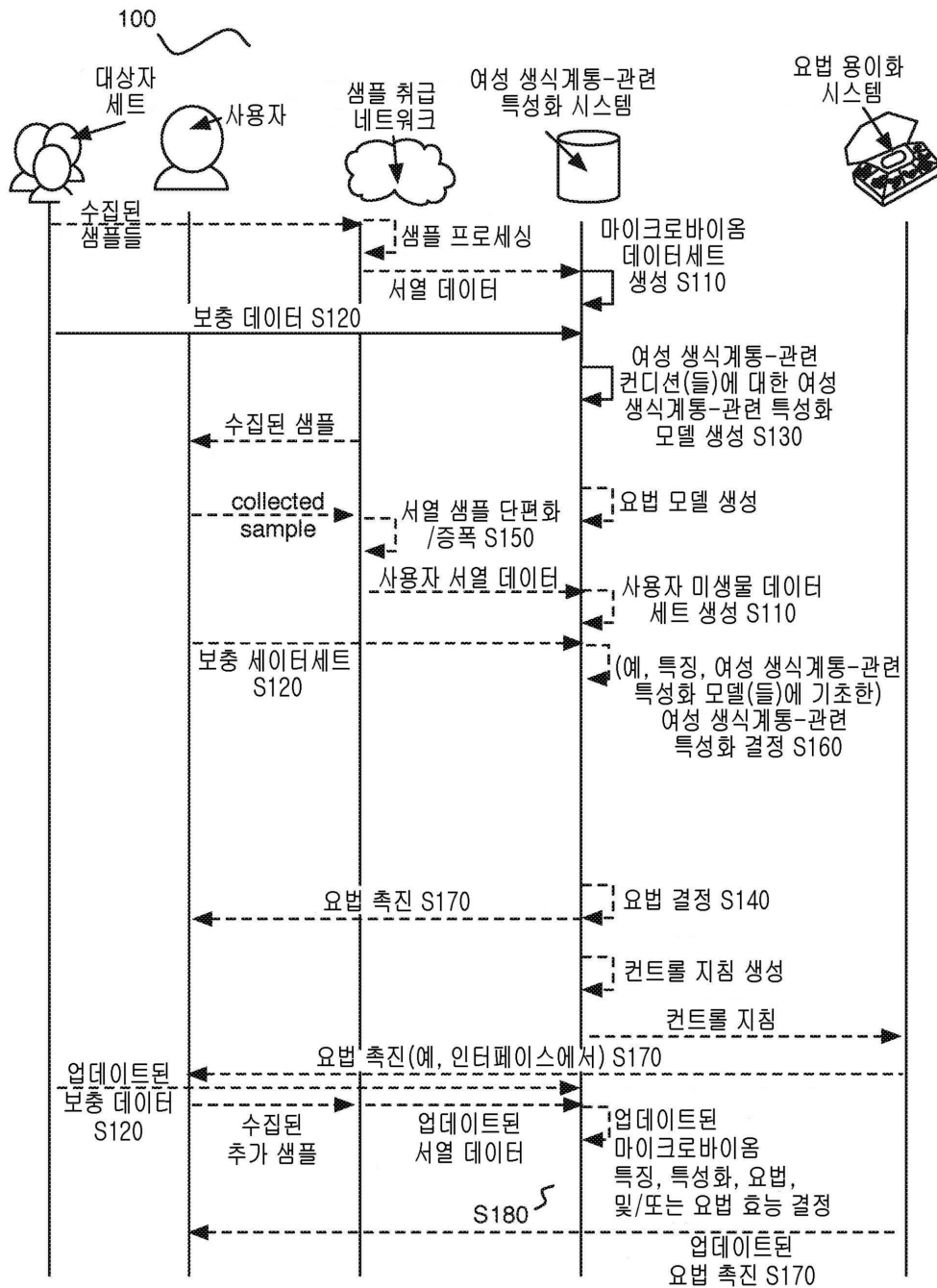
[0272]

도면

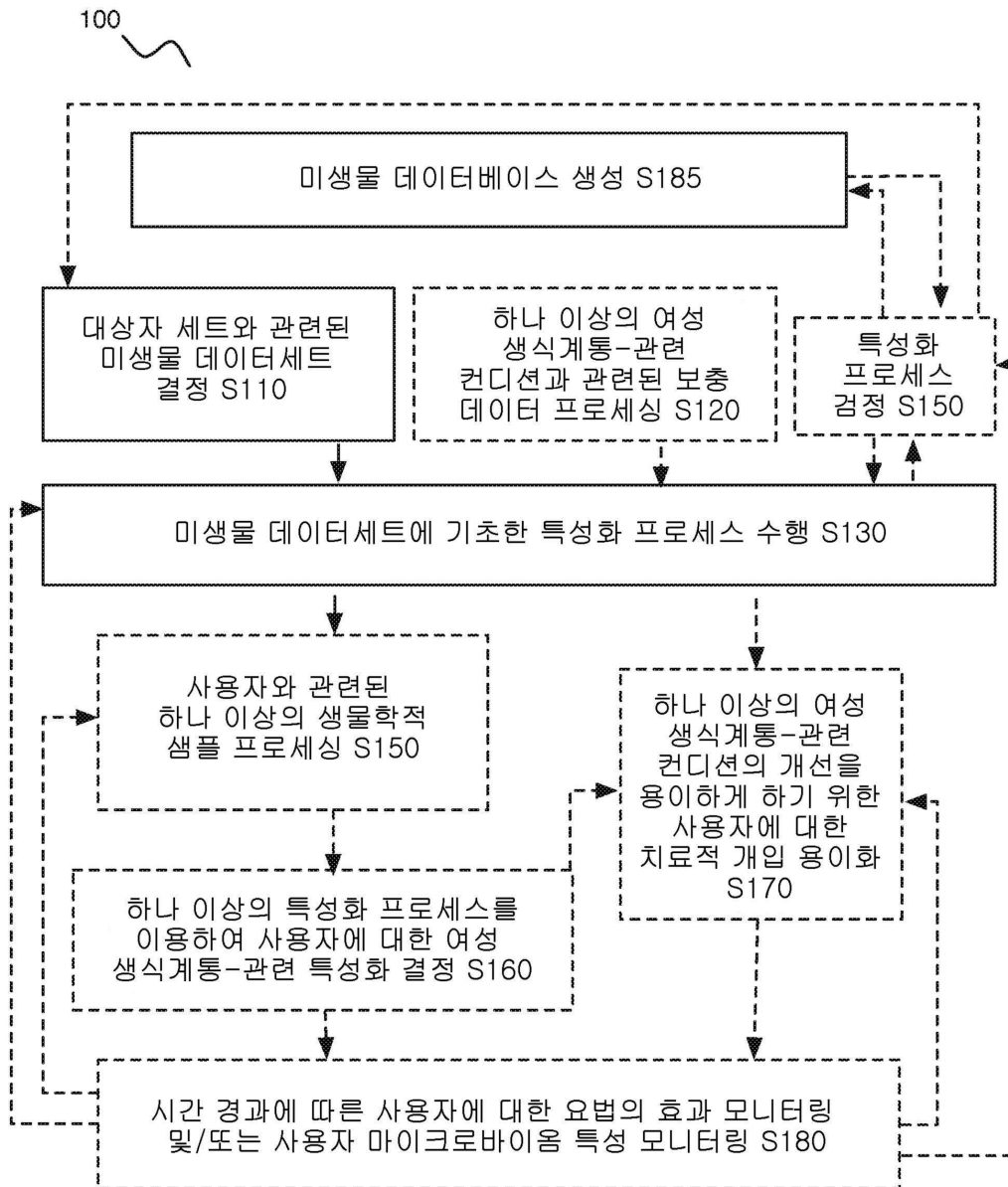
도면1a



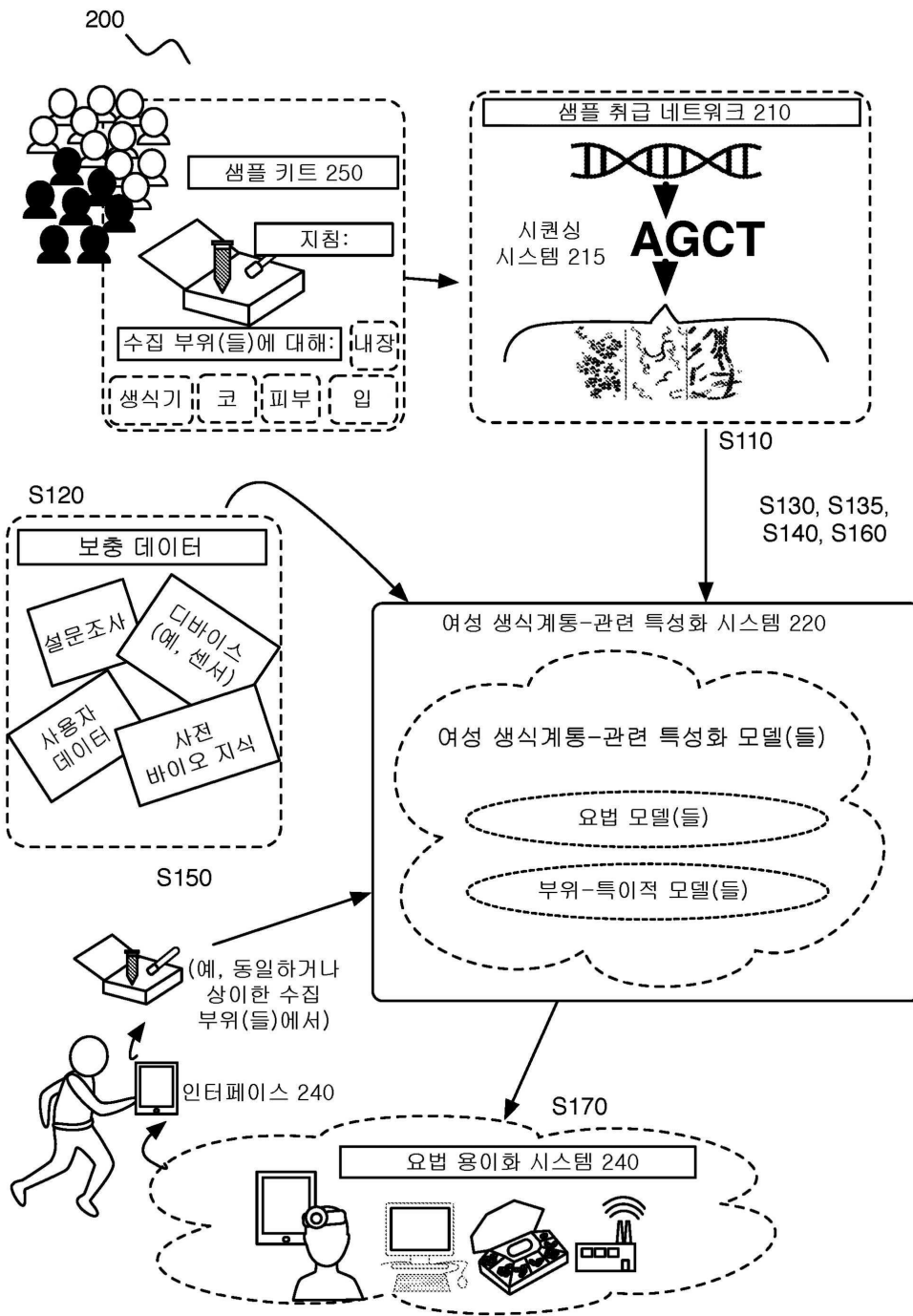
도면1b



도면1c



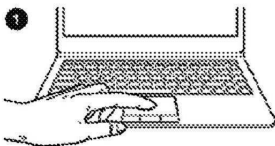
도면2



도면3

당신의 샘플 수집

샘플링 전 및 후에 당신의 손을 완전히 씻는 것을 유념하세요.



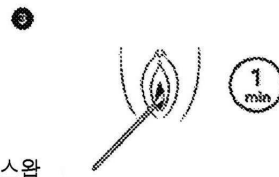
등록

- 서명 ·웹사이트
- 당신의 9-디지털 키트 ID 및 당신의 SmartJane 튜브 시리얼 번호를 확인하세요.
- 당신의 샘플의 날짜를 로그하고 "확인"을 클릭하세요.



준비

- SmartJane™ 및 PCT 워터 튜브로부터 뚜껑을 제거하고, 이들을 근처에 둔다.
- 상기 튜브들을 트레이에서 똑바로 세운다.
- 스왑 패키지로 부터 1 스왑을 제거한다



스왑

- 멸균 PCT 수에 스왑을 적신다.
- 약간 쪼그리고 앉아서 편안하게 질에 최대한 멀리 삽입한다.
- 내부를 1분동안 면봉질한다.



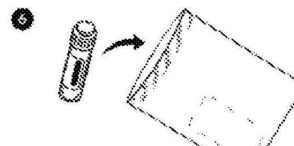
섞기

- SmartJane 튜브에 스왑을 넣는다.
- 스왑을 1분 동안 섞는다.
- 뷰트로부터 스왑을 완전히 제거하고 스왑을 버린다.



흔들기

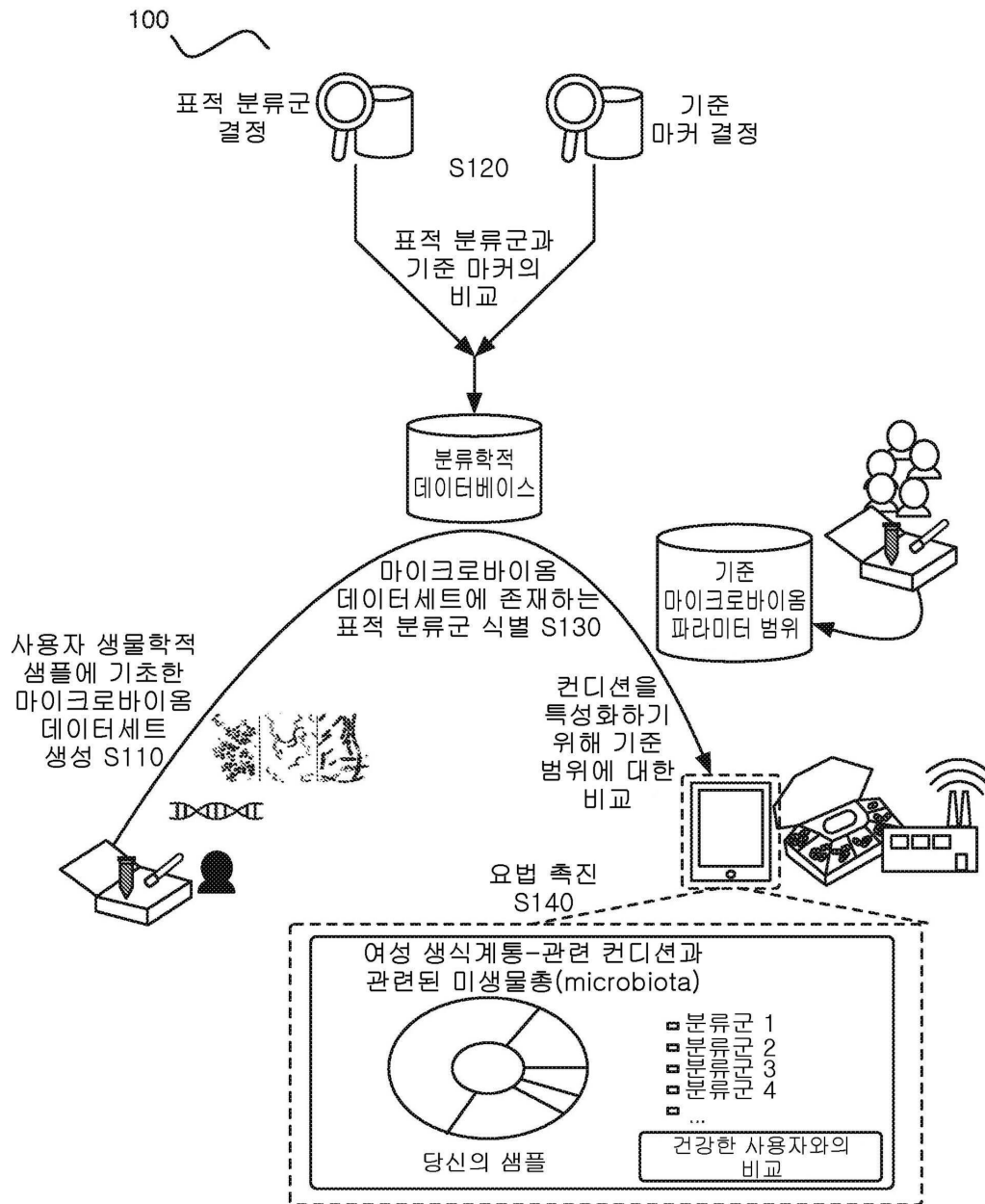
- 뚜껑을 완전히 잠근다.
- 튜브를 1분동안 흔들어 준다.



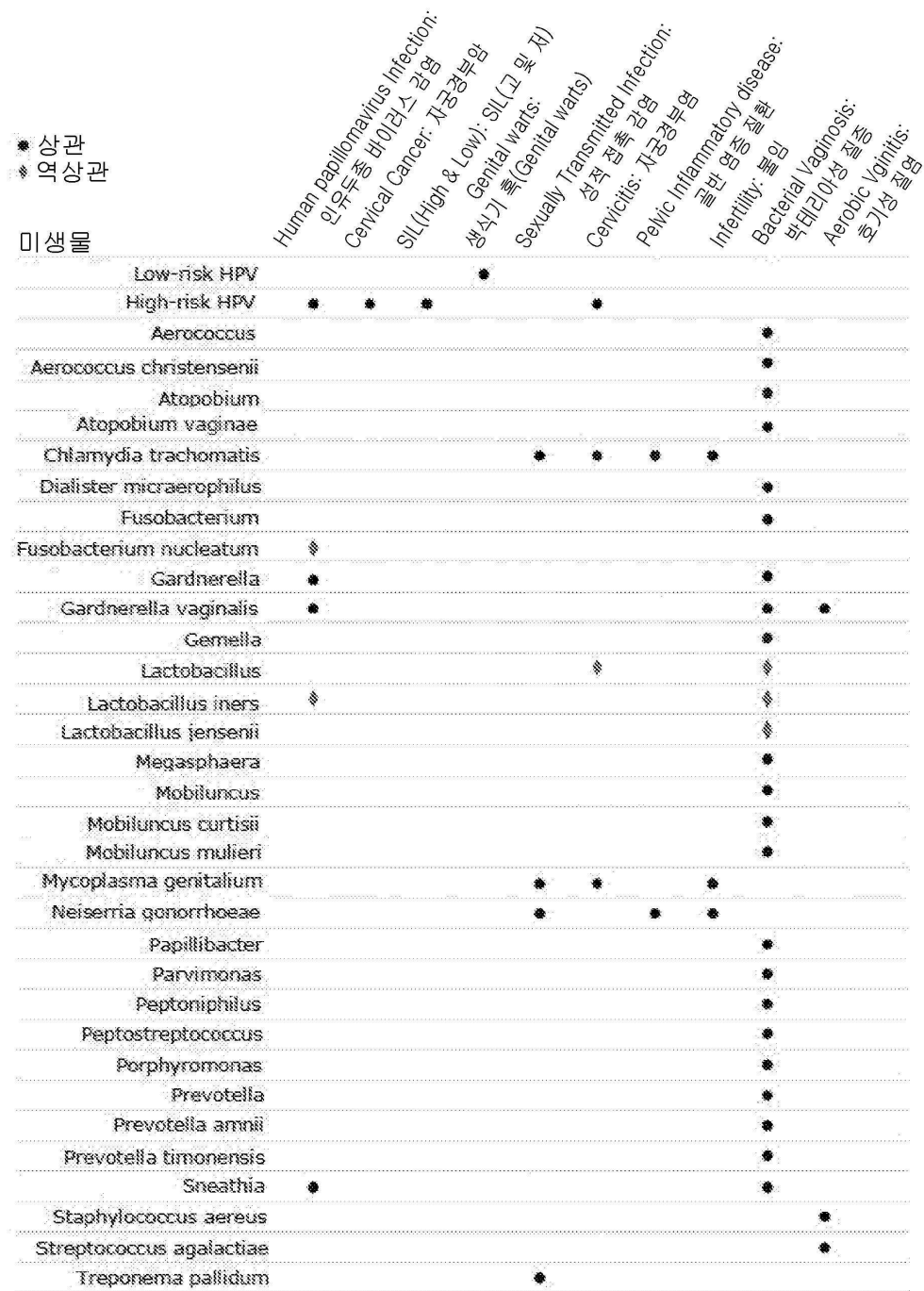
발송

- 밀봉된 튜브를 회수봉투에 넣는다.
- 봉투를 밀봉하고 메일러(우편 발송봉투)에 넣는다.
- 당신은 이제 그 포장물을 처리할 수 있다.

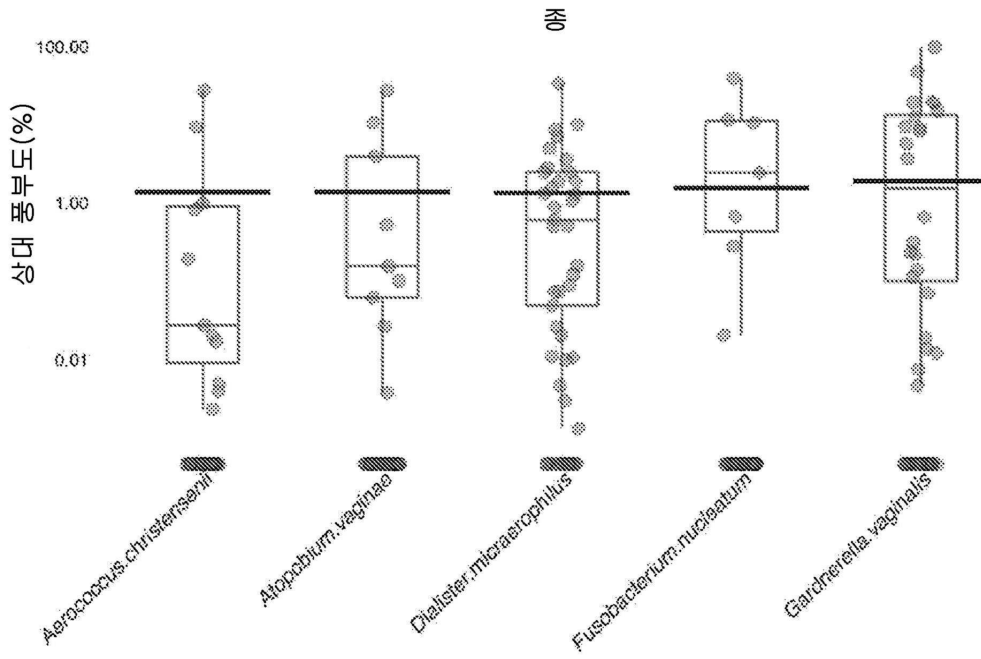
도면4



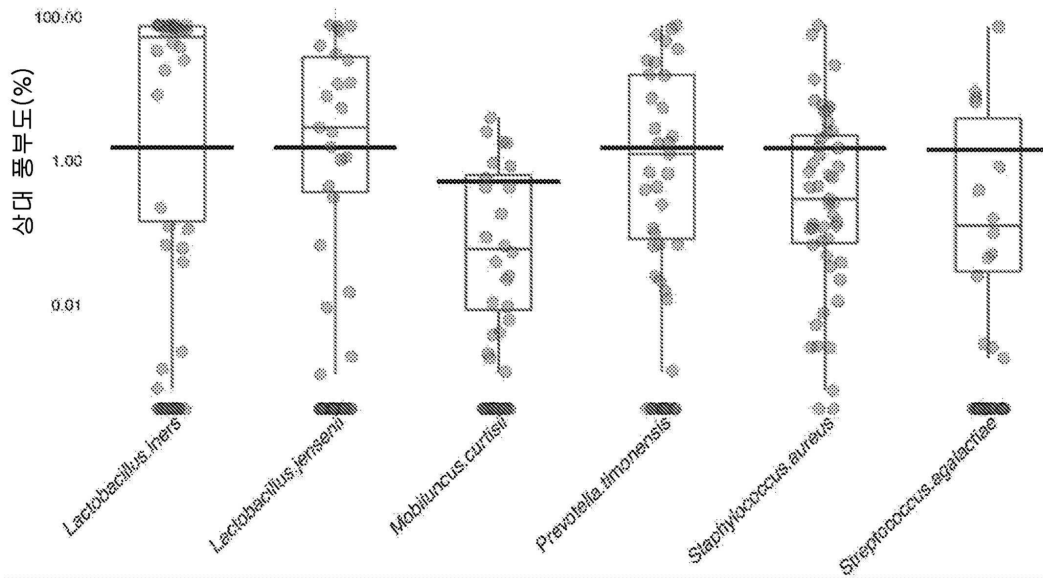
도면6



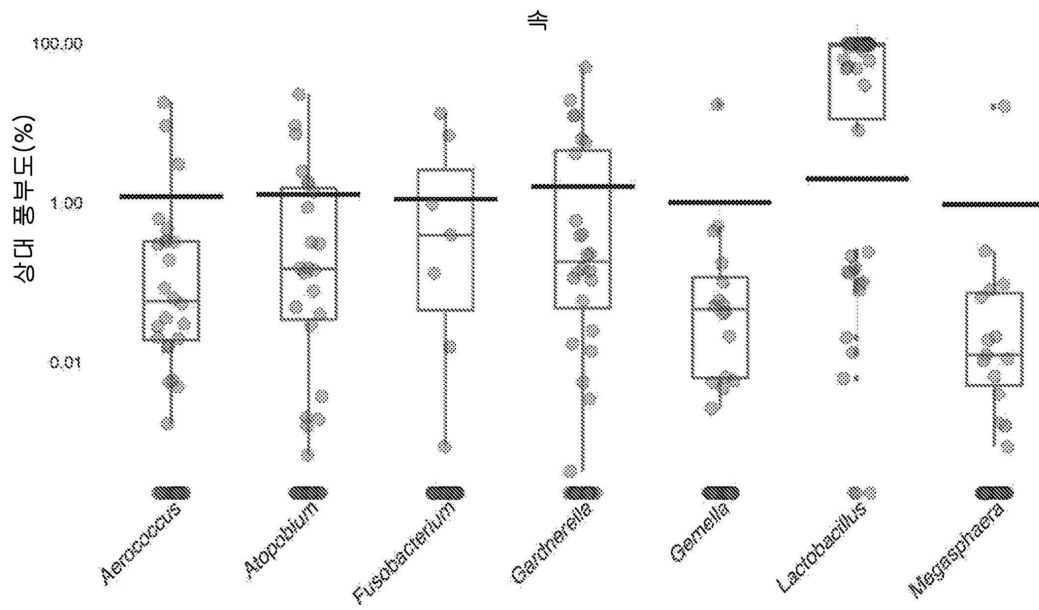
도면7a



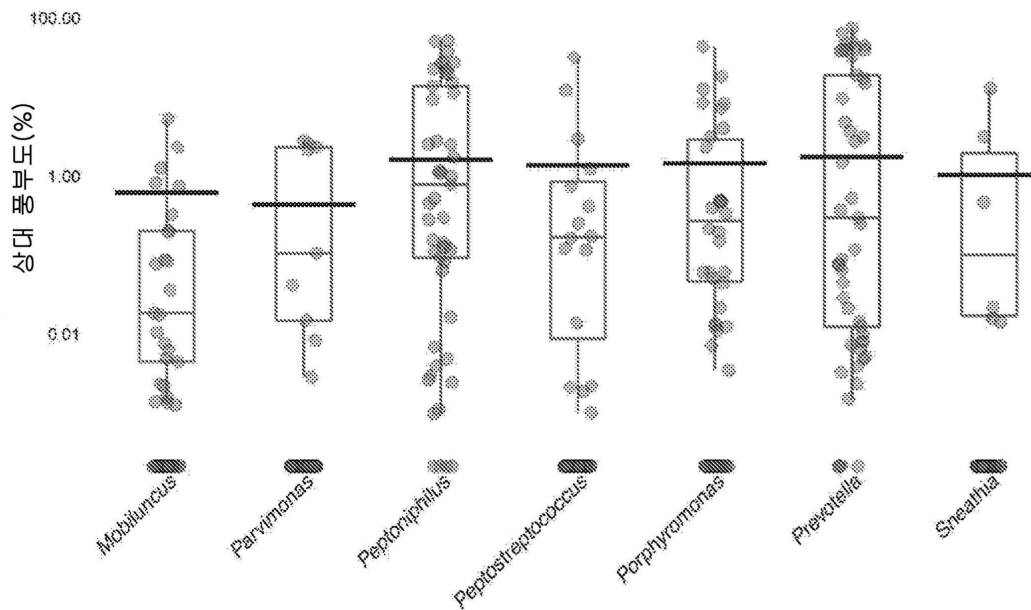
도면7b



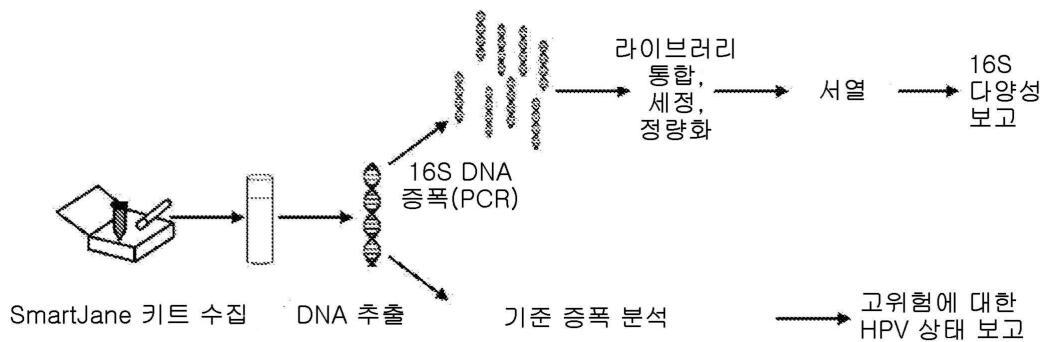
도면7c



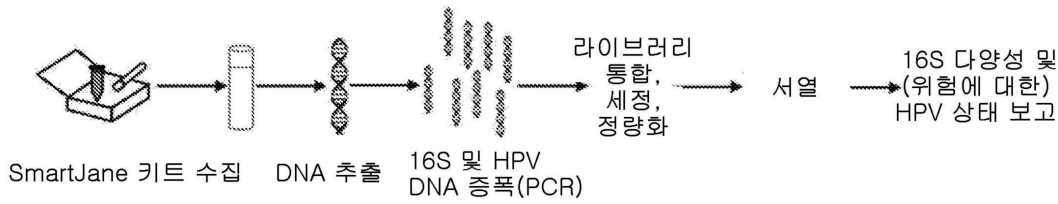
도면7d



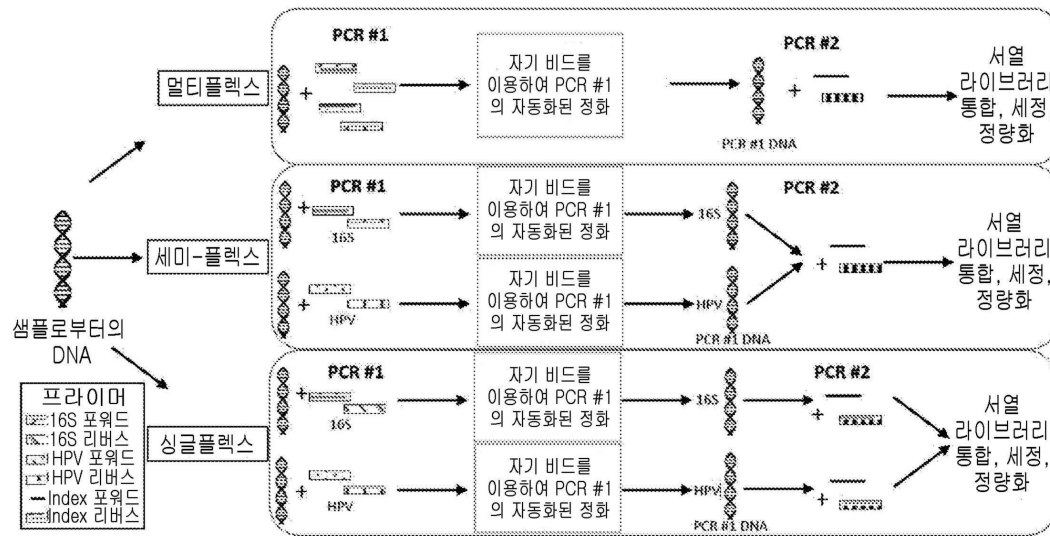
도면8



도면9



도면10



도면11

생산 프라이머
포워드 프라이머

P5 Index Nextera Stagger 16S
AATGATACGGCGACCACCGAGATCTACAC XXXXXX TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG XXXX GTGTGCCAGCMGCCGCGGTAA

리버스 프라이머

P5 Index Nextera Stagger 16S
CAAGCAGAAGACGGCATACGAGAT XXXXXX GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG XXXX CCGGACTACHVGGGTWTCTAAT

2-스텝 PCR 프라이머
포워드 프라이머

PCR #2: Forward Index Primer Index Nextera Stagger 16S 또는 H
AATGATACGGCGACCACCGAGATCTACAC XXXXXXXX TCGTCGGCAGCGTC GTGTGCCAGCMGCCGCGGTAA
P5 TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG XXXX

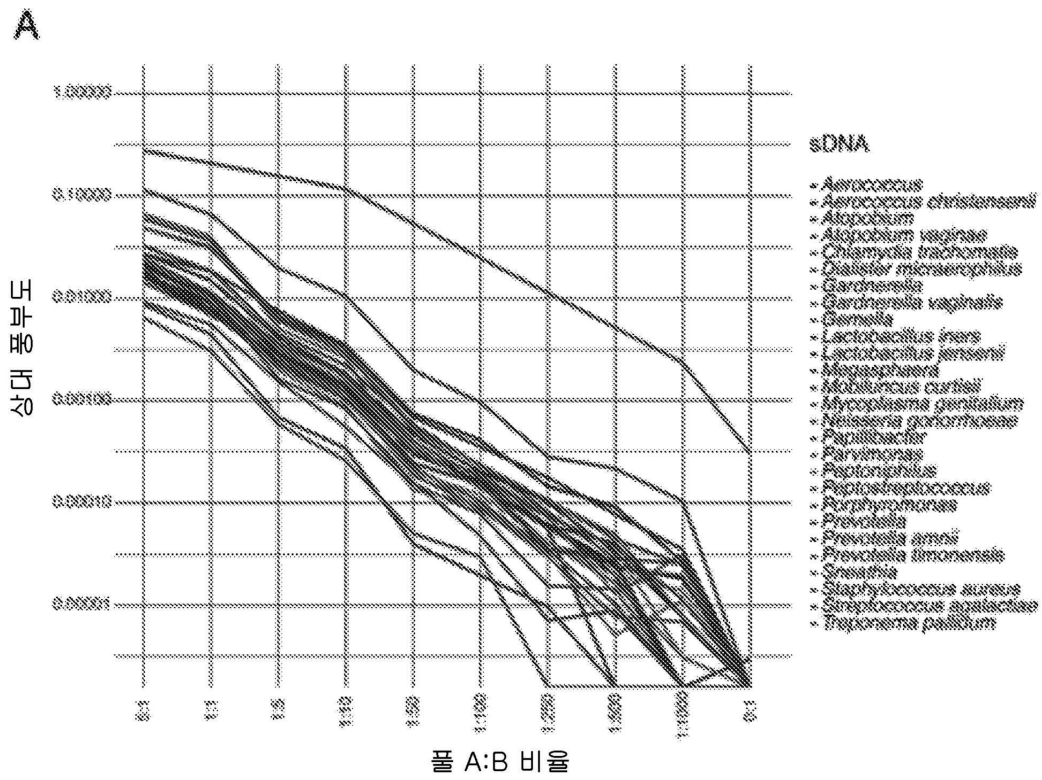
PCR #1: 16S-NNNN-F-Primer

리버스 프라이머

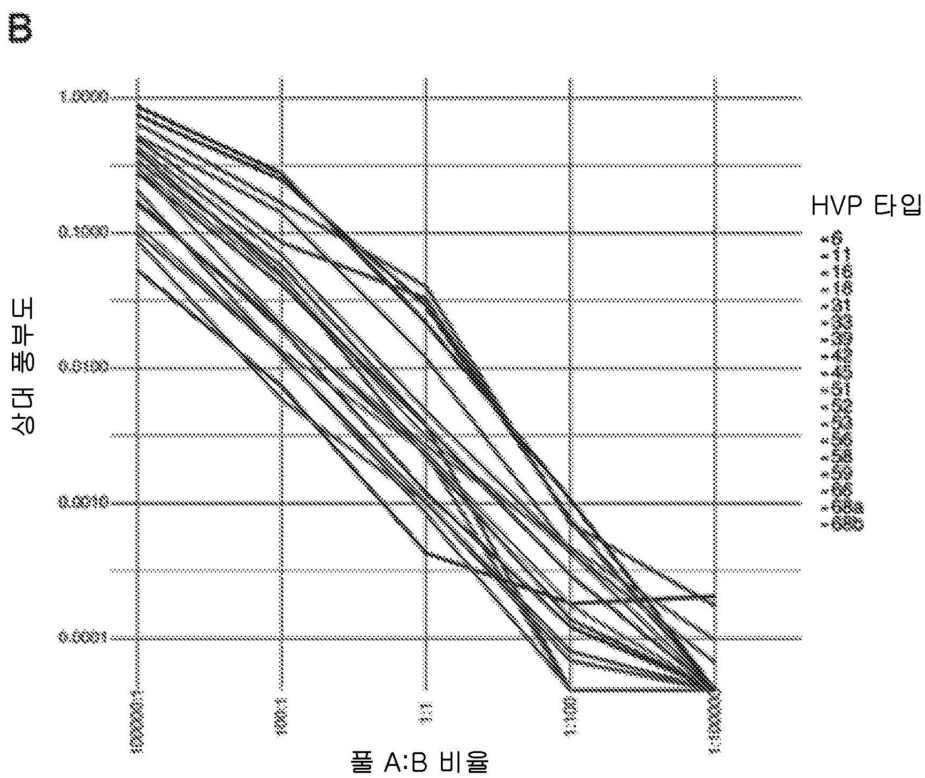
PCR #2: Reverse Index Primer Index Nextera Stagger 16S 또는 HVP
CAAGCAGAAGACGGCATACGAGAT XXXXXXXX GTCTCGTGGGCTCGG GTGTGCCAGCMGCCGCGGTAA
P7 GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG XXXX CCGGACTACHVGGGTWTCTAAT

PCR #1: 16S-NNNN-R-Primer

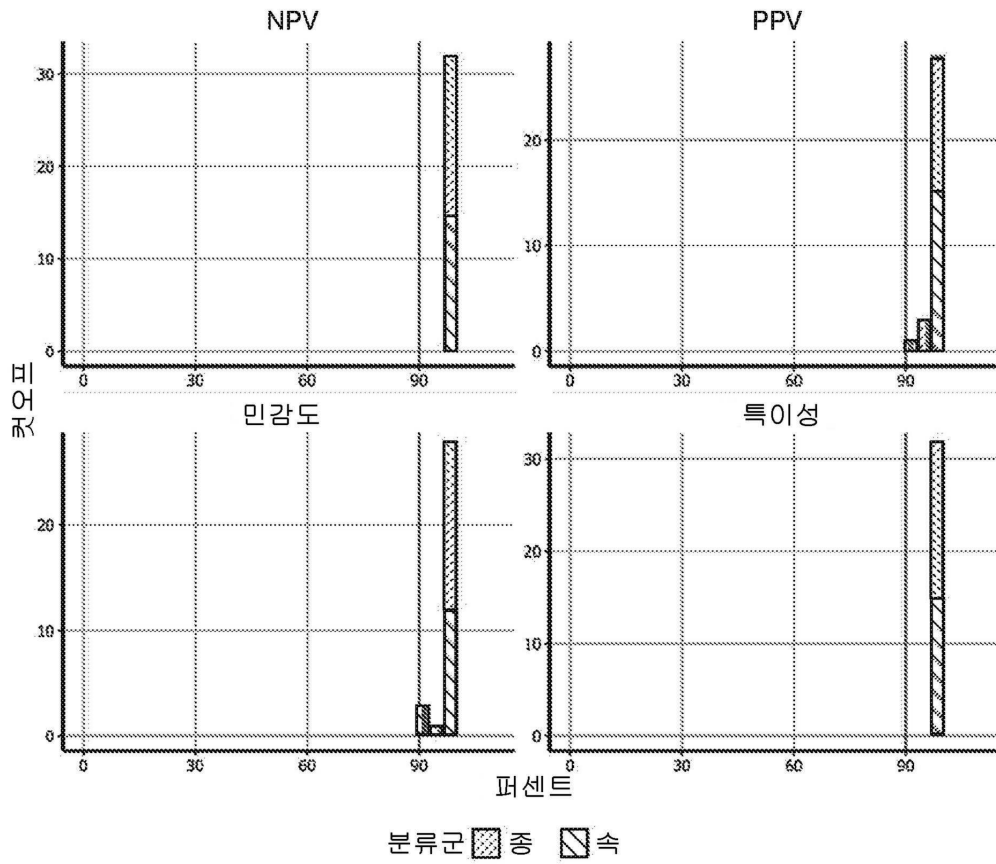
도면12a



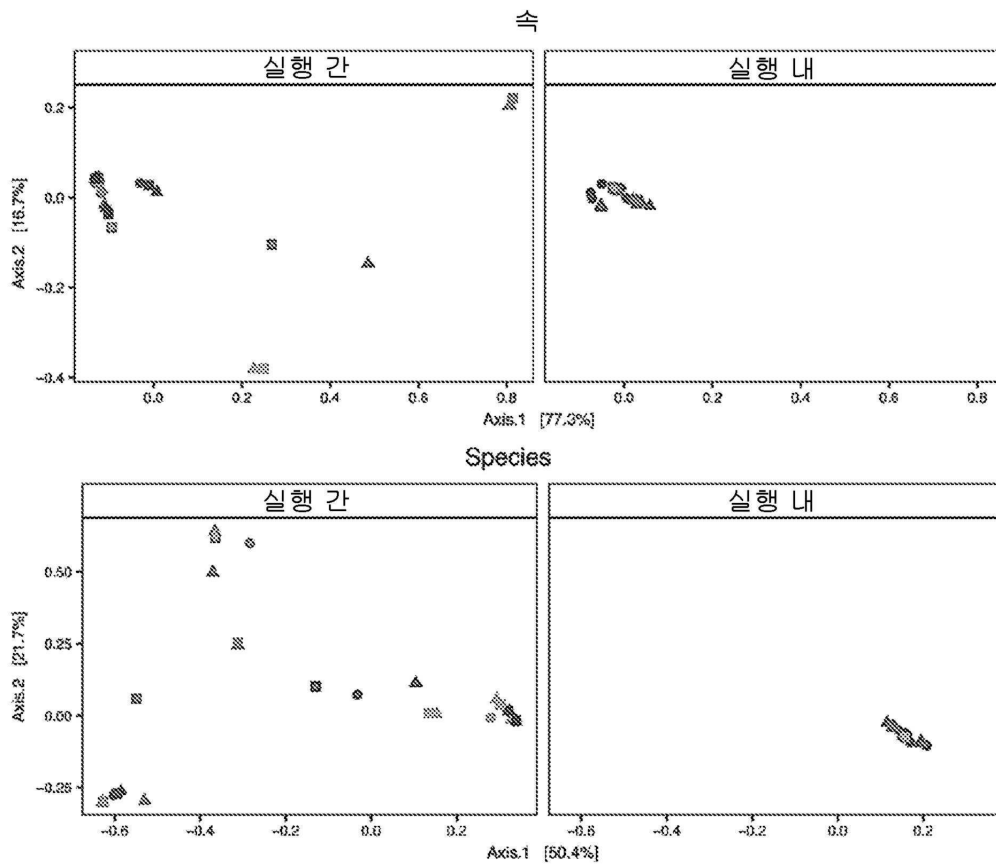
도면12b



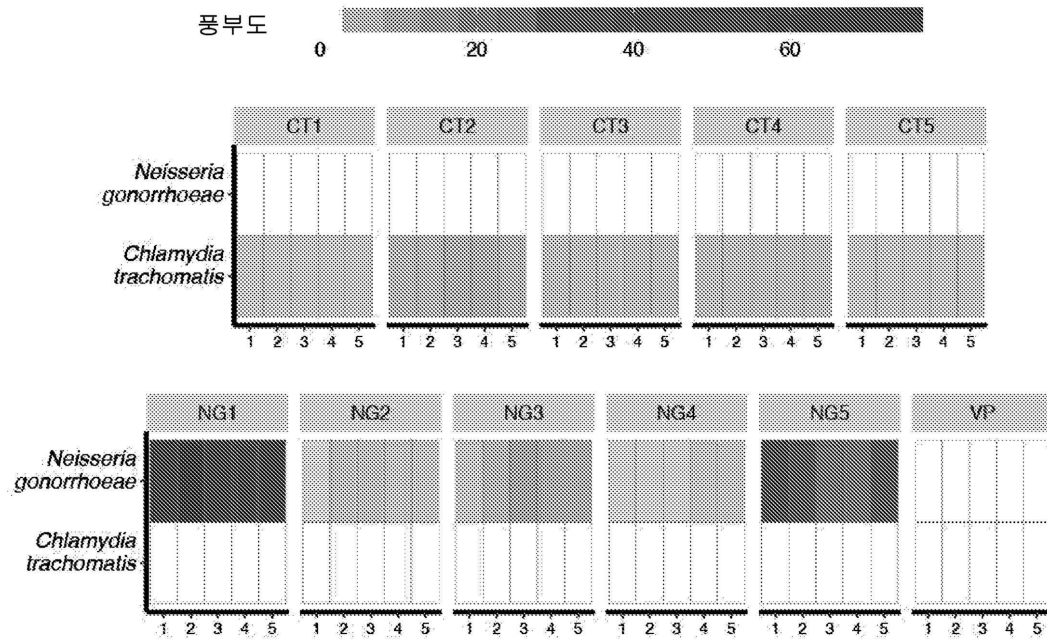
도면13



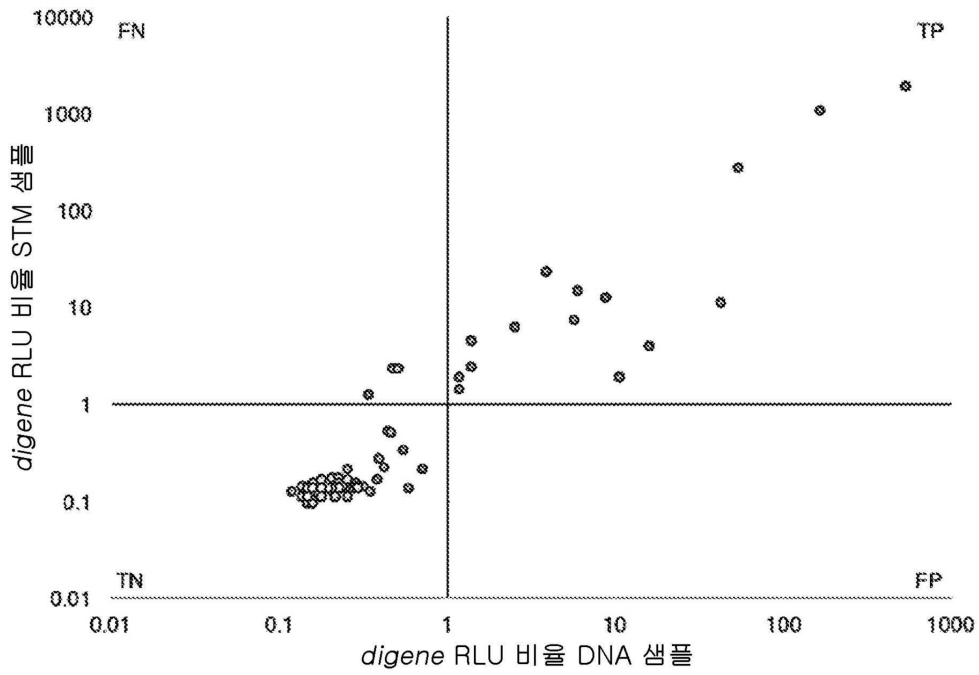
도면14



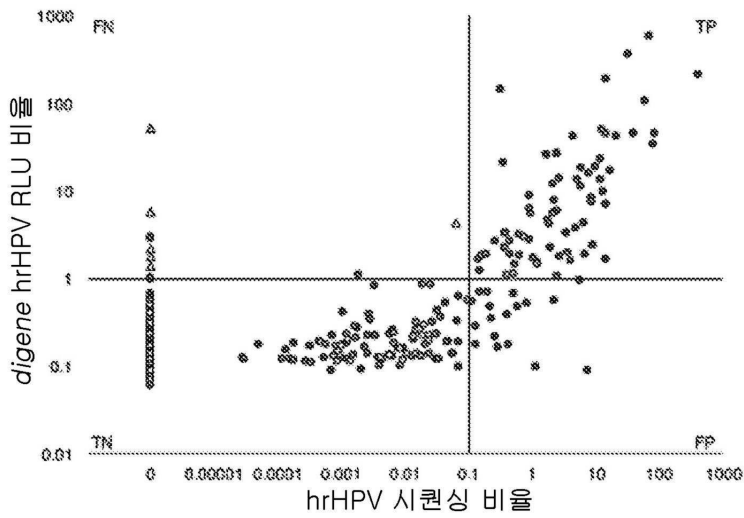
도면15



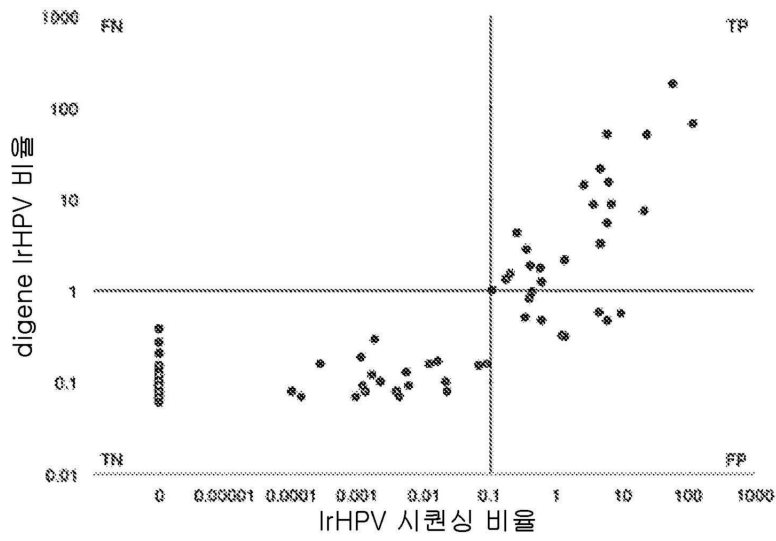
도면16



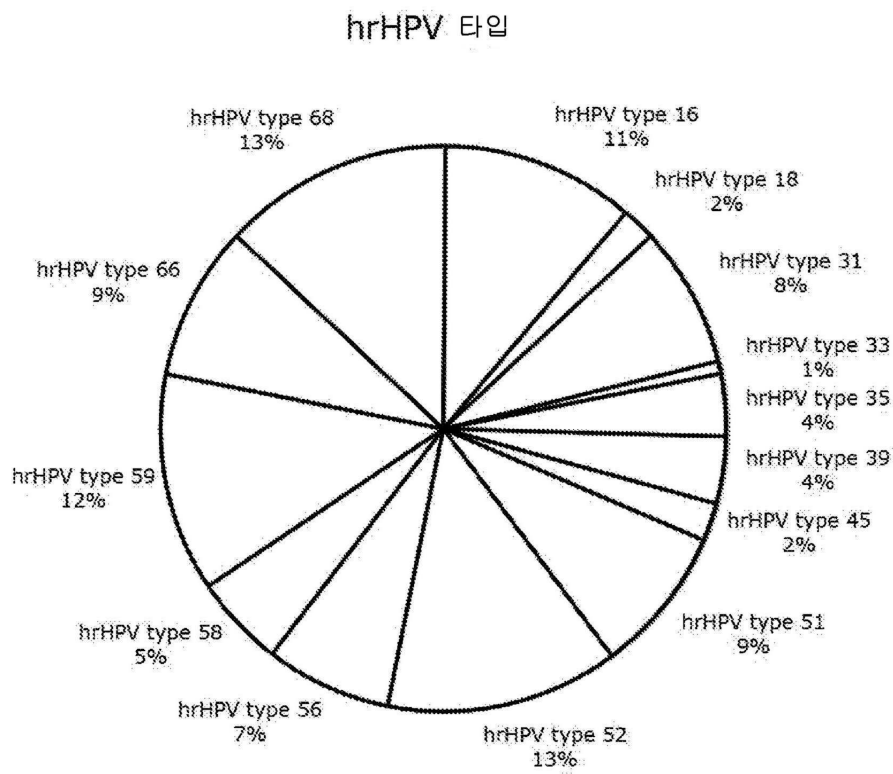
도면17a



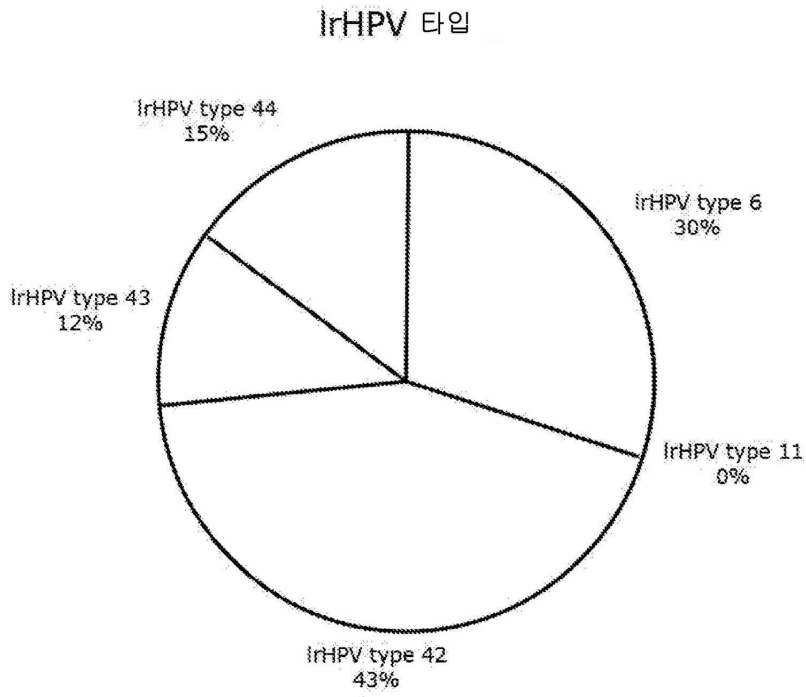
도면17b



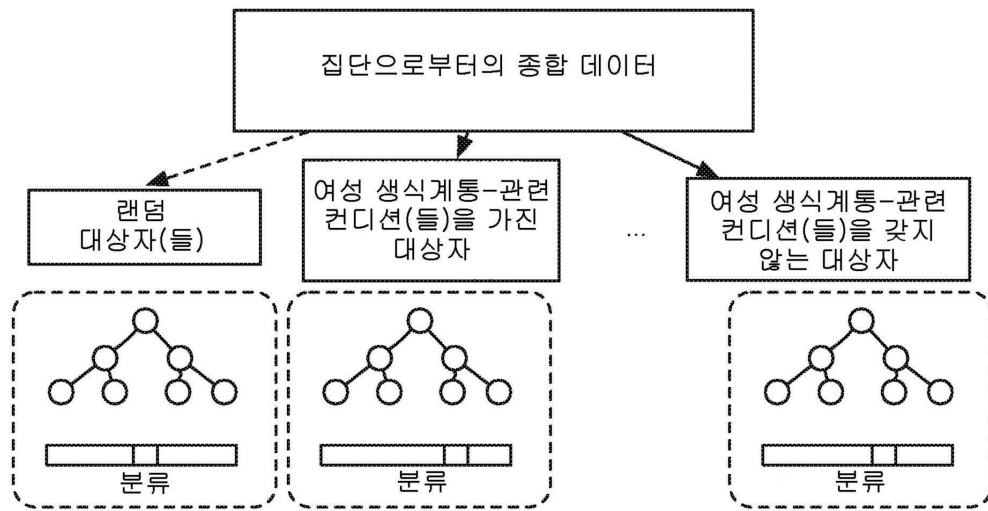
도면18a



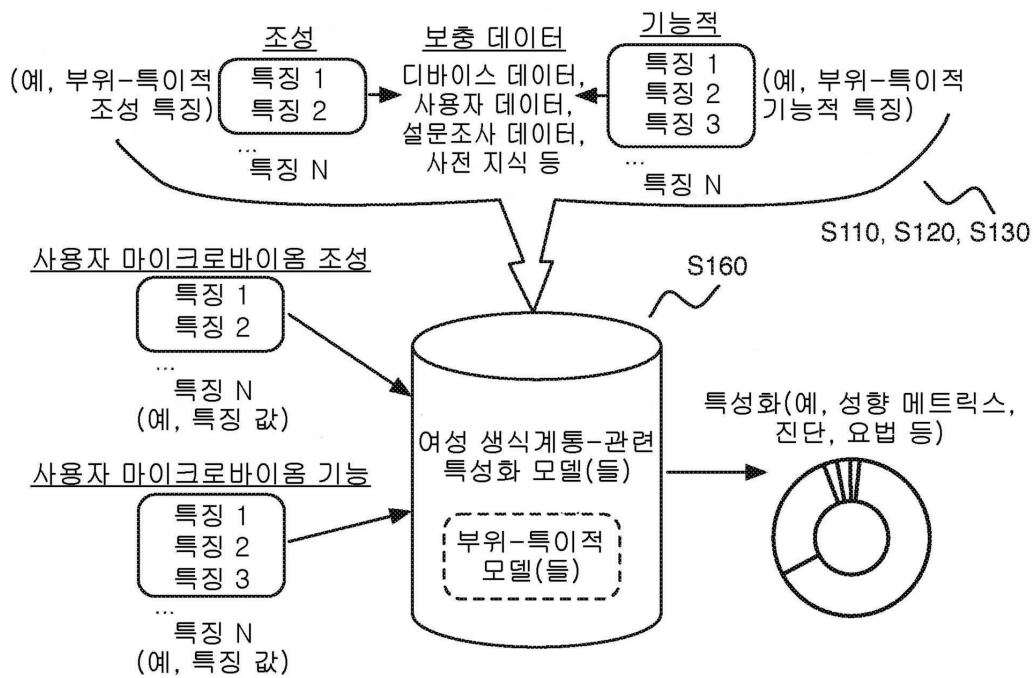
도면18b



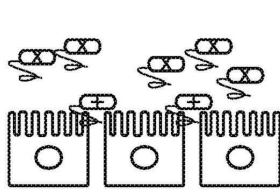
도면19



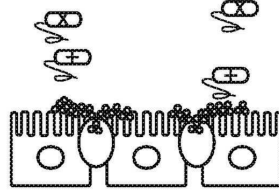
(예를 들어, 하나 이상의 마이크로바이옴 특성화 모델을 이용한) 마이크로바이옴 특징 생성



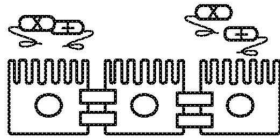
도면20



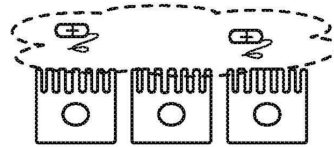
병원체 유입 차단



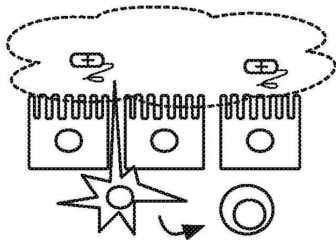
점액성 배리어 형성








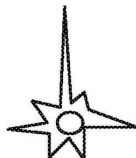
정단 밀착 연결 향상



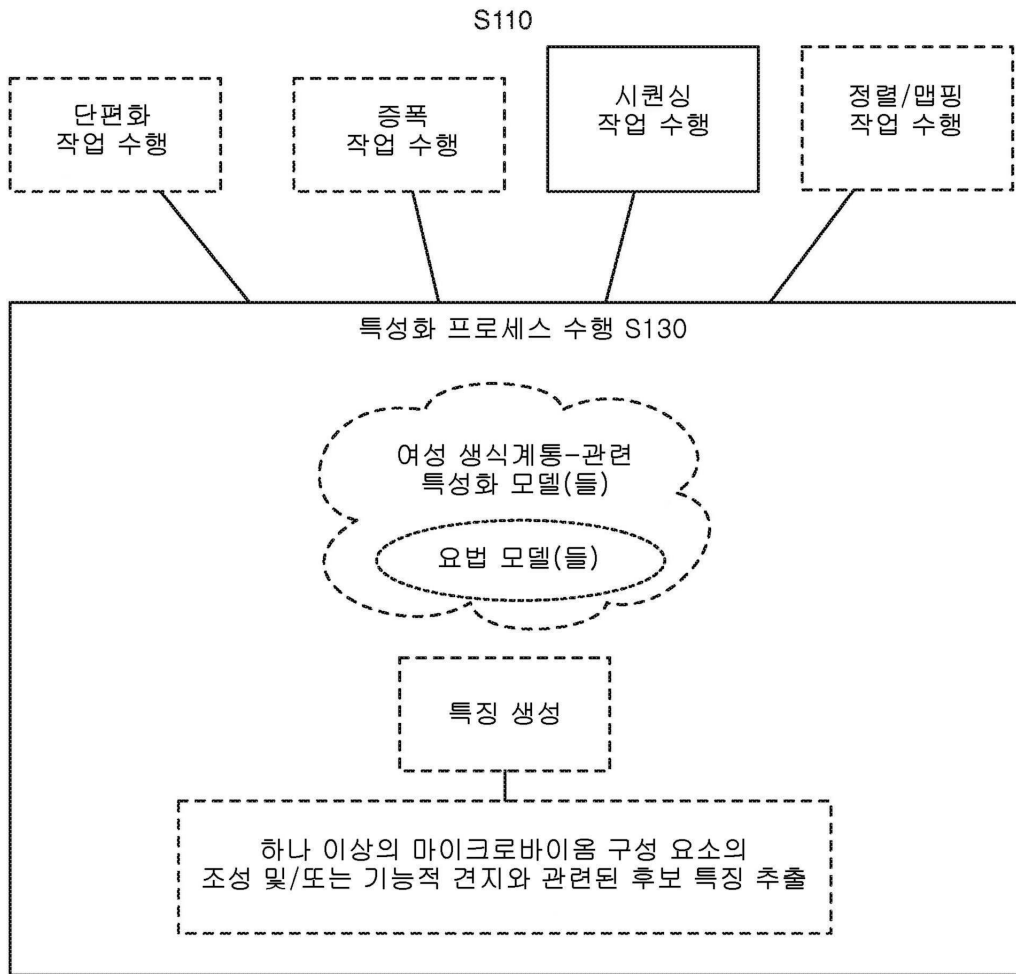
항균 인자 생성



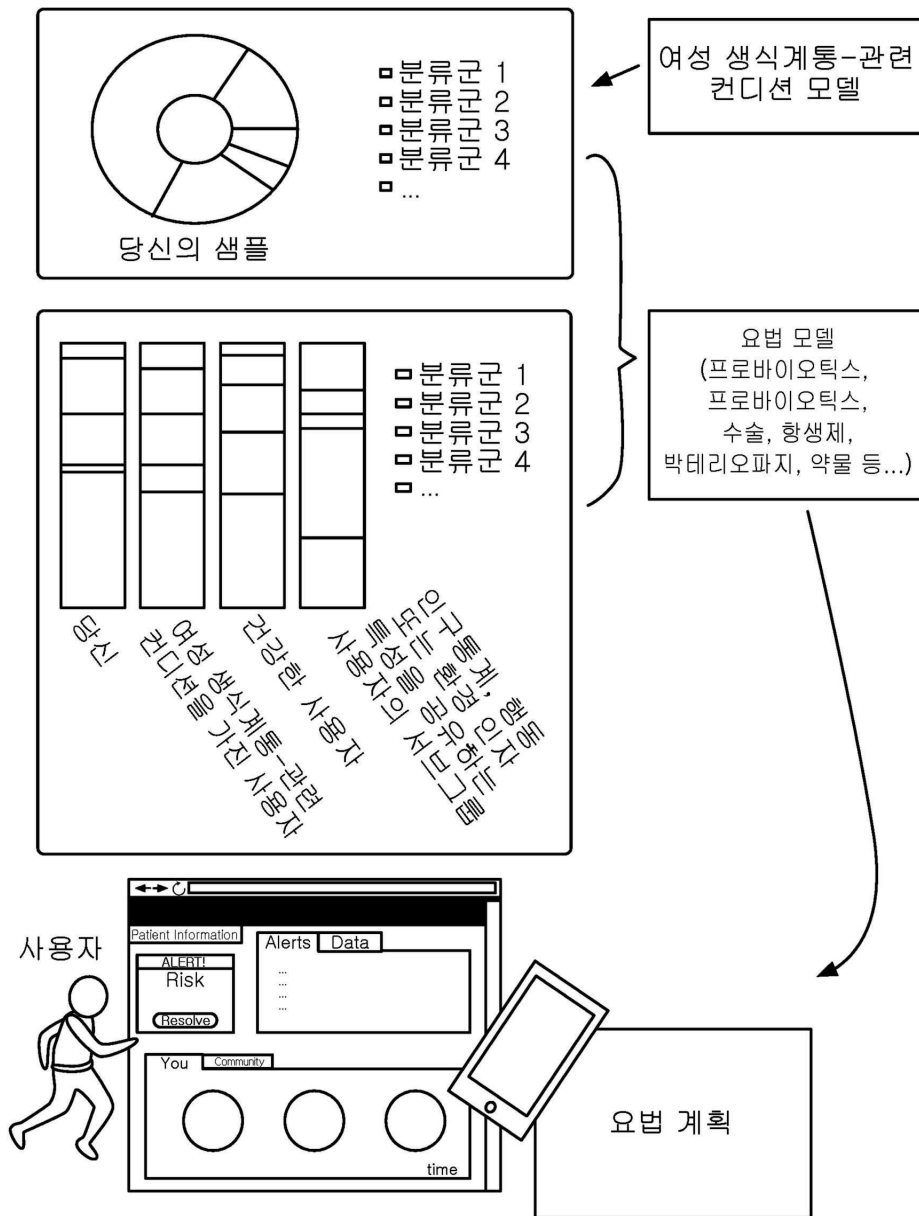
항-염증 사이토카인 자극

-  프로바이오틱
-  병원체
-  배상 세포
-  상피 세포
-  T-세포
-  수지상 세포

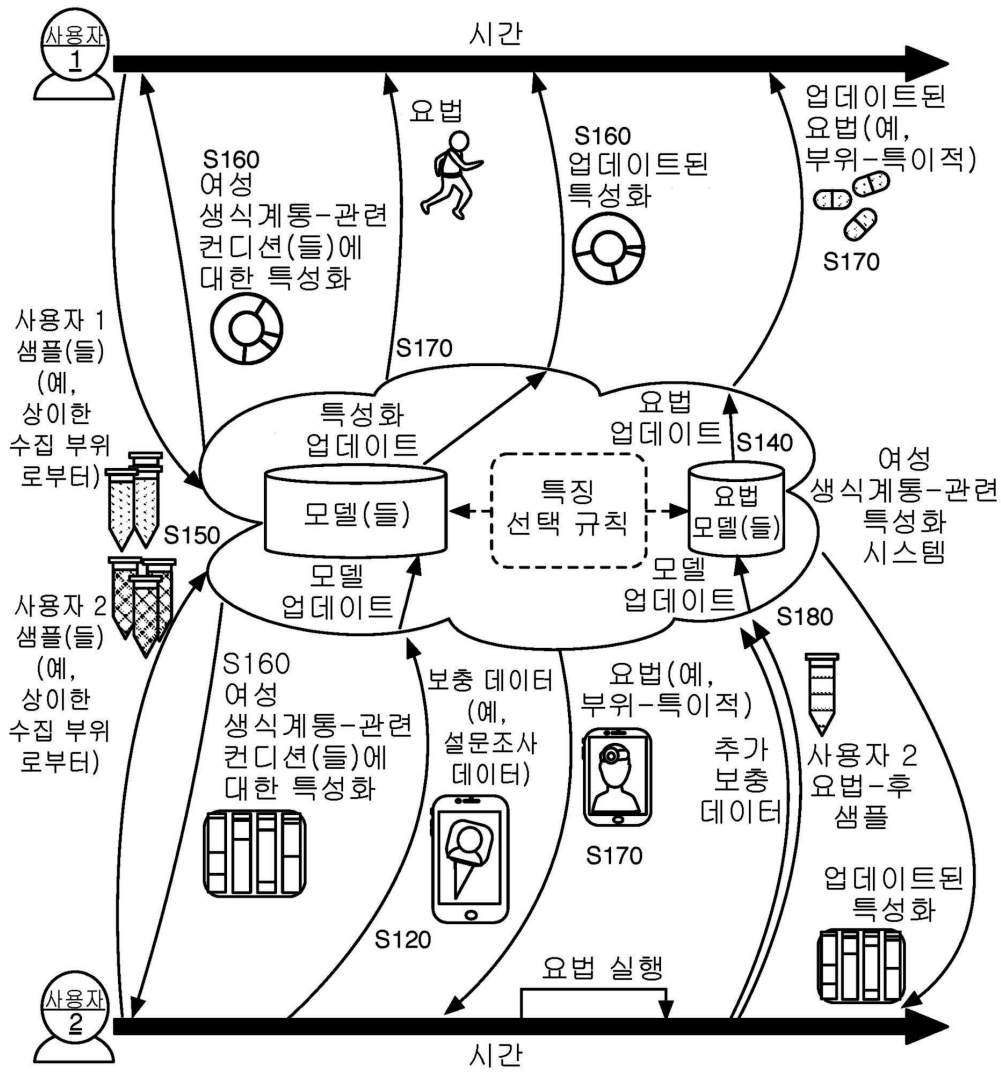
도면21



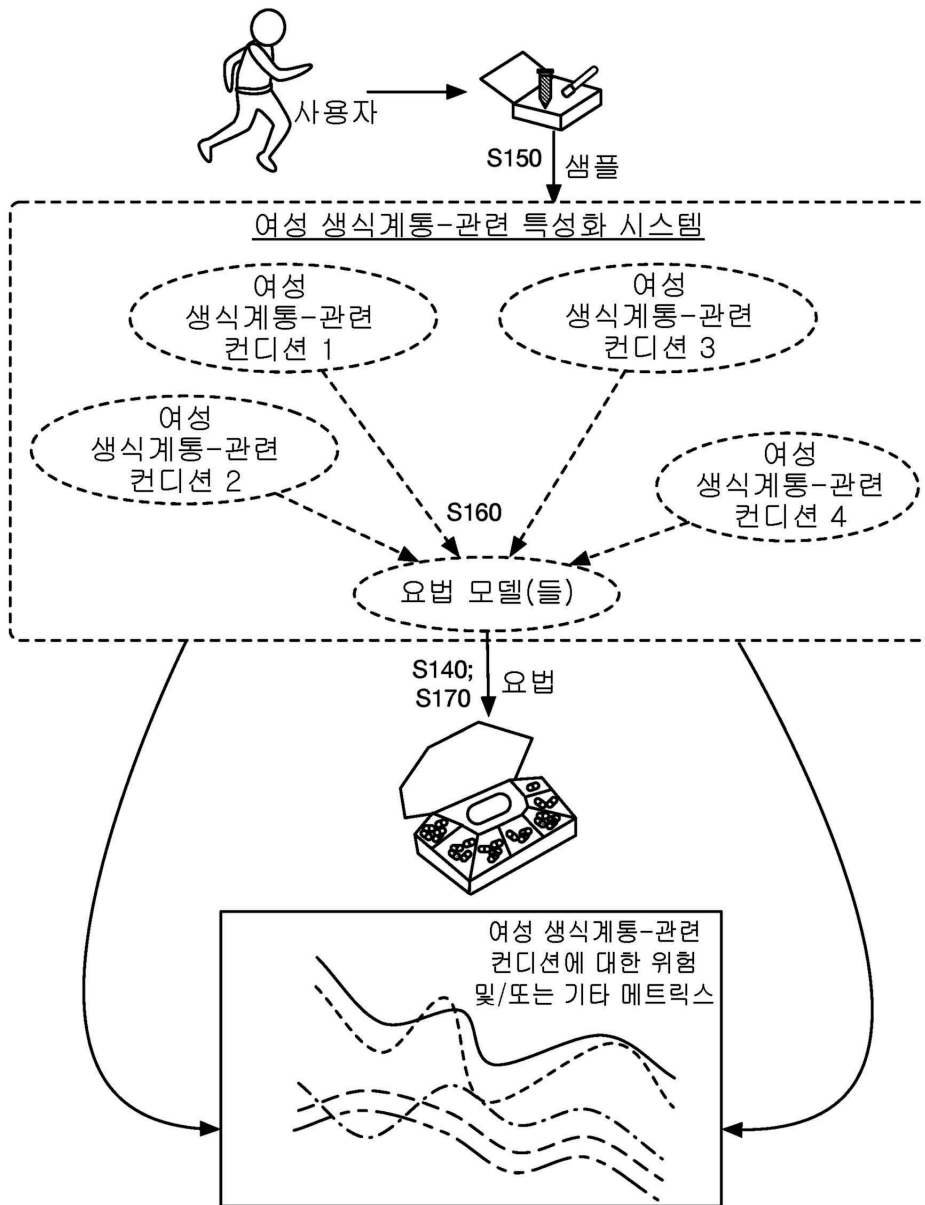
도면22



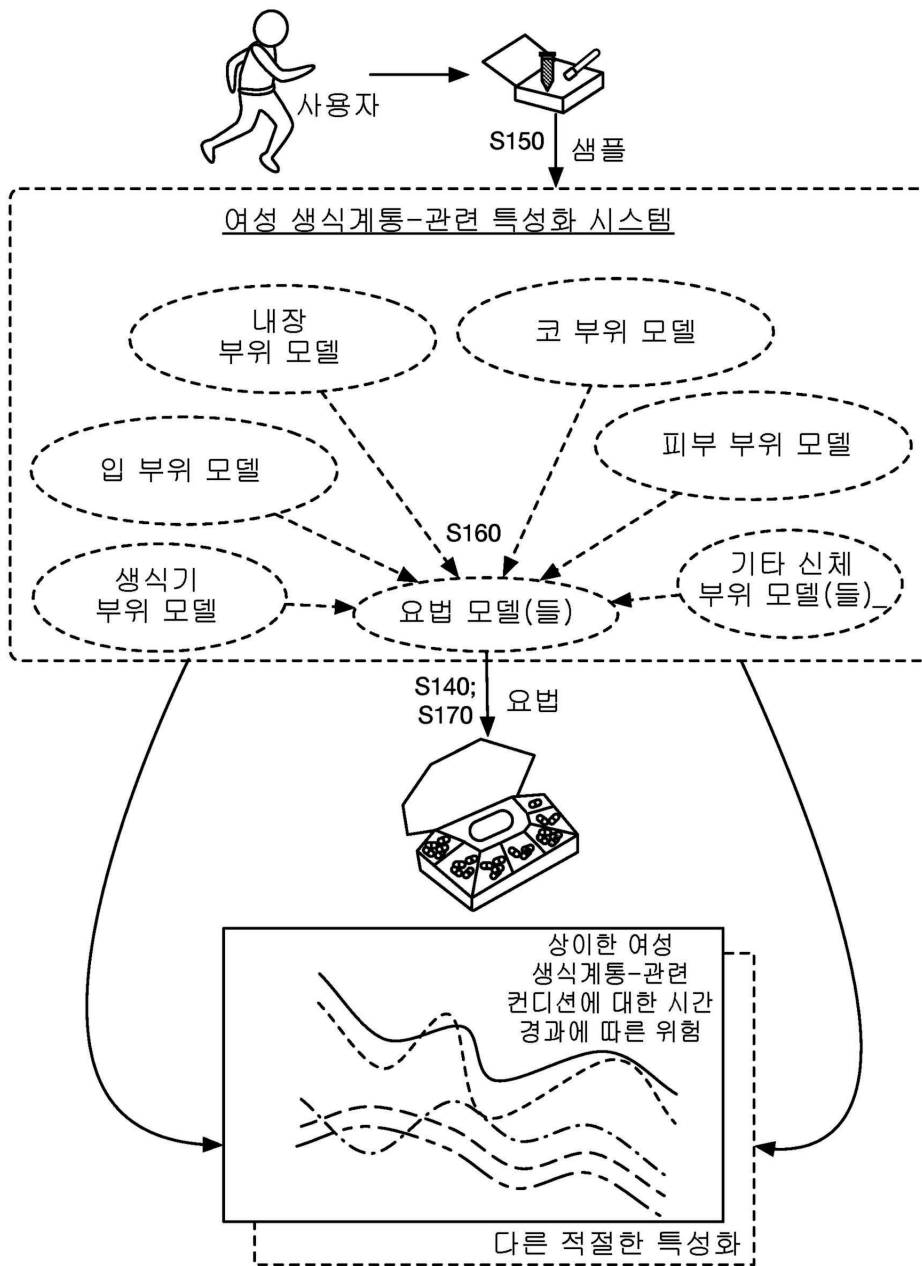
도면23



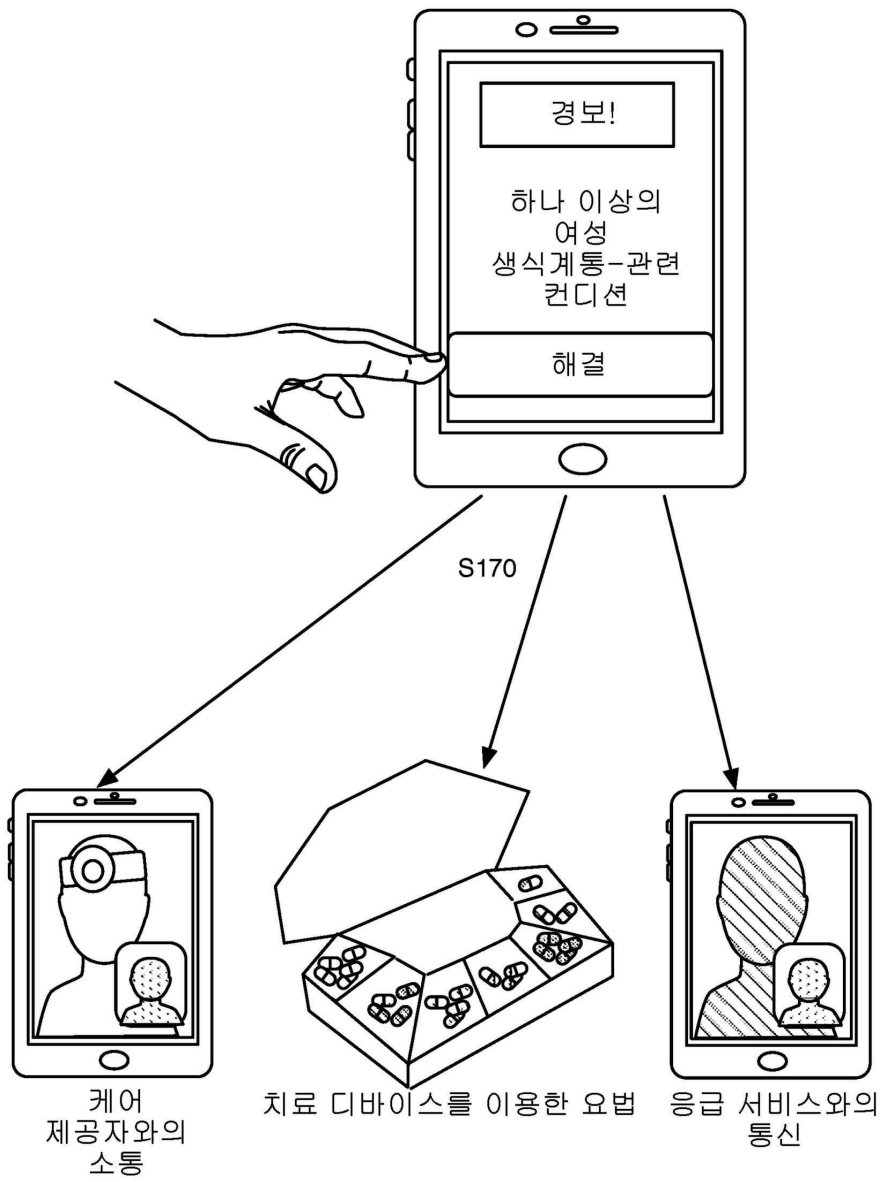
도면24a



도면24b



도면25



도면26a

SmartJane™ 샘플 리포트

리포트 #94872664
리포트 타입 최종

환자		주문		샘플	
성명	Jane Doe	리포트 일자	2018년 4월 27일	타입	스왑
DOB	1984년 2월 21일	공급자	Steve Doe	공급원	질
나이	34	공급자 NPI	1394214521	수집	2018년 4월 10일
성별	여성	주문 일자	2018년 4월 5일	수신	2018년 4월 13일
환자 ID	430AB9N4321KD				

본 시험에 관하여

본 시험에 의한 미생물 검출은 질병 상태의 진단을 의미하지 않는다. 마찬가지로, 검출의 부재는 질병-유발 미생물의 존재 또는 질병 상태의 진단을 배제하지 않는다. SmartJane 시험은 보통의 Pap 스미어를 포함하여 당신의 의사와의 통상적인 검사를 대체하려는 것은 아니다.

본 시험의 결과 및 해석

당신의 SmartJane 스크리닝 시험 결과는 당신의 샘플이 **고-위험 HPV**에 대해 **음성**이고 **저-위험 HPV**에 대해 **음성**인 것을 나타낸다. 그러나, 통상적인 검사와 관련하여 당신의 의사의 조언에 계속해서 따르세요.

SmartJane 시험에서 4 STIs 중 1에 대해 양성으로 시험된 당신의 샘플: **Mycoplasma genitalium**. 당신의 샘플은 **Chlamydia**, **Gonorrhea** 및 **Syphilis**에 대해 음성으로 시험되었음. 가능한 빨리 당신의 의사와 상담하세요.

인유두종 바이러스(HPV)									
<p>고-위험 HPV ● 음성</p> <p>고-위험 타입의 인유두종 바이러스(HPV)는 자궁경부암과 관련된 HPV의 타입이다. 시험된 당신의 샘플은 SmartJane 시험에서 14개의 고-위험 HPV 타입에 대해 음성이다.</p> <table border="1"> <tr> <td>고-위험 HPV 타입</td> <td>16 18 31 33 35 39 45 51 52 56 58 59 66 68</td> </tr> <tr> <td>고-위험 HPV 결과</td> <td>○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○</td> </tr> </table>	고-위험 HPV 타입	16 18 31 33 35 39 45 51 52 56 58 59 66 68	고-위험 HPV 결과	○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○	<p>저-위험 HPV ● 음성</p> <p>저-위험 타입의 HPV는 자궁경부암과 관련되지 않으나, 생식기 혹을 유발할 수 있다. 시험된 당신의 샘플은 SmartJane 시험에서 5개의 저-위험 HPV 타입에 대해 음성이다.</p> <table border="1"> <tr> <td>저-위험 HPV 타입</td> <td>6 11 42 43 44</td> </tr> <tr> <td>저-위험 HPV 결과</td> <td>○ ○ ○ ○ ○</td> </tr> </table>	저-위험 HPV 타입	6 11 42 43 44	저-위험 HPV 결과	○ ○ ○ ○ ○
고-위험 HPV 타입	16 18 31 33 35 39 45 51 52 56 58 59 66 68								
고-위험 HPV 결과	○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○ ○								
저-위험 HPV 타입	6 11 42 43 44								
저-위험 HPV 결과	○ ○ ○ ○ ○								

성적 접촉 감염(STIs)	
<i>Chlamydia trachomatis</i> (Chlamydia)	● 음성
<i>Mycoplasma genitalium</i>	● 양성
<i>Neisseria gonorrhoeae</i> (Gonorrhea)	● 음성
<i>Treponema pallidum</i> (Syphilis)	● 음성

도면26b

SmartJane™ 샘플 리포트

환자 Jane Doe
DOE 1984년 2월 21일

질 마이크로바이옴의 건강 컨디션

다음 페이지에서 당신은 당신의 질 마이크로바이옴이 어떻게 10개의 상이한 건강한 컨디션에 포함되는지에 관한 정보를 발견할 것이다. 당신의 마이크로바이옴 내의 유기체가 건강한 범위를 넘어서는 경우에, 그 컨디션은 과학 문헌에 기초할 가능성이 크다. 일부 유기체는 다른 것들 보다 컨디션에 보다 중요한 영향을 갖는다. 가능한 경우에, 각 컨디션에 대한 모든 결과는 "중요 지수(Significant Index)"에 요약되며, 여기서 각 유기체의 영향은 가중치화된다. 하기에서 당신은 3 카테고리에서 7개의 건강 컨디션에 대한 중요 지수를 발견할 것이다.

중요 지수

중요 지수는 주어진 건강 컨디션으로 발견된 모든 미생물 연관성을 단일 값으로 요약한, 당신의 결과에 관한 정보를 제공한다. 중요 지수는 자가-보고된 건강한 개체의 코호트를 이용하여 각 미생물에 대해 결정된 건강한 범위를 사용하여 계산된다. 결과는 건강한 컨디션과 상관적 및 역상관적인 것 모두인 과학 문헌으로부터 선택된 미생물을 포함한다.



중요 지수는 0 내지 100의 수치 값으로 표현된다. 중요 지수가 낮을수록 당신의 마이크로바이옴은 건강한 범위를 벗어나는 보다 낮은 수의 미생물을 갖는 것을 나타내며, 반면에 중요 지수가 높을수록 당신의 마이크로바이옴은 건강한 범위를 벗어나는 보다 증가된 수의 미생물을 갖는 것을 나타낸다.

중요 지수는 특정 질병 발달의 가능성을 예측하지 않으며, 또한 이는 특정 질병에 대한 예측을 의미하지 않는다. 본 시험에 의한 미생물의 검출은 진단을 의미하지 않는다. 마찬가지로, 검출의 부재는 질병-유발 미생물의 존재 또는 질병의 진단을 배제하지 않는다. 본 리포트에 제공된 결과를 해석하기 위해 당신의 건강 케어 제공자와 상담하세요.

STI 관련 컨디션	
컨디션	중요 지수
골반 염증 질환	33
불임	33

질내 균총 이상 관련 컨디션	
컨디션	중요 지수
박테리아성 질증	14
효기성 질염	0

도면26c

SmartJane™ 샘플 리포트

환자 Jane Doe
DOE 1984년 2월 21일

HPV 관련 컨디션

당신의 질내 인유두종 바이러스(HPV)의 특정 스트레인의 존재는, 생식기 혹은 내지 자궁경부암의 발달까지 독특한 병소 또는 병리학을 유발할 수 있다. HPV 감염은 흔하며, 종종 추가 합병증없이 스스로 해결된다. 그러나, 만일 당신이 양성 결과를 갖는다면, 후속 조치를 위해 의학 전문가와 상담하세요. 다른 질 미생물이 또한 HPV 감염에 대해 당신의 신체 반응에 어떠한 영향을 줄 수 있다.

인유두종 바이러스 감염			
관련성	유기체	결과	범위 외
	고-위험 HPV [3-6]	● 음성	
	저-위험 HPV [2,4-6]	● 음성	
상관	<i>Gardnerella</i> [7]	● 정상	
	<i>Gardnerella vaginalis</i> [8]	● 정상	
	<i>Sneathia</i> [9]	● 정상	
역상관	<i>Fusobacterium nucleatum</i> [10]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Lactobacillus iners</i> [9]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음

자궁경부암			
관련성	유기체	결과	범위 외
	고-위험 HPV [11-19]	● 음성	

편평상피내 병태(고 및 저-등급)			
관련성	유기체	결과	범위 외
	고-위험 HPV [18,20-23]	● 음성	

생식기 흑			
관련성	유기체	결과	범위 외
	저-위험 HPV [5,24-29]	● 음성	

도면26d

SmartJane™ 샘플 리포트

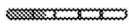
환자 Jane Doe
DOE 1984년 2월 21일

STI 관련 컨디션

특정 미생물의 존재는 활성적인 성적 접촉 감염(STI)을 유발할 수 있으며, 또한 자궁경부 염증(자궁경부염), 골반 염증(골반 염증 질환) 및 불임과 관련될 수 있다. 당신의 샘플에서 양성 결과는 진단이 아니며, 마찬가지로, 음성 결과는 질병의 가능성을 배제하지 않는다. 후속 조치를 위해 의학 전문가와 상담하세요.

관련성	유기체	결과	범위 외
상관	<i>Chlamydia trachomatis</i> [30-32]	● 음성	
	<i>Mycoplasma genitalium</i> [33]	● 양성	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> [34,35]	● 음성	
	<i>Treponema pallidum</i> [36]	● 음성	

관련성	유기체	결과	범위 외
상관	High-risk HPV [37]	● 음성	
	<i>Chlamydia trachomatis</i> [38]	● 음성	
	<i>Mycoplasma genitalium</i> [37]	● 양성	▲ 컨디션 가능성이 높음
역상관	<i>Lactobacillus</i> [39]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음

관련성	유기체	결과	범위 외
중요 지수  33			
상관	<i>Chlamydia trachomatis</i> [40-42]	● 음성	
	<i>Mycoplasma genitalium</i> [44,47]	● 양성	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> [40,42,45]	● 음성	

관련성	유기체	결과	범위 외
중요 지수  33			
상관	<i>Chlamydia trachomatis</i> [40]	● 음성	
	<i>Mycoplasma genitalium</i> [41]	● 양성	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> [40]	● 음성	

도면26e

SmartJane™ 샘플 리포트

환자 Jane Doe
DOE 1984년 2월 21일

질내 균총 이상 관련 컨디션

질내 균총 이상은 당신의 질에 보통 존재하는 호기성 및 혐기성 미생물 중 불균형을 나타내는 용어이다. 질내 균총 이상은 활성적인 임상적 증상을 가지거나 갖지 않을 수 있다. 이러한 결과에 관한 후속 조치를 위해 의학 전문가와 상담하세요.

박테리아성 질염		중요 지수	14
관련성	유기체	결과	범위 외
상관	<i>Aerococcus</i> [48,49]	● 정상	
	<i>Aerococcus christensenii</i> [50]	● 정상	
	<i>Atopobium</i> [48,53]	● 정상	
	<i>Atopobium vaginae</i> [49,50,52]	● 정상	
	<i>Dialister microaerophilus</i> [50,53]	● 정상	
	<i>Gardnerella</i> [48]	● 정상	
	<i>Gardnerella vaginalis</i> [49-51,54]	● 정상	
	<i>Gemella</i> [48,53]	● 정상	
	<i>Megasphaera</i> [49-50]	● 정상	
	<i>Mobiluncus curtisii</i> [55,56]	● 정상	
	<i>Paillibacter</i> [49]	● 정상	
	<i>Parvimonas</i> [48]	● 정상	
	<i>Peptoniphilus</i> [48]	● 정상	
	<i>Peptostreptococcus</i> [48,54]	● 정상	
	<i>Porphyromonas</i> [48]	● 정상	
	<i>Prevotella</i> [48-50,52,54]	● 정상	
	<i>Prevotella amnii</i> [50,57]	● 정상	
	<i>Prevotella timonensis</i> [50,53]	● 정상	
<i>Sneathia</i> [48,50]	● 정상		

도면26f

SmartJane™ 샘플 리포트

환자 Jane Doe
DOE 1984년 2월 21일

질 불균형(계속)

박테리아성 질염			중요 지수
관련성	유기체	결과	범위 외
역상관	<i>Lactobacillus</i> [49,50]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Lactobacillus iners</i> [48,50]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음
	<i>Lactobacillus jensenii</i> [48,50,58]	● 낮음	▲ 컨디션 가능성이 높음

호기성 질염			중요 지수
관련성	유기체	결과	범위 외
상관	<i>Gardnerella vaginalis</i> [59]	● 정상	
	<i>Staphylococcus aureus</i> [59,60]	● 정상	
	<i>Streptococcus agalactiae</i> [59]	● 정상	