破解疟疾传播路径之谜

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/28743.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

破解疟疾传播路径之谜

。疟疾是世界上最致命的传染病之一。尽管人们作出了巨大的控制和努力，全球仍有近一半的人口生活在有感染疟疾风险的地区。据世界卫生组织最新估计，疟疾每年导致近2.5亿人感染，60多万人死亡。

鲜为人知的是，除了对现代人类造成巨大影响之外，疟疾还强烈地影响了人类的进化史。

马克斯·普朗克—哈佛研究中心（MPI-EVA）研究员梅根·米歇尔表示，疟疾的“痕迹”已经写在了人类的基因组中，其导致镰状细胞病等毁灭性血液疾病的基因变异，在人类群体中持续存在，因为它们“赋予”了对疟疾感染的部分抵抗力。

尽管人们已经研究疟疾这么多年，但两种最致命的疟原虫——恶性疟原虫和间日疟原虫的起源和传播一直是个谜。同时，因为疟疾感染不会在人类骨骼遗骸中留下清晰可见的痕迹，历史文献中的记载也难以解读。

现在，古DNA领域的一项最新进展表明，人类牙齿可保存死亡时血液中存在的病原体痕迹，这为研究考古记录中通常看不见的疾病提供了机会。

为了探索疟疾的神秘历史并根除这一疾病，来自80个机构和21个国家的国际研究团队重建了36名疟疾感染者的古代疟原虫基因组数据。这些数据横跨了5500年的人类历史。近期发表在《自然》杂志上的研究成果，为研究疟疾在世界范围内的传播及其在全球、地区甚至个人层面的历史影响提供了前所未有的机会。

追踪美洲疟原虫遗传足迹

疟疾是当今美洲热带地区的地方病。长期以来，科学家一直在争论疟原虫进入美洲的传播路径。

研究团队这次分析了一名感染疟疾的个体的古代DNA。该个体来自莫米亚斯湖，位于秘鲁安第斯山脉东部偏远的云雾林中。

基因组分析显示，莫米亚斯湖的间日疟原虫菌株，与古代欧洲的间日疟原虫菌株有着惊人的相似性，研究结果表明欧洲殖民者在到达美洲后大约一个世纪内就将该物种传播到了那里。由于战争、奴役和人口流离失所的影响，包括疟疾在内的传染病在殖民时期摧毁了美洲原住民，在一些地方死亡率高达90%。

值得注意的是，该团队还发现了莫米亚斯湖菌株与400年至500年后现代秘鲁间日疟原虫种群之间的遗传联系。数据表明：病原体在此蓬勃发展并建立了“地方性疫源地”，产生了至今仍在感染秘鲁人的寄生虫。

贸易导致高海拔出现感染

在世界的另一端，研究团队意外地在喜马拉雅高地乔科帕尼遗址（约公元前800年）发现了已知最早的恶性疟原虫疟疾病例。该遗址位于尼泊尔卡利甘达基河谷沿岸，海拔2800米，按道理讲，这已远远超出了疟原虫和按蚊的栖息地范围。

“这一地区寒冷干燥。”哈佛大学人类学副教授、MPI-EVA团队领导克里斯蒂娜·沃里纳称，“寄生虫和传播疟疾的蚊子都无法在这种海拔高度生存。这带来一个关键问题：这名乔科帕尼人是如何感染疟疾并最终导致其死亡的？”

基因分析显示这名感染者是当地男性，具有适应高海拔生活的基因。与此同时，考古证据表明，当地居民会积极参与长途贸易。

“我们今天认为这些地区偏远且难以到达，但事实上，卡利甘达基河谷是一条横跨喜马拉雅的公路。”美国加州大学默塞德分校教授马克·阿尔登德弗说，他在该地区的发掘，揭示了当地的长途贸易，“不必走很远，人们就能到达尼泊尔和印度特莱平原的低洼、排水不畅的地区，那里正是疟疾流行的地区。”

研究认为，这名男子出于贸易或其他目的前往海拔较低的疟疾流行地区，然后返回或被带回乔科帕尼，随后被埋葬在那里。古代DNA揭示的详细情况，首次为疟疾等传染病在过去传播的无数方式提供了线索，这也是当前疾病格局的形成基础。

古DNA重建成抗病新工具

如今，人类与疟疾的抗争正处在十字路口。得益于蚊虫控制方面的进步和协调一致的公共卫生运动，疟疾死亡人数在2010年代创下历史新低。然而，抗疟药物耐药性寄生虫和杀虫剂耐药性媒介的出现，有可能逆转数十年来取得的进展，而气候变化和环境破坏，也会使新的地区容易受到疟疾媒介物种的攻击。研究团队希望，古代DNA重建的成果可为对抗甚至根除这种公共卫生威胁提供额外工具。

“这是我们首次能够探索古代寄生虫的多样性。”马克斯·普朗克进化人类学研究所考古遗传学主任约翰内斯·克劳斯说，“我们看到了过去人口流动如何传播疟疾，就像全球化使无疟疾国家和地区今天容易再次引入疟疾一样。研究疟疾等古代疾病，将为理解这些今天还在影响着世界的微生物提供一个新窗口。”

作者：张梦然，朱一格 来源：科技日报

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

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发