



昆明动物所等在麻风遗传易感性研究方面取得新进展

文章来源：昆明动物研究所

发布时间：2012-06-21

【字号：小 中 大】

麻风 (Leprosy) 是由麻风分枝杆菌 (*Mycobacterium leprae*) 感染引起的一种慢性传染病。人类是麻风分枝杆菌的天然宿主。患者通常会出现肢端残疾、畸形、失明甚至毁容等症状，饱受社会的歧视。虽然麻风早在两千多年前或更早就已在我国和世界其他地区流行，这一古老疾病的病因直到19世纪60年代才开始被认识，具体的致病机理至今尚未阐明。

近年来对麻风的研究发现：麻风的发生与个体的遗传背景以及免疫状态有关，接触到麻风分枝杆菌的个体只有少部分发病。另外，虽然麻风是世界范围内流行的古老疾病，但不同地区患者体内分离得到的麻风分枝杆菌菌株的基因组变异极少，与其同属的结核分枝杆菌 (*M. tuberculosis*) 相比，在进化过程中麻风分枝杆菌丢失了大量与能量代谢相关基因。这些基因功能丧失导致麻风分枝杆菌对宿主产生严重的生存依赖性，这同时也可解释宿主因能量供应和代谢方面的差异而表现出对麻风分枝杆菌的不同易感性和抵抗力，如麻风患者多来自贫穷和不发达地区，营养低下会影响麻风杆菌的易感。麻风发病过程中存在机体免疫系统和神经系统紊乱和病变，这些复杂的临床表型的遗传基础和免疫病理学机制是近年来研究的热点。

云南省是我国麻风重灾区，具有流行时间长，发病率高，流行范围广等特点，目前仍有数十个县尚未达到基本消灭麻风病的目标。中国科学院昆明动物研究所姚永刚课题组与昆明医学院第一附属医院皮肤科李玉叶副主任医师及玉溪市疾病预防控制中心李孝安医师合作，针对云南玉溪地区麻风流行和遗传易感性开展研究工作，为更好地认识麻风遗传易感性和积极防治提供了相关理论依据。前期，他们总结了玉溪地区57年 (1952-2008) 来麻风流行情况，并对近年来麻风流行趋势新动向进行了归纳 (*Leprosy Review*, 2011, 82: 6-16)。

针对麻风分枝杆菌丢失大量能量代谢相关基因和对宿主严重的生存依赖性，昆明动物所博士研究生王东在姚永刚研究员的指导下，推测认为宿主细胞“能量工厂”线粒体的差异可能影响麻风分枝杆菌的感染。通过对玉溪地区麻风患者和正常对照个体线粒体DNA (mtDNA) 遗传背景的分析，发现mtDNA遗传背景不影响麻风发病，但瘤型麻风患者中具有更高的mtDNA拷贝数，提示线粒体在麻风发病过程中具有一定的作用。该研究工作近期发表在 *PLoS ONE* 期刊 (2012, 7: e38848; [论文链接](#))。

此外，他们对近期文献报道的与麻风相关的MRC1和IFNG基因进行了基因分型，在所研究的来自玉溪地区的527例麻风病人和583例对照人群中，没有验证到前人报道的MRC1基因 (rs1926736, p.G396S) 和IFNG基因 (rs2430561, +874 T>A) 的易感位点，但他们在这两个基因上发现其他的易感位点。分析结果显示，MRC1基因的rs692527和rs34856358位点变异与少菌型麻风显著相关，IFNG基因rs3138557位点变异与多菌型麻风显著相关。该结果支持MRC1和IFNG基因是麻风的易感基因，但提示不同人群的易感遗传变异存在差异。这一研究结果近期发表在国际期刊 *Human Genetics* (2012, 131: 1251-1260; [论文链接](#))。

这两项研究结果对人们进一步了解麻风的遗传易感性提供了新证据，也为其它传染性疾病的研究提供了一定的参考。

本研究得到云南省、科技部、基金委和中科院的资助。

[打印本页](#)
[关闭本页](#)