

La lepra existía en América mucho antes de la llegada de los europeos: un nuevo estudio rastrea los orígenes antiguos y la diversidad actual de un patógeno desatendido

Durante mucho tiempo se creyó que la lepra era una enfermedad infecciosa introducida en América por los colonizadores europeos. Sin embargo, su historia en el continente podría ser mucho más antigua –y más compleja– de lo que se pensaba. Un nuevo estudio internacional publicado en *Science* revela que *Mycobacterium lepromatosis*, una bacteria descubierta recientemente que causa lepra, ha estado infectando a humanos en América desde hace al menos 1000 años, es decir, siglos antes del contacto europeo.

Liderado por investigadores del Institut Pasteur (Francia) y la Universidad de Colorado (Estados Unidos), y con la participación de más de 40 científicos de instituciones de América y Europa, el estudio analizó cerca de 800 muestras, incluyendo restos antiguos de ancestros indígenas y casos clínicos actuales. Los resultados confirman que *M. lepromatosis* ya estaba ampliamente distribuida, desde América del Norte hasta América del Sur, mucho antes de la colonización, y arrojan nueva luz sobre las cepas que circulan en la actualidad.

“Este descubrimiento cambia por completo nuestra comprensión de la historia de la lepra

en América”, señaló la autora principal, la Dra. María Lopopolo del Institut Pasteur. “Demuestra que la enfermedad ya estaba presente entre las poblaciones indígenas durante siglos antes del contacto europeo, y que evolucionó dentro del continente”.

Una investigación a escala continental

El equipo realizó el estudio más amplio hasta la fecha sobre este patógeno, analizando restos óseos antiguos de diferentes regiones y muestras clínicas de cinco países: México, Estados Unidos, Brasil, Paraguay y Guayana Francesa. La mayoría de los casos positivos fueron detectados en México y Estados Unidos, lo que probablemente refleja una combinación entre una mayor presencia del patógeno en esas regiones y un muestreo más intensivo en esos países.

De manera sorprendente, se identificaron tres individuos antiguos –uno en lo que hoy es Canadá y dos en Argentina– que estaban infectados con *M. lepromatosis* hace aproximadamente 1000 años. Aunque separados por más de 10,000 kilómetros, sus infecciones ocurrieron en un periodo relativamente cercano y sus cepas son genéticamente las más cercanas, lo que sugiere que la bacteria se había dispersado ampliamente por el continente en solo unos siglos. Aún se desconoce si esta rápida dispersión fue facilitada por humanos –por ejemplo, mediante redes de intercambio y contacto– o por animales, quizás

mamíferos marinos (dada la cercanía a la costa de los ancestros infectados) u otras especies de gran movilidad.

¿De América a las ardillas rojas de las Islas Británicas?

En 2016, un estudio publicado también en *Science* por la Dra. Charlotte Avanzi –también coautora del nuevo artículo– demostró que ardillas rojas del Reino Unido e Irlanda estaban infectadas con *Mycobacterium lepromatosis*. En ese momento, se desconocía cómo había llegado esta bacteria a esos animales. El nuevo estudio retoma y amplía esa investigación, y ahora sugiere que dichas infecciones zoonóticas probablemente se originaron a partir de cepas introducidas desde América. Los análisis genéticos muestran que las cepas actualmente conocidas en ardillas comenzaron a diversificarse en las Islas Británicas durante o después del siglo XIX, lo que apunta a una introducción única y relativamente reciente del patógeno, seguida de una expansión local entre los animales. Estos hallazgos revelan una historia de transmisión intercontinental mucho más compleja de lo que se creía, y plantean la posibilidad de que este patógeno, endémico desde hace mucho tiempo en América, esté comenzando a emerger en nuevas regiones geográficas.

Una historia evolutiva profunda que continúa hasta hoy

Uno de los descubrimientos más sorprendentes del estudio fue el hallazgo de un linaje profundamente divergente de *M. lepromatosis*, denominado NHDP-LPM-9/6, que aún infecta a personas en Estados Unidos. Este linaje se diferencia de todas las demás cepas conocidas por una cantidad significativamente mayor de mutaciones y se estima que se habría separado del resto hace más de 9000 años. Esto revela que existen múltiples linajes que han evolucionado

de forma independiente y que siguen activos en América del Norte. “Que los humanos hoy en día se infecten con linajes tan diferenciados, que divergieron hace tantos milenios es sorprendente”, comentó la Dra. Avanzi, quien lideró la parte moderna del análisis genómico. “Esto indica que el patógeno tiene una historia mucho más profunda y compleja de lo que imaginábamos, y que podrían existir reservorios animales aún desconocidos”.

El estudio también identificó un grupo dominante en la actualidad –denominado clado dominante actual (PDDC, por sus siglas en inglés)– formado por cepas casi idénticas que representan dos tercios de la diversidad genética moderna conocida. Las estimaciones del artículo indican que este grupo se habría expandido tras la colonización europea, posiblemente como consecuencia de los grandes cambios sociales, ecológicos y demográficos ocurridos en ese periodo.

Reescribiendo la historia médica de América

Esta investigación no sólo transforma lo que sabemos sobre el origen de la lepra, sino que contribuye a responder una pregunta más amplia y largamente debatida: ¿qué enfermedades infecciosas existían en América antes de 1492? Durante siglos, tanto la comunidad científica como los pueblos indígenas han buscado comprender cómo las enfermedades moldearon la vida humana en este continente antes del contacto europeo. Este estudio aporta una nueva pieza a ese complejo rompecabezas.

Ética y colaboración indígena

Este proyecto se llevó a cabo en estrecha colaboración con comunidades indígenas de América del Norte y del Sur, quienes participaron activamente o fueron informadas a lo largo del proyecto. Los datos genéticos generados en este estudio fueron puestos a disposición de las comunidades descendientes mediante platafor-

mas éticas de intercambio de datos o restituidos cuando así fue solicitado.

“Pedimos amablemente a periodistas y medios de comunicación que no sólo destaquen los aspectos científicos de este descubrimiento, sino que también incluyan activamente las voces de las comunidades indígenas involucradas”, señaló el autor sénior Dr. Nicolás Rascovan del Institut Pasteur. “Estamos disponibles para facilitar estos contactos y podemos proporcionar información directa de las comunidades en Canadá y Argentina que generosamente apoyaron esta investigación y que están dispuestas a compartir su visión del estudio”.

Contacto de prensa:**Autores principales:**

- Nicolás Rascovan, PhD, HDR
Responsable de la Unidad de Paleogenómica Microbiana
Departamento de Genomas y Genética
CNRS UMR 2000 – Institut Pasteur
25-28 rue du Dr Roux, 75724 París CEDEX
15, Francia
Teléfono: +33 1 86 46 72 72
X / Bluesky: @NRascovan
nicolas.rascovan@pasteur.fr
- Maria Lopopolo, Ph.D
- Charlotte Avanzi, Ph.D.