hoyxhoy
hoyxhoy.cl

Fecha: 02/06/2025 Audiencia: 0 Sección: SOCIEDAD
Vpe: $256.911 Tirada: 0 Frecuencia: 0
Vpe pág: $475.850 Difusión: 0
Vpe portada: $475.850 Ocupación: 53,99%

¿Fin de un mito? La lepra estaba en América antes de los europeos

Investigación al ADN antiguo descubrió que la enfermedad estaba presente al menos mil años antes de lo previsto.

Agencia EFE

Los últimos avances en análisis de ADN antiguo obligan, en ocasiones, a reescribir la Historia: un estudio acaba de desmontar que los europeos llevaran la lepra a América al hallar muestras genéticas de individuos de Argentina y Canadá que padecieron esta enfermedad siglos antes de la llegada europea.

La lepra es una enfermedad que sigue afectando a miles de personas en el mundo, con 200 mil casos anuales. Hasta 2008 se pensaba que la bacteria 'Mycobacterium leprae' era la única responsable, pero ese año se halló otra especie que también la provocaba, 'Mycobacterium lepromatosis', identificada en un paciente mexicano en Estados Unidos y, posteriormente, en ardillas rojas en Reino Unido en 2016.

Ahora, un estudio realizado por científicos del Instituto Pasteur, el centro nacional de investigaciones científicas francés (CNRS) y la Universidad de Colorado (EE.UU.), en colaboración con comunidades indígenas y más de 40 investigadores, incluidos arqueólogos, cuenta que fue esta bacteria hallada en 2008 la responsable de los primeros contagios en América siglos antes de que llegaran los europeos.

> "Este estudio ilustra cómo el ADN antiguo y moderno puede reescribir la historia de un patógeno."
>
> **NICOLÁS RASCOVAN**
> **INSTITUTO PASTEUR**

El estudio, descrito en Science, analizó ADN de cerca de 800 muestras, entre restos humanos antiguos (procedentes de excavaciones arqueológicas) y casos clínicos recientes que presentaban síntomas de lepra.

"Este descubrimiento transforma nuestra comprensión de la historia de la lepra en América al demostrar que había una versión de la enfermedad que ya era endémica entre poblaciones nativas antes de la llegada de los europeos", señala una de las autoras Maria Lopopolo, investigadora del Laboratorio de Paleogenómica Microbiana del Instituto Pasteur.

Los investigadores utilizaron técnicas genéticas avanzadas para reconstruir los genomas de la 'Mycobacterium leprae' de individuos hallados en Canadá y Argentina.

Las cepas antiguas de la bacteria, que datan de periodos similares en los dos casos (hace unos mil años), eran muy similares desde el punto de vista genético a pesar de la distancia. Y, para los investigadores, es un indicativo de que el patógeno se propagó rápidamente por todo el continente americano en solo unos siglos.

SHUTTERSTOCK

Anualmente se contagian unos 200 mil personas con esta enfermedad.

Los científicos también identificaron varios linajes nuevos de la bacteria, incluida una rama ancestral que, a pesar de haber variado de especies conocidas hace más de 9.000 años, sigue infectando a los humanos hoy día en Norteamérica, lo que hablaría de una diversificación antigua y duradera de la bacteria en el continente.

Los análisis ponen de manifiesto que las cepas halladas en ardillas rojas en el Reino Unido en 2016 forman parte de un linaje estadounidense que se introdujo en las Islas Británicas en el siglo XIX, donde posteriormente se habría propagado.

"Este estudio ilustra cómo el ADN antiguo y moderno puede reescribir la historia de un patógeno humano y ayudarnos a comprender mejor la epidemiología de las enfermedades infecciosas contemporáneas", señala otro de los autores, Nicolás Rascovan, también en el Instituto Pasteur.

Los investigadores subrayan que este proyecto de investigación se ha llevado a cabo en estrecha colaboración con las comunidades indígenas, que participaron en las decisiones relativas al uso de los restos ancestrales y la interpretación de los resultados.

El ADN antiguo y los materiales restantes se devolvieron cuando se solicitaron, y los datos generados se compartieron a través de plataformas éticas y adaptables diseñadas para permitir un intercambio de datos que satisfaga las expectativas específicas de cada comunidad.