

Communiqué de **presse**


Révélation sur l'histoire de la lèpre en Amérique

Dent archéologique provenant de restes humains d'Amérique du Sud. À partir de ce type d'échantillons, les techniques d'ADN ancien permettent de reconstituer des génomes humains et de pathogènes du passé. Et, Wiphala, drapeau qui représente des communautés autochtones d'Amérique du Sud.
© Nicolas Rascovan, Institut Pasteur

La lèpre existait en Amérique bien avant l'arrivée des Européens : une nouvelle étude révèle les origines anciennes d'un pathogène négligé

Longtemps considérée comme une maladie introduite en Amérique par les colonisateurs européens, la lèpre pourrait en réalité avoir une histoire beaucoup plus ancienne sur le continent américain. Des scientifiques de l'Institut Pasteur, du CNRS et de l'Université du Colorado (Etats-Unis), en collaboration avec diverses institutions d'Amérique et d'Europe, révèlent qu'une deuxième espèce de bactérie responsable de la lèpre récemment identifiée, *Mycobacterium lepromatosis*, infecte les humains en Amérique depuis au moins 1 000 ans, soit plusieurs siècles avant l'arrivée des Européens. Ces travaux sont publiés dans la revue [Science](#) le 29 mai 2025.

La lèpre est une maladie négligée, causée principalement par la bactérie *Mycobacterium leprae*, qui touche environ 200 000 personnes par an. Bien que *M. leprae* en soit encore la cause principale, cette étude s'est intéressée à une autre espèce, *Mycobacterium lepromatosis*, découverte en 2008 aux Etats-Unis chez un patient, puis en 2016 chez des écureuils roux dans les îles Britanniques.

Dirigée par des scientifiques du laboratoire de Paléogénomique microbienne de l'Institut Pasteur, associés aussi au CNRS, et de l'Université du Colorado, en collaboration avec des communautés autochtones et plus de 40 scientifiques d'institutions internationales dont des archéologues, cette

étude a analysé l'ADN de près de 800 échantillons, incluant des restes humains anciens (issus de fouilles archéologiques) et des cas cliniques récents présentant des symptômes de la lèpre. Les résultats confirment que *M. lepromatosis* était déjà largement répandue en Amérique du Nord et du Sud bien avant la colonisation européenne et permettent de mieux comprendre la diversité génétique actuelle des pathogènes du genre *Mycobacterium*.

« Cette découverte transforme notre compréhension de l'histoire de la lèpre en Amérique », a déclaré la Dre Maria Lopopolo, première auteure de l'étude et chercheuse au sein du laboratoire de Paléogénomique microbienne à l'Institut Pasteur. « Elle montre qu'une forme de la maladie était déjà endémique parmi les populations autochtones bien avant l'arrivée des Européens. »

L'équipe a utilisé des techniques génétiques de pointe pour reconstruire les génomes de *M. lepromatosis* à partir d'individus anciens retrouvés au Canada et en Argentine. Malgré la distance géographique de plusieurs milliers de kilomètres, ces souches anciennes datant de périodes similaires (environ il y a 1 000 ans) se sont révélées étonnamment proches génétiquement. Bien qu'elles appartiennent à deux branches distinctes dans l'arbre évolutif du genre *Mycobacterium*, elles sont plus proches génétiquement l'une de l'autre que de toute autre souche connue. Cette proximité génétique, combinée à leur éloignement géographique, implique nécessairement une propagation rapide du pathogène à travers le continent, probablement en l'espace de quelques siècles seulement.

Les scientifiques ont également identifié plusieurs nouveaux lignages, dont un lignage ancestral apparu il y a plus de 9 000 ans, mais qui continue d'infecter des humains aujourd'hui en Amérique du Nord — une découverte qui suggère une diversification ancienne et durable sur le continent, ainsi qu'une diversité encore largement méconnue à explorer.

Fait notable, les analyses suggèrent également que les souches retrouvées chez les écureuils roux du Royaume-Uni en 2016 font partie d'une lignée américaine qui aurait été introduite dans les îles Britanniques au XIXe siècle, où elle s'est ensuite propagée. Cette découverte met en lumière la capacité récente du pathogène à franchir les continents, probablement par des échanges humains ou commerciaux.

« Nous ne faisons que commencer à découvrir la diversité et les mouvements globaux de ce pathogène récemment identifié. L'étude nous permet notamment d'émettre l'hypothèse qu'il pourrait exister des réservoirs animaux encore inconnus », a déclaré Nicolás Rascovan, auteur principal de l'étude et responsable du laboratoire de Paléogénomique microbienne à l'Institut Pasteur. « Cette étude illustre clairement comment l'ADN ancien et moderne peut réécrire l'histoire d'un pathogène humain et nous aider à mieux comprendre l'épidémiologie des maladies infectieuses contemporaines. »

Le projet s'est déroulé en étroite collaboration avec des communautés autochtones, qui ont été impliquées dans les décisions concernant l'utilisation des restes ancestraux et l'interprétation des résultats. L'ADN ancien et les matériaux restants ont été restitués lorsque cela a été demandé, et les données générées ont été partagées via des plateformes éthiques et modulables, conçues pour permettre un partage des données adaptable aux attentes spécifiques des communautés autochtones.



Illustration évoquant l'histoire de la lèpre en Amérique © Image generated by ChatGPT (OpenAI)

source

Uncovering pre-European contact leprosy in the Americas and its enduring persistence, [Science](#), 29 mai 2025

Maria Lopopolo^{1,2†}, Charlotte Avanzi^{3†}, Sebastian Duchene⁴, Pierre Luisi^{1,5,6,7}, Alida de Flamingh⁸, Gabriel Yaxal Ponce-Soto¹, Gaetan Tressieres^{1,9}, Sarah Neumeyer¹, Frederic Lemoine¹, Elizabeth A. Nelson^{1,§}, Miren Iraeta-Orbegozo¹⁰, Jerome S. Cybulski¹¹, Joycelynn Mitchell¹², Vilma T. Marks¹³, Linda B. Adams^{13\$}, John Lindo¹⁴, Michael DeGiorgio¹⁵, Nery Ortiz¹⁶, Carlos Wiens¹⁶, Juri Hiebert¹⁶, Alexandro Bonifaz¹⁷, Griselda Montes de Oca¹⁷, Vanessa Paredes-Solis¹⁸, Carlos Franco-Paredes^{3,19}, Lucio Vera-Cabrera²⁰, Jose G. Pereira Brunelli²¹, Mary Jackson³, John S. Spencer³, Claudio G. Salgado²², Xiang-Yang Han²³, Camron M. Pearce³, Alaine K. Warren³, Patricia S. Rosa²⁴, Amanda J. de Finardi²⁴, Andrea de F. F. Belone²⁴, Cynthia Ferreira^{25,26}, Philip N. Suffys²⁷, Amanda N. Brum Fontes^{27°}, Sidra E. G. Vasconcellos²⁷, Roxane Schaub^{28,29}, Pierre Couppie^{29,30}, Kinan Drak Alsibai³¹, Rigoberto Hernandez-Castro³², Mayra Silva Miranda³³, Iris Estrada-Garcia³⁴, Fermin Jurado-Santacruz³⁵, Ludovic Orlando⁹, Hannes Schroeder¹⁰, Lluís Quintana-Murci^{36,37}, Mariano Del Papa³⁸, Ramanuj Lahiri¹³, Ripan S. Malhi⁸, Simon Rasmussen³⁹, Nicolas Rascovan^{1*}

1 Institut Pasteur, Université Paris Cité, CNRS UMR 2000, Microbial Paleogenomics Unit, Paris, France

2 Université de Paris, INSERM, System Engineering and Evolution Dynamics, Paris, France.

3 Mycobacteria Research Laboratories, Colorado State University; Department of Microbiology, Immunology and Pathology, Fort Collins, Colorado, USA

4 Institut Pasteur, Université de Paris, Evolutionary dynamics of infectious diseases Unit, Paris, France

5 Instituto de Antropología de Córdoba (IDACOR), CONICET, Universidad Nacional de Córdoba, 5000 Córdoba, Argentina.

6 Departamento de Antropología, Facultad de Filosofía y Humanidades, Universidad Nacional de Córdoba, 5000 Córdoba, Argentina.

7 Programa de Referencia y Biobanco Genómico de la Población Argentina (PoblAr), Buenos Aires C1425FQD, Argentina

8 Center for Indigenous Science, Carl R. Woese Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Illinois, USA

9 Centre for Anthropobiology and Genomics of Toulouse, CNRS UMR5288, Université Paul Sabatier, Toulouse, France

10 The Globe Institute, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

11 Canadian Museum of History, Gatineau, Quebec, Canada

12 Metlakatla First Nation, Prince Rupert, British Columbia, Canada

13 United States Department of Health and Human Services, H 38 ealth Resources and Services Administration, Health Systems Bureau, National Hansen's Disease Program, Baton Rouge, LA, USA

14 Department of Anthropology, Emory University, Atlanta, Georgia, USA

15 Department of Electrical Engineering and Computer Science, Florida Atlantic University, Boca Raton, Florida, USA.

16 Mennonita K81 Hospital D.d.C. 166, Asuncion, Paraguay

17 Servicio de Dermatologia, Hospital General de Mexico "Dr. Eduardo Liceaga", Cd. Mexico, 06720, Mexico

18 Hospital General de Morelia Dr. Miguel Silva, Morelia, Mexico

19 Hospital Infantil de Mexico, Federico Gomez, Cd. Mexico, 06720, Mexico

20 Laboratorio Interdisciplinario de Investigacion Dermatologica, Servicio de Dermatologia, Hospital Universitario "Dr. Jose Eleuterio Gonzalez", Monterrey, Nuevo Leon, Mexico

21 Leprosy National Program, Ministry of Public Health and Social Welfare, Paraguay

22 Laboratorio de Dermato-Imunologia, Universidade Federal do Para, Marituba, Para, Brazil

23 Department of Laboratory Medicine, Division of Pathology/Lab Medicine, The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston, TX

24 Research Division, Instituto Lauro de Souza Lima, Bauru, Sao Paulo, Brazil

25 Laboratorio de Biologia Molecular, Fundacao Hospitalar Alfredo da Matta, Manaus, Am, Brazil

26 Programa de Pos-Graduacao em Medicina Tropical, Universidade do Estado do Amazonas, Manaus, Amazonas, Brazil

27 Instituto Oswaldo Cruz, Fundacao Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil

28 CIC Inserm 1424, Institut sante des populations en Amazonie, Centre Hospitalier de Cayenne, 97300 Cayenne, French Guiana

29 UMR Tropical Biome and Immuno-pathophysiology, Universite de Guyane, Cayenne, French Guiana

30 Department of Dermatology, Cayenne Hospital Centre, Cayenne, French Guiana

31 Department of Pathology and Centre of Biological Resources (CRB Amazonie), Cayenne Hospital Centre, Cayenne, French Guiana

32 Department of Ecology of Pathogens. General Hospital Dr. Manuel Gea Gonzalez, Tlalpan 14080, Mexico City, Mexico

33 CONAHCYT-Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias "Ismael Cosio Villegas". CDMX, Mexico

34 Depto. Inmunologia, Escuela Nacional de Ciencias Biologicas, IPN, CDMX, Mexico

35 Centro Dermatologico "Dr. Ladislao de la Pascua," Secretaria de Salud, Mexico City, Mexico

36 Institut Pasteur, Universite Paris Cite, CNRS UMR2000, Human Evolutionary Genetics Unit, Paris, France

37 Chair Human Genomics and Evolution, College de France, Paris, France

38 Division Antropologia Museo de Ciencias Naturales, FCNyM-UNLP, La Plata, Argentina

39 Novo Nordisk Foundation Center for Basic Metabolic Research, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen N, Denmark

°Current address: Department of Science and Technology (Decit), Secretariat of Science, Technology and Innovation and the Economic-Industrial Complex of Health (SECTICS), Brazilian Ministry of Health (MS), Brasilia, Brazil

§Current address: Department of Anthropology, Southern Methodist University, Dallas, Texas, USA

\$ retired

†These authors contributed equally to this work.

*Corresponding author.

contact

Service de presse de l'Institut Pasteur

MYRIAM REBEYROTTE 01 45 68 81 01

ANNE BURLET-PARENDEL 01 86 46 79 32

AURELIE PERTHUISON 01 45 68 89 28

presse@pasteur.fr