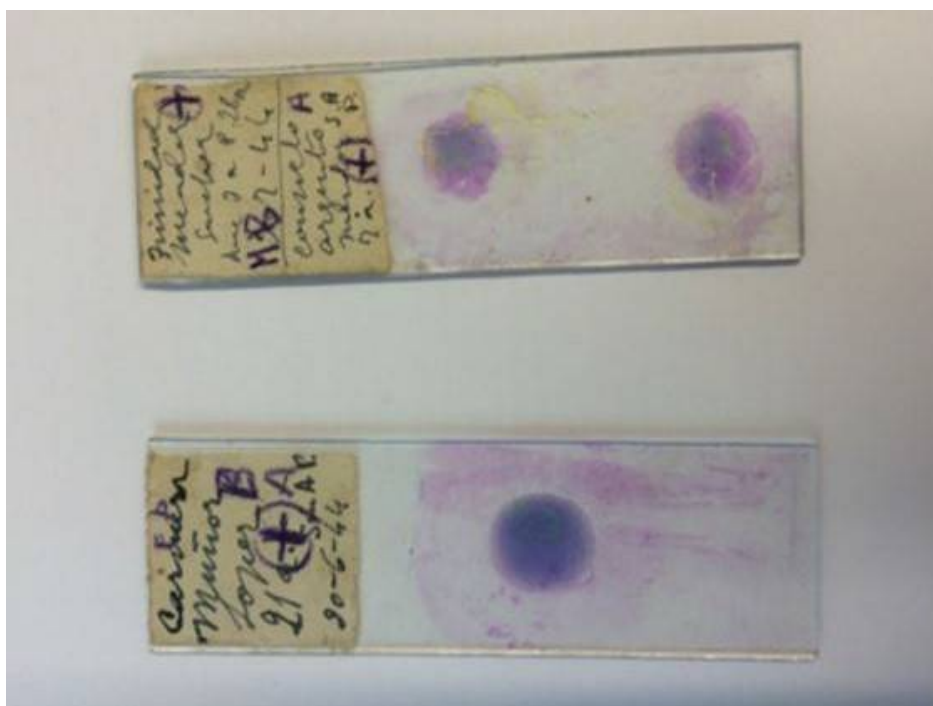


Así era la malaria erradicada hace más de 50 años en Europa

Un nuevo estudio ha logrado recuperar ADN de dos cepas de malaria a partir de muestras antiguas del Delta del Ebro. Los resultados permiten ver el origen de los parásitos causantes de la enfermedad que se erradicó de Europa a mediados del siglo XX, y ayudarán a conocer las mutaciones que las han hecho resistentes a múltiples medicamentos.

SINC

26/9/2016 21:00 CEST



Dos de las preparaciones antiguas empleadas en el estudio. / Pere Gelabert

Los parásitos *Plasmodium vivax* y *Plasmodium falciparum*, causantes principales de la malaria, fueron erradicados de Europa a mediados del siglo XX. Ahora, un estudio internacional ha conseguido recuperar por primera vez datos genéticos de las cepas europeas gracias a un conjunto de preparaciones de microscopio de los años 40 procedentes del Delta del Ebro, que contenían gotas de sangre de pacientes afectados de malaria.

El trabajo, liderado por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y realizado en colaboración con el Centre for GeoGenetics de

Dinamarca, ha sido publicado hoy en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

"El estudio sugiere que el patógeno fue introducido en el continente americano por colonizadores europeos después de Colón"

El análisis mediante secuenciación de segunda generación de tres de estas preparaciones ha permitido generar millones de secuencias de los parásitos causantes de la malaria y se ha podido reconstruir su genoma mitocondrial y compararlo con las cepas actuales en el resto de los continentes.

"La secuencia europea de *P. vivax* está estrechamente relacionada con la cepa más común encontrada hoy en día en Centro y Sudamérica, lo que sugiere que el patógeno fue introducido en este continente por colonizadores europeos después de Colón. En cambio, la secuencia europea de *P. falciparum* pertenece a una cepa que se ha descrito únicamente en la India, lo que indica que el patógeno de la forma más severa de malaria fue introducido en Europa procedente del subcontinente indio, probablemente hace unos 2.500 años", explica el investigador del CSIC Carles Lalueza-Fox, del Instituto de Biología Evolutiva (centro mixto del CSIC y la Universitat Pompeu Fabra).

Según cifras de la Organización Mundial de la Salud (OMS), cada año se producen cerca de 438.000 muertes en todo el mundo por malaria y en 2015 el número total de afectados era de unos 241 millones de personas. La cepa de paludismo provocada por el parásito *Plasmodium vivax* es la más extendida fuera de África, mientras que la de *Plasmodium falciparum* es la predominante en el África subsahariana y la responsable del 90% de las muertes por esta enfermedad.

"El análisis del genoma nuclear de estos patógenos permitirá conocer las mutaciones que han hecho resistentes las cepas actuales a diversas drogas, ya que el *Plasmodium* europeo recuperado es anterior a todos estos tratamientos", añade el científico Pere Gelabert, también del Instituto de Biología Evolutiva.

Investigación antipalúdica en la primera mitad del siglo XX

El análisis ha permitido generar millones de secuencias de los parásitos causantes de la malaria

Las muestras analizadas datan de los años 40 y proceden de un antiguo centro antipalúdico inaugurado en 1925 en la localidad tarraconense de Sant Jaume d'Enveja, en el Delta del Ebro. Su director, Ildfonso Canicio, trabajó durante décadas con pacientes infectados de malaria, que trabajaban en los campos de arroz de la zona, y acabó contrayendo él mismo la enfermedad.

Tras su muerte, en 1961, algunas de sus preparaciones, empleadas con fines diagnósticos, se salvaron de la destrucción al ser recogidas por sus descendientes, que ahora las han cedido para su estudio científico.

“En las preparaciones todavía pueden verse parásitos de la malaria cuando se observan bajo el microscopio. Sin embargo, la cantidad de ADN del patógeno disponible en una sola gota de sangre es muy limitada y los problemas de conservación al cabo de 70 años explican que nunca antes se hubiera llevado a cabo un estudio de este tipo”, comenta Lalueza-Fox.

Según sus autores, este trabajo demuestra que otros especímenes históricos procedentes de colecciones médicas podrían ser una importante fuente de información de genética de patógenos extinguidos o erradicados.

Referencia bibliográfica:

Pere Gelabert, Marcela Sandoval-Velasco, Iñigo Olalde, Rosa Fregel, Adrien Rieux, Raül Escosa, Carles Aranda, Krijn Paaijmans, Ivo Mueller, M. Thomas P. Gilbert, Carles Lalueza-Fox. "Mitochondrial DNA from the eradicated European *Plasmodium vivax* and *P. falciparum* from 70-year-old slides from the Ebro Delta in Spain". *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

MALARIA | SECUENCIACIÓN | ERRADICACIÓN | PLASMODIUM |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)