

## Ursprung der Lepra könnte in Europa liegen

### **Forscher des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte sowie der Universitäten Tübingen und Zürich entdecken eine große genetische Diversität der Erreger im mittelalterlichen Europa**

Lepra ist eine der ältesten bekannten Krankheiten der Menschheitsgeschichte. Erkrankte waren und sind starker Stigmatisierung ausgesetzt. Ein internationales Forscherteam unter Beteiligung des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte sowie der Universitäten Tübingen und Zürich hat zehn historische Genome des Lepra verursachenden Bakteriums *Mycobacterium leprae* rekonstruiert, die aus Proben aus dem Zeitraum von 400 bis 1400 Jahren n. Chr. stammen. Das bisher älteste sequenzierte Genom stammt von einem der ältesten bekannten Leprafälle im Vereinigten Königreich, aus Great Chesterford in England, und konnte auf den Zeitraum von 415 bis 545 n. Chr. datiert werden. Anders als bisher angenommen, waren im Mittelalter in Europa nicht nur zwei, sondern deutlich mehr Lepra-Bakterienstämme verbreitet. Den Forschern geben diese Ergebnisse neue Hinweise auf Geschichte und Ursprung der Krankheit. Ihre Studie wird im Fachjournal *PLOS Pathogens* veröffentlicht.

Lepra war in Europa bis ins 16. Jahrhundert weit verbreitet und ist bis heute in vielen Ländern der Welt endemisch. Weltweit werden jedes Jahr mehr als 200.000 Neuerkrankungen gemeldet. Hauptverursacher der Lepra ist das Bakterium *Mycobacterium leprae*. In der neuen Studie untersuchte das Forscherteam Proben von etwa 90 Individuen aus ganz Europa aus der Zeit von ca. 400 bis 1400 n. Chr., die die für Lepra charakteristischen Knochenverformungen aufwiesen. Aus diesen Proben wurden zehn mittelalterliche Genome rekonstruiert. Insgesamt umfassen die Genome alle bekannten Stämme der Lepra-Erreger, auch solche, die heute in Asien, Afrika oder Nord- und Südamerika auftreten. „Teilweise haben wir sehr verschiedene Lepra-Stämme aus Knochenmaterial vom selben Friedhof isoliert“, berichtet die Erstautorin der Studie Professorin Verena Schünemann, die kürzlich von der Universität Tübingen an die Universität Zürich wechselte. Dies demonstriert besonders gut die Vielfalt der Lepra-Stämme, die damals auf dem Kontinent kursierten.

### **Das bisher älteste Genom eines Lepra-Erregers**

„Wir haben viel mehr genetische Diversität bei den Lepra-Erregern im alten Europa gefunden als erwartet“, fasst der Hauptautor der Studie Professor Johannes Krause, Direktor am Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte und Forschungsgruppenleiter an der Universität Tübingen, die Ergebnisse zusammen. „Alle bekannten Lepra-Stämme traten bereits im mittelalterlichen Europa auf, was nahelegt, dass Lepra schon in der Antike in Asien und Europa weit verbreitet gewesen sein muss und dass die Krankheit ihren Ursprung im westlichen Eurasien haben könnte.“ Das älteste rekonstruierte Genom von *M. leprae* aus England gehört zum gleichen Lepra-Stamm, der in heute lebenden Eichhörnchen entdeckt wurde. „Das stützt die Hypothese, dass Eichhörnchen und der Handel mit ihren Fellen Faktoren bei der Ausbreitung der Lepra unter Menschen des Mittelalters in Europa darstellten“, sagt Krause.

„Die Dynamik der Übertragung der Lepra-Erreger in der Geschichte der Menschen ist nicht völlig geklärt. Auch ist noch unklar, woher genau die Lepra ursprünglich stammt“, sagt Schünemann. „Wir haben schriftliche Zeugnisse von Leprafällen aus der vorchristlichen Zeit, aber uns fehlen bisher die Proben, um dies auf der molekularen Ebene zu bestätigen.“ Die neuen Studienergebnisse führen zu

der Einschätzung, dass Lepra-Bakterien schon viel länger existieren als gedacht. Sie seien mindestens einige Tausend Jahre alt. „Im nächsten Schritt wollen wir nach noch älteren Proben von durch Lepra deformierten Knochen suchen. Für die Identifizierung potenzieller Leprafälle stehen uns mittlerweile gut etablierte Methoden zur Verfügung“, sagt Krause.

**Publikation:**

Titel: Ancient genomes reveal a high diversity of *Mycobacterium leprae* in medieval Europe.

Autorinnen und Autoren: Verena J. Schuenemann, Charlotte Avanzi, Ben Krause-Kyora, Alexander Seitz, Alexander Herbig, Sarah Inskip, Marion Bonazzi, Ella Reiter, Christian Urban, Dorte Dangvard Pedersen, G. Michael Taylor, Pushpendra Singh, Graham R. Stewart, Petr Velemínský, Jakub Likovsky, Antónia Marcsik, Erika Molnár, György Pálfi, Valentina Mariotti, Alessandro Riga, M. Giovanna Belcastro, Jesper L. Boldsen, Almut Nebel, Simon Mays, Helen D. Donoghue, Sonia Zakrzewski, Andrej Benjak, Kay Nieselt, Stewart T. Cole, Johannes Krause. *PLOS Pathogens*, DOI 10.1371/journal.ppat.1006997.

[http://www.shh.mpg.de/916785/european\\_leprosy](http://www.shh.mpg.de/916785/european_leprosy)