

# Чума была распространена в Британии четыре тысячи лет назад

[Опубликовано на PCR.news](#)

**Палеогенетики изучили геномы возбудителя чумы *Yersinia pestis* из останков трех человек, живших около 4000 лет назад в Британии. Они впервые показали, что в это время чума была широко распространена на Британских островах, хотя у бактерии еще отсутствовал ген *ymt*, ассоциированный с эффективной передачей блохами.**

Исследования ДНК возбудителя чумы *Yersinia pestis* из древних останков показали, что от 4700 до 2800 лет назад в популяциях жителей Евразии циркулировала линия, названная линией позднего неолита — раннего бронзового века (Late Neolithic and Early Bronze Age, LNBA). В Европу она попала, вероятно, с массовой миграцией кочевых скотоводов из степи, но до сих пор было неясно, как далеко на северо-запад она распространилась. Специалисты из Института Френсиса Крика и Оксфордского университета в Великобритании в сотрудничестве с другими европейскими научными организациями впервые обнаружили линию LNBA *Y. pestis* на территории Британии, в костных останках возрастом около 4000 лет. Статья с результатами этой работы опубликована в журнале *Nature Communications*.

Палеогенетики изучили останки 34 человек из двух археологических памятников британского бронзового века. Это Чартерхаус Уоррен в Сомерсете, где находится необычное для своего времени массовое захоронение, причем характер костных останков говорит о том, что погребенные здесь люди умерли насильственной смертью, либо травмы были нанесены после смерти. Второе захоронение находится в Левенсе (Камбрия), в мегалитическом сооружении в виде колец.

С помощью метагеномного анализа специалисты нашли ДНК *Y. pestis* в пульпе зубов трех индивидов. Это два ребенка (10–12 лет) из Чартерхаус Уоррен, прямая радиоуглеродная датировка показала возраст останков 4145–3910 лет; и женщина (35–45 лет) из Левенса, датировка останков показала возраст 4065–3700 лет. ДНК двух индивидов из Чартерхаус Уоррен секвенировали методом дробовика с использованием платформы Illumina NovaSeq; для ДНК из Левенса использовали метод гибридизации и таргетного обогащения. В результате геномы *Y. pestis* из трех образцов прочитали с покрытием 8,4X, 6,1X и 3,3X.

По двум геномам из Чартерхаус Уоррен и ранее секвенированным геномам *Y. pestis* неолита и бронзового века ученые построили филогенетическое дерево. В общей сложности оно включило 27 опубликованных геномов и два генома из нового исследования. На этом дереве геномы из Чартерхаус Уоррен группируются с геномами *Y. pestis* линии LNBA. Образцы этой линии отличаются по одному ключевому признаку — у большей части отсутствует связанный с вирулентностью ген *ymt* (LNBA *ymt*-). У других образцов ген *ymt* присутствует (LNBA *ymt*+). Геномы из Чартерхаус Уоррен попадают в обширную кладу LNBA *ymt*-, геном из Левенса, вероятно, тоже. Филогения показала, что британские геномы близки к геномам *Y. pestis* из Чехии возрастом 4300 и 4250 лет.

Анализ хромосомы и трех плазмид британских геномов *Y. pestis* подтвердил отсутствие гена *ymt*, который играет важную роль в возможности передачи инфекции блохами, поскольку обеспечивает размножение бактерии в их кишечнике. Найдена крупная делеция с выпадением 36 kb, которая также была описана ранее. Потеря этого региона приводит к отсутствию гена *uapC*, который, как было показано, влияет на адгезию клеток и может усиливать колонизацию бактерии в организме. Другие функционально важные гены присутствуют в британских штаммах: это *ureD*, также связанный с передачей бактерии блохами, *pde-2*, регулирующий механизм образования биопленок, и *flhD*, влияющий на иммунный ответ.

Таким образом, бактерия *Y. pestis* (LNBA *ymt*-) была широко распространена в Британии в бронзовом веке, поскольку Левенс и Чартерхаус Уоррен находятся на большом расстоянии друг от друга — на севере и юге Англии. Ученые не могут исключить того, что некоторые другие индивиды в захоронениях тоже были инфицированы чумой, но ДНК бактерии не удалось обнаружить из-за ее деградации. Они также не могут однозначно сказать, было ли связано массовое захоронение в Чартерхаус Уоррен с погребением жертв чумы, учитывая, что скелеты несут следы травм.

Отсутствие гена *ymt* в британских геномах, вероятно, свидетельствует о том, что бактерия еще не выработала способ эффективно передаваться через укус блохи. Самые ранние штаммы *Y. pestis*, имеющие этот ген, были найдены в останках из Самарской области возрастом 3800 лет. Но, возможно, на начальном этапе для передачи инфекции ген *ymt* не был столь критичен.

«Эта работа — новый шаг в изучении того, как древние люди взаимодействовали с патогенами, — отмечает Понтус Скогланд, руководитель лаборатории древних геномов Института Френсиса Крика. — Дальнейшие исследования дадут нам еще больше в понимании того, как геномы человека и патогенов коэволюционировали, что поможет бороться с болезнями в настоящем и будущем».

**Источник:**

Pooja Swali et al. *Yersinia pestis* genomes reveal plague in Britain 4000 years ago // Nature Communication. 2023. 14:2930. DOI [10.1038/s41467-023-38393-w](https://doi.org/10.1038/s41467-023-38393-w)

Цитата по [пресс-релизу](#).