Реконструировали генетическую историю Черной смерти

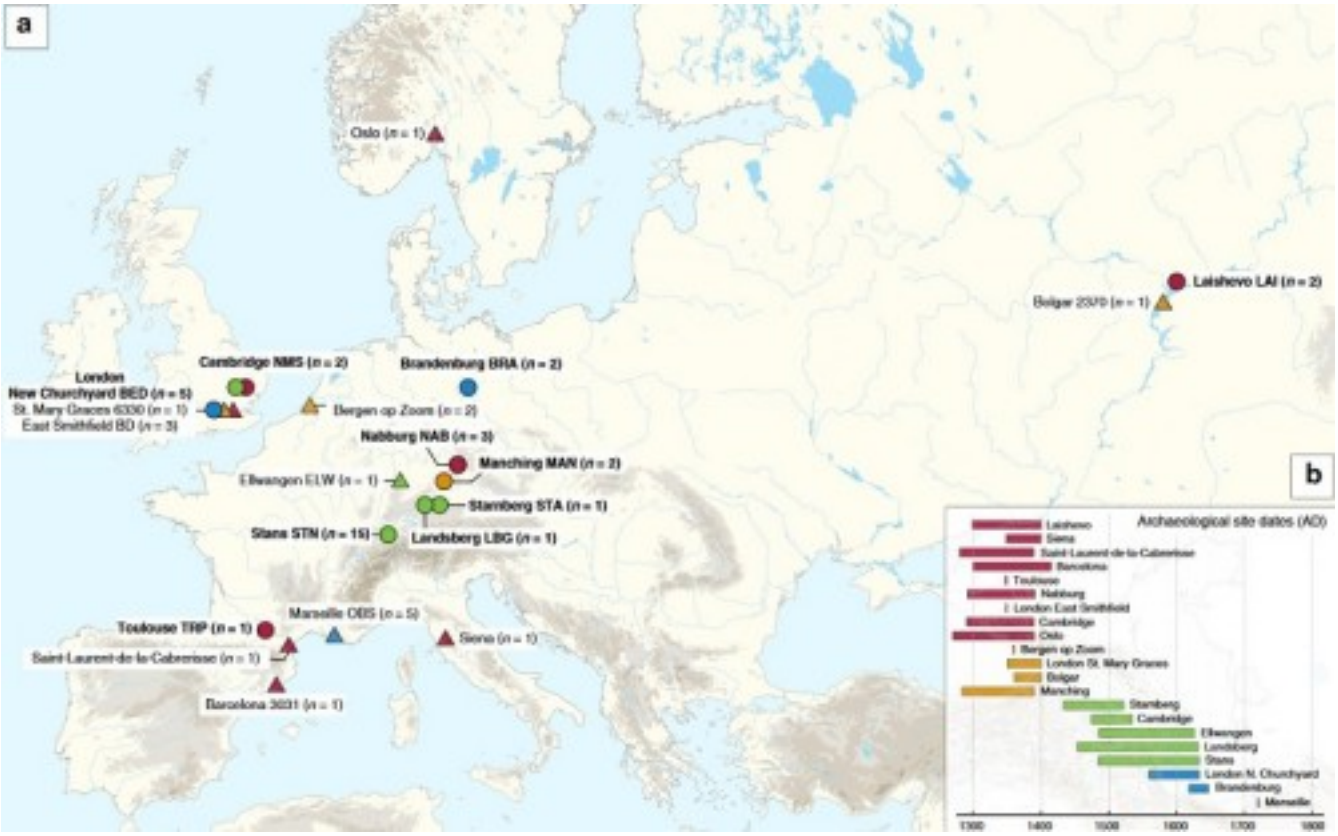
По геномам *Yersinia pestis* из останков XIV-XVIII веков палеогенетики построили филогенетическое дерево возбудителя средневековой Черной смерти. Данные показали, что пандемия возникла от одного штамма, впоследствии разветвившегося на множество региональных линий.

Палеогенетики, исследовавшие возникновение чумы и ее распространение в бронзовом веке, добрались и до крупнейшей средневековой пандемии чумы, известной под названием «Черная смерть», которая свирепствовала в Европе с XIV по XVIII век, уничтожив более половины населения. Статья с реконструкцией генетической истории Черной смерти опубликована в журнале Nature Communications. Авторы под руководством главного специалиста по древней чуме Йоханнеса Краузе, Институт наук об истории человека Общества Макса Планка в Йене, искали ответ на вопрос, откуда началась эпидемия и какими путями она распространялась по Европе.

Специалисты изучили 34 генома *Yersinia pestis* из останков в 10 захоронениях периода Черной смерти, расположенных в Англии, Франции, Германии, Швейцарии и России (в Татарстане). Анализ показал, что все возбудители чумы из захоронений в разных частях Европы принадлежат к одной генетической линии. По мнению авторов, это говорит о том, что пандемия началась в одном месте, и *Y. pestis* попала в Европу, очевидно, с востока.

В то же время, на поздней стадии европейской пандемии у чумной палочки появляется генетическое разнообразие, она делится на множество ветвей, привязанных к разным регионам. По-видимому, *Y. pestis* сохранялась в этих регионах в виде отдельных генетических изолятов. Авторы отмечают, что ни один из этих средневековых штаммов не был найден в наше время, очевидно, их локальные резервуары исчезли.

В геномах *Y. pestis* на более поздней стадии пандемии исследователи обнаружили делецию, выпадение двух связанных с вирулентностью гена. Интересно, что такую же делецию ранее нашли в геномах возбудителя на поздней стадии античной Юстиниановой чумы (541–750 н.э.). Из этого авторы сделали вывод о сходных путях эволюции *Y. pestis* *в ходе* обеих пандемий. В современных геномах эти делеции отсутствуют.



Карта расположения образцов Y. pestis, выделенных из останков 14-19 веков. Образцы, изученные в данной работе, обозначены кружками, ранее изученные образцы обозначены треугольниками. Справа – хронологическая шкала с указанием мест захоронения.

Источник:

Maria A. Spyrou et al. // Phylogeography of the second plague pandemic revealed through analysis of historical Yersinia pestis genomes // Nature Communications, 2019; DOI: 10.1038/s41467-019-12154-0