Две древних линии Yersinia pestis сосуществовали на протяжении тысячелетия

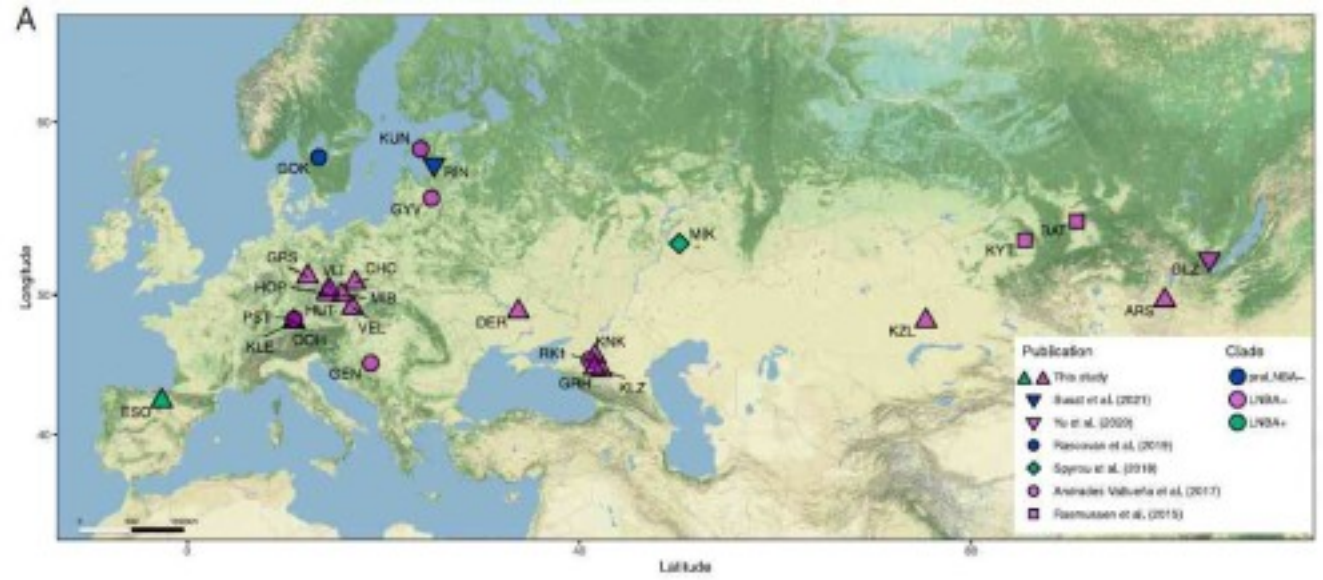
Исследование 17 новых геномов древней чумной бациллы показало, что в позднем неолите – раннем бронзовом веке в разных регионах Евразии в течение тысячелетия сосуществовали две генетически различные линии *Yersinia pestis*. Они отличались по способности или неспособности заражать человека через укус блохи.

Благодаря возможностям палеогенетики мы многое узнали про инфекционные болезни наших предков, в частности, оказалось, что возбудитель чумы *Yersinia pestis* циркулировала в человеческих популяциях еще в позднем неолите – раннем бронзовом веке. Бактерия не сразу приобрела ту патогенность, которая впоследствии сделала ее причиной античных и средневековых эпидемий. Ключевым свойством для этого стала способность бактерии использовать блох как промежуточных хозяев и заражать человека через укус блохи. До сих пор небольшое число изученных геномов чумной бациллы не позволяло детально проследить ее эволюцию.

В новом исследовании, опубликованном в журнале PNAS, представлены 17 геномов *Yersinia pestis*, извлеченных из останков возрастом от 5000 до 2500 лет в разных регионах Евразии. Это позволило проследить динамику ее географического и генетического разнообразия.

Полученные данные показали, что две генетически различные линии *Yersinia pestis* эволюционировали параллельно и обе распространились на значительные расстояния на просторах Евразии. Они занимали две разные экологические ниши, что позволило им сосуществовать на протяжении тысячелетия. Одна линия (LNBA -) не была способна использовать блох как промежуточных хозяев. Другая линия (LNBA +) освоила размножение в желудке блохи и через этот вектор более эффективно заражала человека. Авторы обнаружили, что линия *Yersinia pestis*, передающаяся с блохами, уже существовала в Иберии бронзового века (ранее ее находили только на Кавказе и в Поволжье), что говорит о более широком географическом распространении этой формы.

Наконец, генетические результаты в археологическом контексте указывают на то, что распространение чумы в этот период было связано с увеличением мобильности людей и с развитием разведения домашних животных.



Археологические сайты, где были обнаружены образцы Yersinia pestis позднего неолита- ранней бронзы (Valtue~na et al., 2022).

Источник:

Aida Andrades Valtue~na et al. Stone Age Yersinia pestis genomes shed light on the early evolution, diversity, and ecology of plague // PNAS 2022 Vol. 119 No. 17 https://doi.org/10.1073/pnas.2116722119