

## О роли степной миграции в распространении чумы

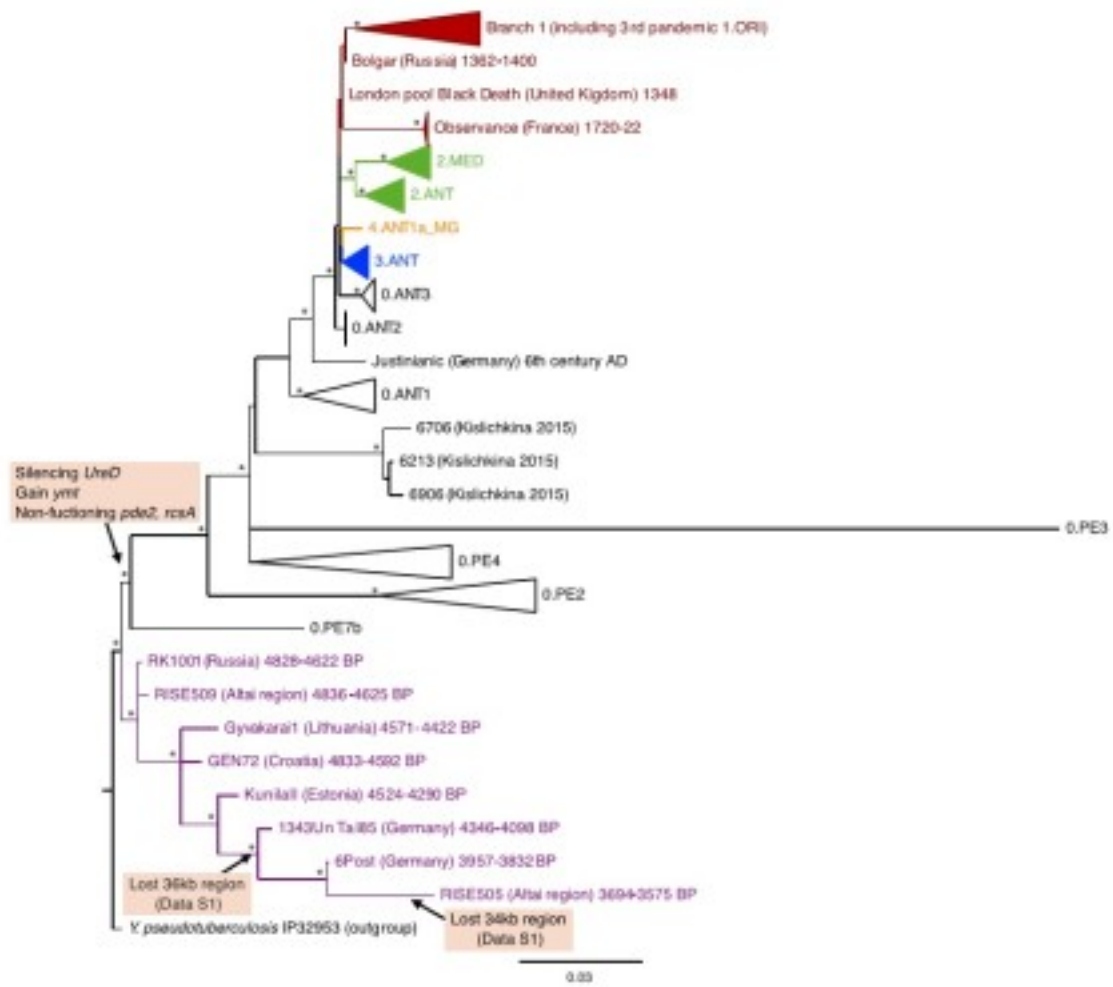
На основе изученных геномов бактерии *Yersinia pestis* из образцов позднего неолита – раннего железного века палеогенетики реконструировали пути распространения чумы. Ключевое значение в ее переносе в Европу они придают массовой миграции из причерноморско-каспийских степей около 5000 лет назад. По их гипотезе возбудитель чумы продвигался по тому же степному коридору с двусторонним движением между Европой и Азией, что и мигрирующее население.

В журнале [Current Biology](#) вышла статья коллектива генетиков (ведущий автор Йоханнес Краузе, Институт наук об истории человека Общества Макса Планка в Йене) с анализом эволюции и миграций возбудителя чумы, начиная с неолита. В январе этого года эта статья уже была [представлена научному сообществу в виде препринта](#), и на нашем сайте [можно прочитать ее обзор](#). Как это часто бывает, при публикации в журнале вариант препринта был несколько изменен и дополнен, хотя основные выводы не изменились. Так что напомним, о чем говорилось в первом варианте статьи, и посмотрим, что изменилось в окончательном.

Увеличилось число изученных древних геномов чумной бактерии *Yersinia pestis*. В препринте авторы представили четыре секвенированных генома, которые они сравнивали с двумя геномами из работы Rasmussen et al., 2015 ([обзор на сайте](#)), в окончательном варианте статьи число вновь секвенированных геномов увеличилось до шести, а число анализированных древних бактериальных геномов – до восьми. Их датировка относится к позднему неолиту – раннему бронзовому веку (4800 – 3700 лет назад).

В поисках ДНК древних чумных бактерий авторы изучили 563 образца костей и зубов времени позднего неолита – раннего бронзового века из разных регионов Европы. На первом этапе выделили «кандидатные геномы»: из степной зоны юга России (Ставропольский край, станица Расшеватская), из Литвы, Эстонии, Хорватии, Германии. Отобранные из них геномы шести бактерий были секвенированы и реконструированы со средним покрытием от 3x до 12x (число прочтений каждого нуклеотида). Древние геномы *Y. pestis* проанализировали вместе с современными геномами бактерии и по анализу 1265 SNP построили филогенетическое дерево.

A

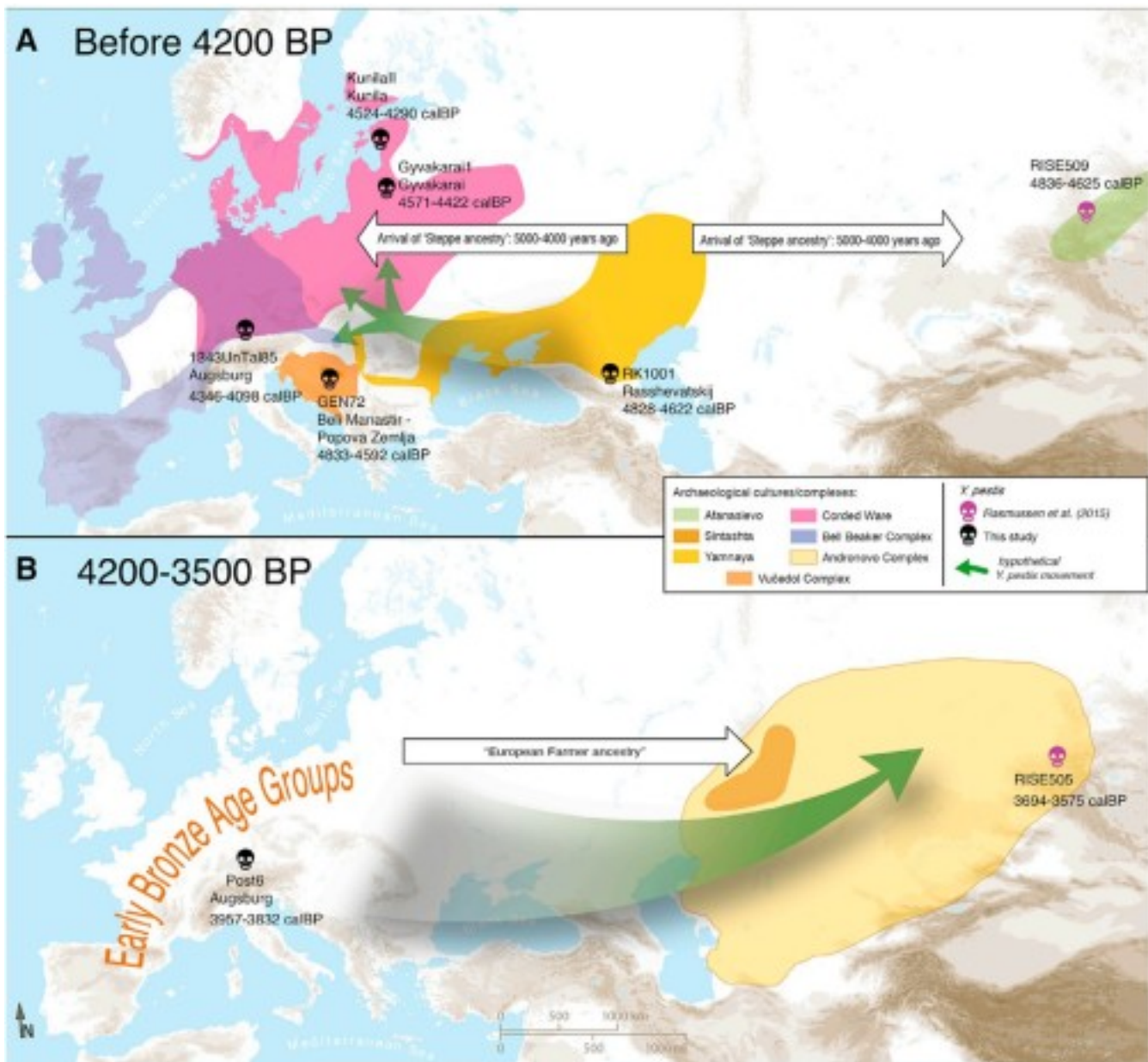


Филогенетическое дерево *Yersinia pestis*. Разными цветами обозначены разные ветви. Все древние образцы разместились на одной ветви (обозначены фиолетовым цветом).

В новом варианте статьи на дереве чумной бактерии появились два дополнительных древних генома. Но они не изменили структуру дерева и основную закономерность: все геномы древних бактерий (теперь уже восемь) расположились на одной ветви (показана фиолетовым цветом), в том числе и два образца из работы Rasmussen et al., найденные на Алтае. Это доказывает общее происхождение *Y. pestis*, как в Европе, так и в Южной Сибири. Генетики вычислили время жизни общего предка (MRCA) древних и современных штаммов *Y. pestis* – 6 078 лет назад (от 5036 до 7494 лет назад). А около 28 тыс. лет назад чумная бактерия отделилась от своего предка – *Y. pseudotuberculosis*.

По данным о возрасте и месте нахождения древних образцов *Y. pestis* авторы работы реконструировали пути миграции чумы в позднем неолите – раннем бронзовом веке.

В препринтном варианте статьи самым древним изученным геномом *Y. pestis* (RISE509, 4836-4625 лет назад) был образец из работы Rasmussen et al., найденный у индивида афанасьевская культура на Алтае. Его авторы взяли за стартовую точку и сделали вывод, что в Европу возбудители чумы попали из Центральной Азии. Этот вариант карты миграций чумы [можно посмотреть здесь](#). Теперь же у них появился геном такого же возраста из степной зоны юга России (RK100, 4828-4622 лет назад). Это не отменяет возможности проникновения чумы в Европу из Центральной Азии, хотя зеленые стрелки на новой карте (карта A) отходят уже не от алтайского, а от этого степного образца, а Центральная Азия превратилась в Центральную Евразию.



Карта предполагаемых передвижений бактерии *Yersinia pestis* по Евразии. А. Попадание *Yersinia pestis* из Центральной Евразии в Европу (зеленые стрелки), предположительно с миграцией степных кочевников ямной культуры. Белыми стрелками обозначена степная миграция в Европу и на восток. Ареал ямной культуры обозначен желтым цветом; розовым – ареал культуры шнуровой керамики; сиреневым – ареал культуры колоковидных кубков; зеленым – ареал афанасьевской культуры; оранжевым – Vucedol complex, Хорватия. В. Предположительный обратный путь *Yersinia pestis* из Европы в Южную Сибирь (зеленая стрелка). Белой стрелкой обозначен генетический поток от европейских земледельцев в Центральную Азию. Бежевым цветом обозначен ареал андроновской культуры; более ярким бежевым – ареал синташтинской культуры.

При этом в тексте авторы не отказываются от центральноазиатского происхождения возбудителя чумы и рассматривают два сценария его проникновения в Европу. По первому сценарию, он мог быть занесен в Европу множество раз в период от 5000 до 3000 лет назад. По второму сценарию чума добралась в Европу из Центральной Азии всего один раз – в неолите. Для точной проверки этих сценариев нескольких геномов недостаточно, пишут авторы. Но в данных археологии и палеогенетики они находят обоснование второму сценарию – однократного проникновения *Y. pestis* в Европу. Этому способствовало увеличение мобильности населения и контактов между регионами, случившееся в позднем неолите – раннем бронзовом веке.

Центральным пунктом статьи стала роль степной миграции около 5000 лет назад. Ссылаясь на последние генетические исследования (Allentoft et al., 2015; Naak et al., 2015), авторы подчеркивают значение массовой миграции населения из евразийских степей в двух направлениях – на запад, в Центральную Европу, и на восток – в Центральную Азию и Южную Сибирь. Эту миграцию связывают с ямной культурой степных кочевников-скотоводов и полагают, что она принесла в Европу генетический компонент, который был обнаружен в образцах поздненеолитической культуры шнуровой керамики. Этот же компонент, по данной гипотезе, был перенесен в андроновскую культуру на Алтае. Притом что генетическое влияние степной миграции остается дискуссионным вопросом и не всеми специалистами поддерживается, Йоханнес Краузе и Вольфганг Хаак

(авторы данной статьи) являются убежденными сторонниками этой гипотезы.

И именно степной миграции они отводят решающую роль в распространении возбудителя чумы, как видно из карты А, представленной в новом варианте статьи. Авторы подтверждают свою гипотезу такими фактами. *Y. pestis* из Хорватии (GEN72), близкая по возрасту к «степному» образцу, имеет общие корни с ним и алтайским образцом. *Y. pestis* из балтийского неолита (образцы из Литвы и Эстонии) были найдены у индивидов культуры шнуrowой керамики (с предполагаемым степным генетическим компонентом). Самый молодой европейский образец *Y. pestis*, из Германии (Augsburg, 3957-3832 лет назад), происходит от балтийских штаммов и найден у индивида комплекса колоковидной керамики (у которых также ранее был обнаружен степной генетический компонент). Это отражает циркуляцию возбудителя чумы в популяциях Европы.

Но самый молодой южносибирский образец *Y. pestis* (RISE505, 3694-3575 лет назад), найденный на Алтае у индивида андроновского комплекса культур, генетически близок образцу из Германии. Из этого авторы сделали вывод, что существовал и обратный путь переноса чумной бактерии – из Европы в Южную Сибирь (карта В). В подтверждение они приводят палеогенетические данные о нахождении у носителей синташтинской, срубной и андроновской культур (около 3700 – 3300 лет назад в Сибири) смешанных предковых компонентов европейских неолитических земледельцев и степных кочевников бронзового века. Это указывает на обратный поток генов из Европы в Центральную Азию.

Так что степи, которые служили естественным связующим коридором между Европой и Азией, были коридором с двусторонним движением. И не только для людей и скота, но и для возбудителей чумы, заключают исследователи.

Авторы также проследили в геноме древних *Y. pestis* эволюцию генов, связанных с вирулентностью. Оказалось, что у бактерий неолита- бронзового века отсутствовали некоторые важные гены, например, ген *ymt*, играющий ключевую роль в том, чтобы бактерии заселили кишечник блохи (а именно через укус блохи инфекция передается млекопитающим). Ранее на этом основании считали, что в бронзовом веке *Y. pestis* не могла передаваться с блохами и что бубонная чума появилась позднее. Теперь же, при более тщательно проведенном анализе, авторы не исключают, что в неолите- бронзовом веке чумная бактерия могла передаваться с блохами по другому механизму (хотя его эффективность была ниже на 30-40%). И могла вызывать как легочную, так и бубонную форму болезни. Передаче инфекции способствовали как мобильность населения, так и контакты с грызунами – в степи и в местах развития земледелия.

*текст Надежды Маркиной*

#### **Источник:**

The Stone Age Plague and Its Persistence in Eurasia

Aida Andrades Valtueña, ..., Johannes Krause

[http://www.cell.com/current-biology/abstract/S0960-9822\(17\)31328-3](http://www.cell.com/current-biology/abstract/S0960-9822(17)31328-3)

DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2017.10.025>