

## Бубонная чума могла существовать еще в бронзовом веке

**Анализ ДНК бактерии чумы *Yersinia pestis* из останков носителей срубной культуры бронзового века (датировка 3800 лет назад) показал, что в этот период бактерия приобретает ген, позволяющий ей передаваться через блох. Таким образом, она могла вызывать бубонную чуму гораздо раньше первой исторически зарегистрированной эпидемии.**

Ученые продолжают распутывать эволюцию чумной бактерии *Yersinia pestis*. Эта тема продолжается в статье, [опубликованной в журнале Nature Communication](#) коллективом генетиков под руководством Йоханнеса Краузе из Института наук об истории человека Общества Макса Планка в Йене, Германия, самого авторитетного специалиста по древней чуме. О его предыдущих работах [можно прочитать на нашем сайте](#). Ранее, секвенировав несколько геномов *Y. pestis* периодов позднего неолита – раннего бронзового века, исследователи сделали вывод, что ее распространению по Евразии могла послужить масштабная миграция степных кочевников ([ямной культуры](#)) – на запад, в Европу, и на восток, в Центральную Азию. Второй важный вывод состоит в том, что в этот период бактерия *Y. pestis* еще не имела генетических приспособлений эффективной передачи через блох и не могла вызывать наиболее опасную форму болезни — бубонную чуму. Вопрос о том, когда же она приобрела это важнейшее для нее свойство, оставался открытым.

Как было давно установлено, бактерия чумы *Y. pestis* в эволюции возникла из бактерии псевдотуберкулеза *Y. pseudotuberculosis*. После отделения от *Y. pseudotuberculosis* *Y. pestis* приобрела высокопатогенные свойства путем потери одного хромосомного гена, а также приобретения двух плазмид (кольцевая бактериальная ДНК вне хромосомы) рMT1 и рPCP1. В истории бактерии одна из наиболее важных адаптаций состояла в способности использовать блох как промежуточных хозяев, размножаясь в их кишечнике. Этот механизм радикально повышает вирулентность бактерии, и она становится возбудителем бубонной чумы.

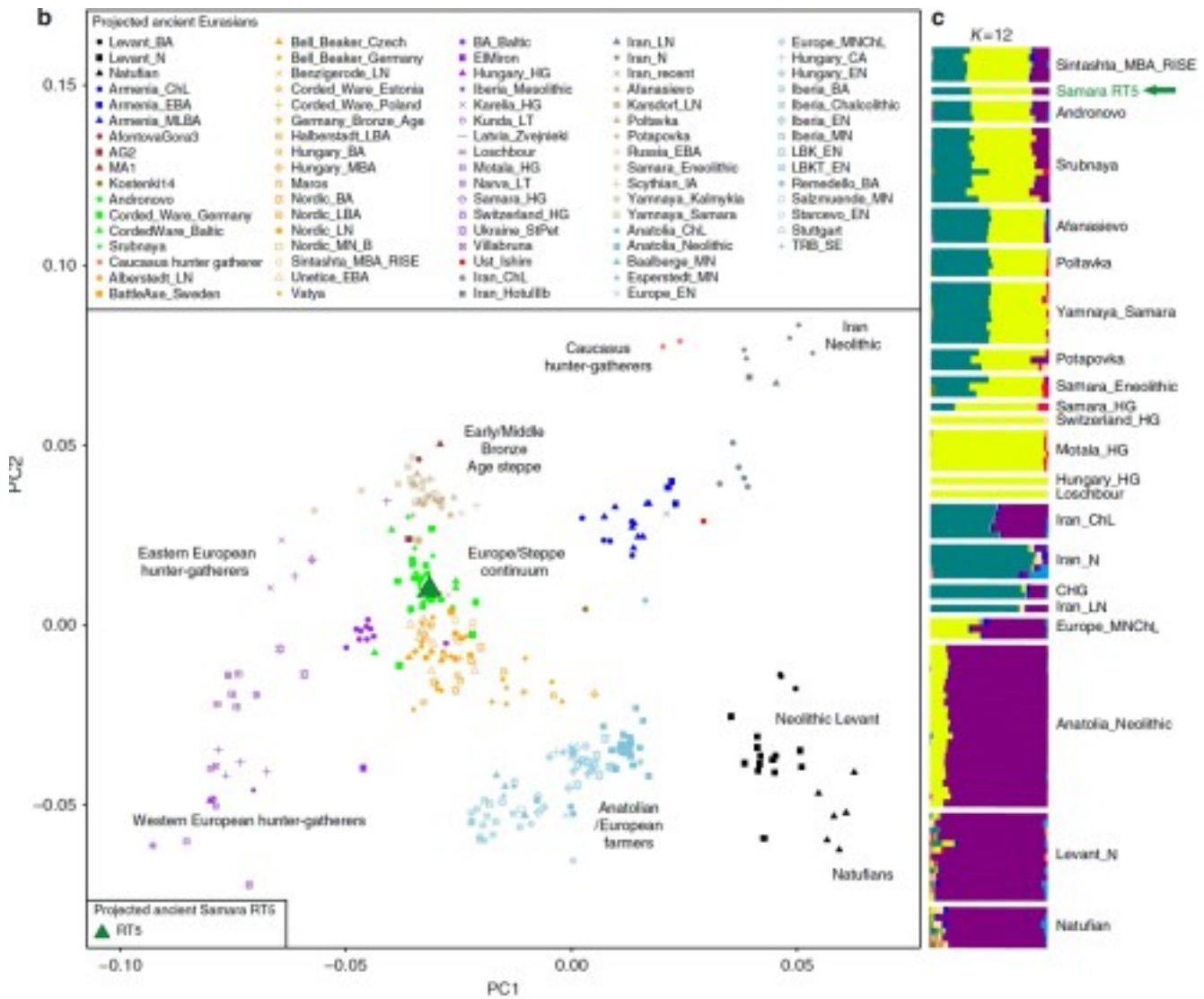
Новая работа проведена коллективом генетиков, среди которого есть и российские специалисты из Казанского государственного университета. На носительство чумной бактерии проанализировали останки 9 индивидов эпохи поздней бронзы (около 3800 лет назад) из захоронений [срубной культуры](#) в Самарской области. ДНК, принадлежащая *Y. pestis*, была обнаружена у двух индивидов из парного захоронения (образцы RT5 и RT6), датировка захоронения – около 3800 лет назад.



Географическое положение исследованных образцов и парное захоронение в Самарской области, ассоциированное со срубной культурой, в котором была обнаружена ДНК *Y. pestis*.

Индивидов, которые оказались носителями бактерии чумы, обозначают RT5 и RT6. Наиболее тщательно генетики исследовали индивида RT5, у которого ДНК чумной бактерии была обнаружена в самом большом количестве и наилучшей сохранности. Они установили, что RT5 был мужчиной, его Y-хромосома принадлежала к гаплогруппе R1a1a1b, а мтДНК – к гаплогруппе U2e2a.

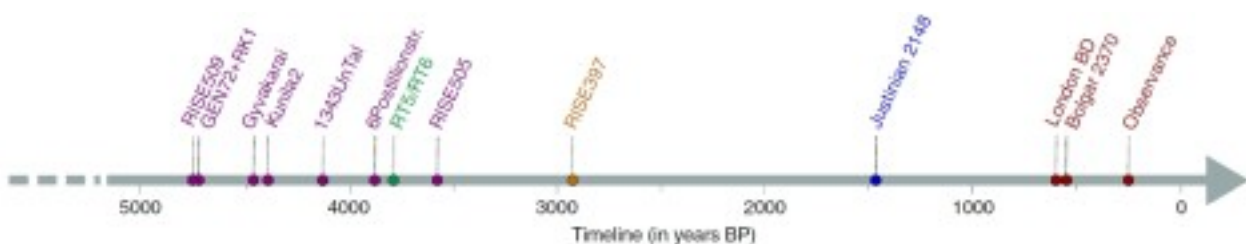
Анализ главных компонент (PCA) показал, что в генетическом пространстве RT5 попадает в группу европейской культуры шнуровой керамики, андроновской культуры с Алтая и срубной культуры, с которой он и ассоциируется. На графике анализе предковых компонентов ADMIXTURE RT5 по генетическим компонентам сходен с геномами синташкинской, андроновской и срубной культур.



b. Анализ главных компонент по 82 древним геномам показывает расположение изученного образца срубной культуры RT5 (зеленый треугольник) в генетическом пространстве. Обозначение древних популяций – на легенде сверху. c. Анализ предковых компонентов ADMIXTURE: положение RT5 указано зеленой стрелочкой.

Геном *Y. pestis*, выделенный из RT5, удалось секвенировать с покрытием 32,3X (цифра показывает число прочтений каждого нуклеотида), а геном *Y. pestis.*, выделенный из RT6, с покрытием 1,9X. Авторы показали, что изоляты *Y. pestis* из образцов RT5 и RT6 генетически идентичны или, по меньшей мере, ближайшие родственники. В дальнейшем анализу фигурирует штамм из RT5 как наиболее изученный. Его проанализировали в сравнении с 177 геномами бактерии *Y. pestis*, включая опубликованные древние штаммы (позднего неолита-ранней бронзы, железного века, античной юстиниановой чумы и средневековой эпидемии «черной смерти», а также современные штаммы *Y. pestis*).

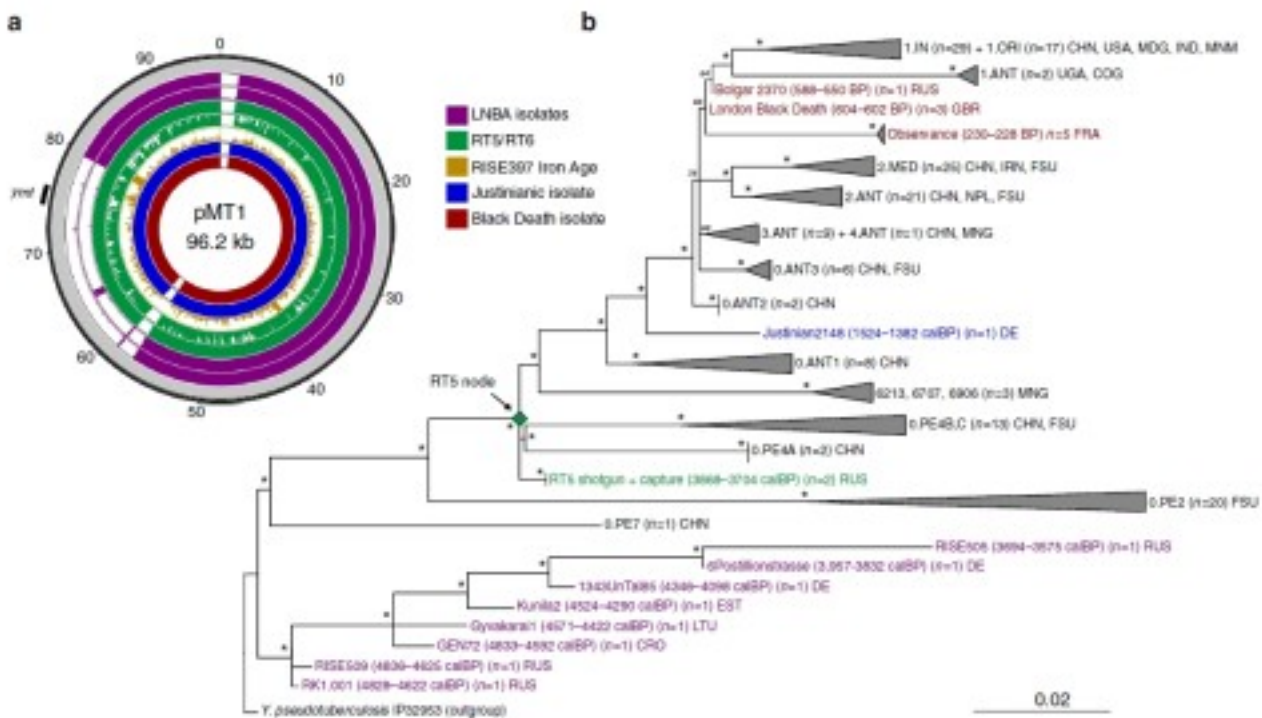
На временной шкале представлена хронология древних штаммов *Y. pestis*.



Хронология изученных древних штаммов *Y. pestis*. Бактерии позднего неолита-ранней бронзы обозначены фиолетовым цветом, поздней бронзы – зеленым цветом, железного века – светло-коричневым цветом, античной юстиниановой чумы – синим цветом, средневековой «черной смерти» — темно-коричневым цветом.

На следующем рисунке представлена плазмида pMT1 – кольцевая внехромосомная ДНК бактерии *Y. pestis* у нескольких древних штаммов: бактерий позднего неолита-ранней бронзы LNBA (фиолетовый цвет), бактерий из образцов RT5 и RT6 поздней бронзы (зеленый цвет), бактерии из образца RISE397 железного века (светло-коричневый цвет), античной юстиниановой чумы (синий цвет) и средневековой «черной смерти» (темно-коричневый цвет). А на внешней окружности обозначено расположение гена *ymt*, который обеспечивает способность бактерии заселять кишечник блохи и повышает ее вирулентность. Как показано, ген *ymt* появляется только у RT5 и RT6, то есть в позднем бронзовом веке (3800 лет назад).

Здесь же дано филогенетическое дерево разных штаммов *Y. pestis*. Штаммы позднего неолита – ранней бронзы (LNBA) обозначены фиолетовым шрифтом, штамм RT5 – зеленым, штамм юстиниановой чумы – синим шрифтом, штаммы средневековой «черной смерти» — коричневым. По сравнению с ранее выделенными изолятами *Y. pestis* периодов позднего неолита – ранней бронзы, изоляты из RT5 и RT6 образуют отдельную ветвь (на дереве обозначен узел RT5). Впоследствии из этой ветви возникли возбудители юстиниановой чумы и «черной смерти», а также современные штаммы *Y. pestis*.



а. Схема плазмиды pMT1 изолятов *Y. pestis* разных эпох (обозначены разными цветами в соответствии с легендой). Обозначено место гена *ymt*. б. Филогенетическое дерево древних и современных линий *Y. pestis*. Штаммы позднего неолита – ранней бронзы (LNBA) обозначены фиолетовым шрифтом, штамм RT5 – зеленым, штамм юстиниановой чумы – синим шрифтом, штаммы средневековой «черной смерти» — коричневым.

Молекулярная датировка показала, что *Y. pestis* приобрела ген *ymt* около 4000 лет назад, вслед за чем ее популяция резко увеличилась в численности. Что касается места происхождения этих событий, то авторы считают, что их можно привязать к месту образца RT5, то есть к западноевразийской степи.

Другой ген, важный для вирулентности бактерии *Y. pestis*, это *pla*, содержащийся в плазмиде pPCP1. У штамма RT5 этого гена еще нет. Так что, по-видимому, вирулентность бактерии чумы в позднем бронзовом веке была все же ниже, чем в эпохи античности и средневековья.

Таким образом, анализ *Y. pestis* бронзового века из образцов срубной культуры показал, что уже около 4000 лет назад бактерия была способна вызывать бубонную чуму. До первой исторически зарегистрированной эпидемии (юстинианова чума, предположительно 540-750 н.э.) было еще далеко. Авторы предполагают, что в период бронзового века на территории Евразии могли одновременно сосуществовать бактерии с разными способами передачи и с разным потенциалом вирулентности: LNBA и RT5. В дальнейшем линия *Y. pestis*, способная к передаче через блох, получила конкурентное преимущество и широко распространилась.

**Источник:**

Analysis of 3800-year-old *Yersinia pestis* genomes suggests Bronze Age origin for bubonic plague

Maria A. Spyrou et al.

*Nature Communications*, volume 9, Article number: 2234 (2018)

[Статья в открытом доступе.](#)