

В свежем номере журнала «Cell Host & Microbe» (импакт-фактор 12.328) опубликована статья [«Исторические геномы *Yersinia Pestis* раскрывают европейскую «черную смерть» как источник древних и современных пандемий чумы»](#)). Вторым автором статьи значится старший научный сотрудник НИЛ палеоантропологии и палеогенетики ИФМиБ Резеда Тухбатова.



В авторский коллектив данной публикации также вошли Мария Спиру, Михал Фельдман, Кирстен Бос из Института науки об истории человечества сообщества Макса Планка, Джоанна Дрос из Университета Тюбингена, Саша Каки, Доминик Гастикс из Университета Бордо, Джулиа Бертран де Хередиа из музея истории Барселоны и Сюзанна Арнольд, Иоахим Валь из государственного управления культурным наследием Баден-Вюртемберга, Ильгизар Газимзянов из Института археологии АН РТ.

Руководитель работ – профессор **Йоханнес Краузе** (Н- 34) с 2014 года является научным консультантом НИЛ палеоантропологии и палеогенетики КФУ.

Исследователи утверждают, что один штамм бактерии чумы вызвал

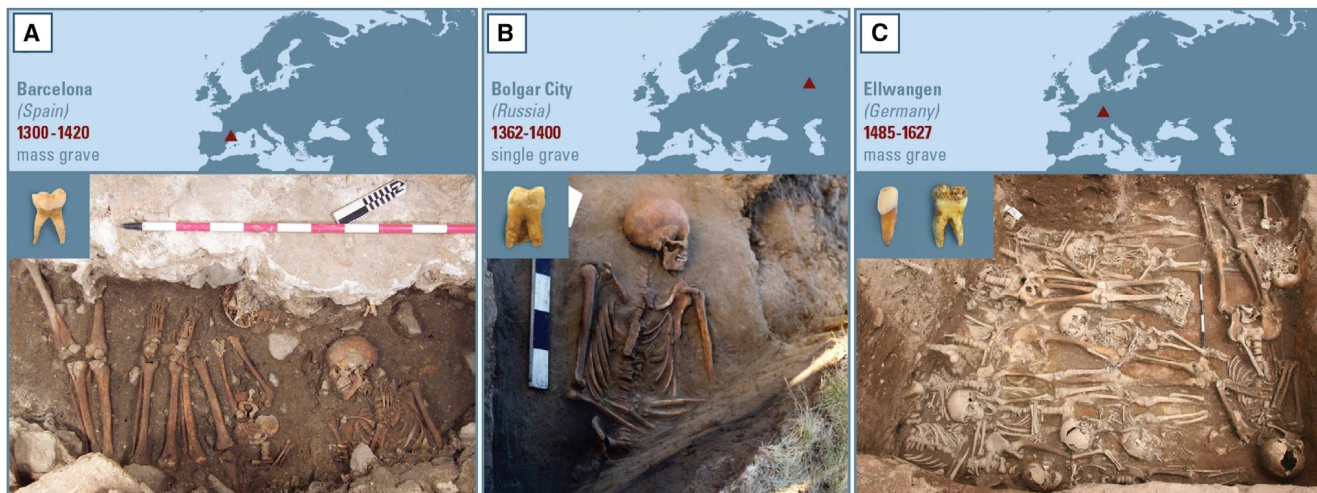
многочисленные исторические и современные пандемии. Это было выявлено при анализе трех реконструированных исторических геномов возбудителя чумы *Yersinia pestis*. Гены средневекового штамма чумы были получены из зубов, оставшихся после захоронения людей.

Первое захоронение, из Барселоны, скорее всего, представляет начальный этап Черной смерти.

Второе – из захоронения XIV века в Булгаре (*построенный в X веке древний город Волжско-Камской Булгарии, позднее – один из крупнейших городов Булгарского улуса Золотой Орды, ныне – городище возле современного города Болгар в Татарстане*). Это захоронение относится к периоду после Черной смерти.



Третье захоронение – из города Эльванген 16 века.

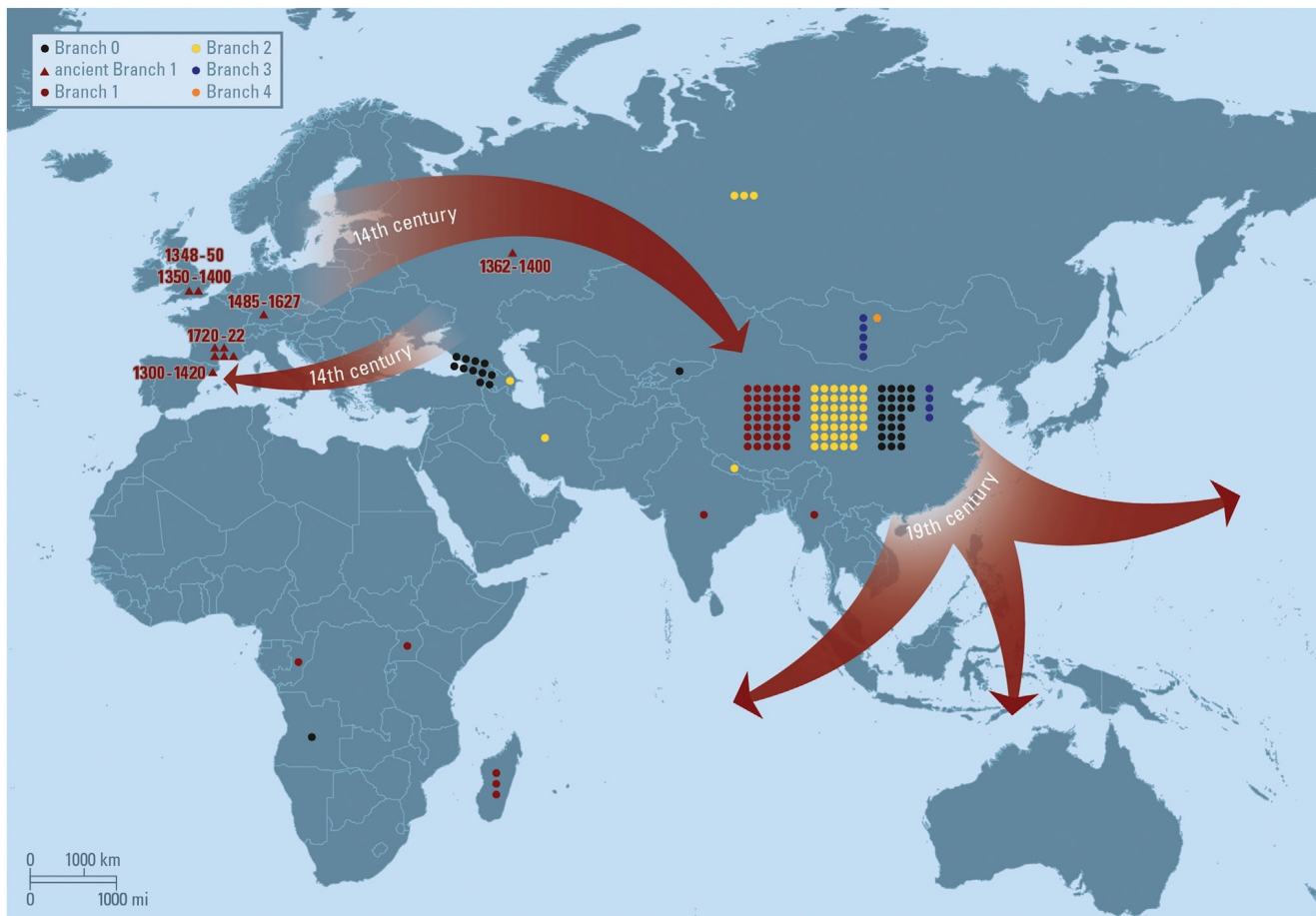


– Исследуя эти три жертвы чумы из отдельных волн второй пандемии чумы, мы надеялись уловить несколько этапов эволюции бактерии в средневековой Европе, – комментирует Резеда.

Тесная взаимосвязь между штаммами, вызвавшими различные вспышки в Европе, привела международную группу во главе с Институтом науки об истории человечества сообщества Макса Планка к выводу, что чума ушла из Европы не сразу, а только по прошествии четырех сотен лет.

– В течение четырех столетий после средневековой Черной смерти чума оставалась самым опасным заболеванием в Европе. Хотя в настоящее время чума таинственно отсутствует на континенте, она сохраняется в других районах мира, – пояснила Резеда.

Исторические источники говорят нам, что после 1350 года чума распространилась на северо-восток в Россию. Но эти источники не говорят нам о том, что чума не остановилась на этом. Исследование показывает, что случай чумы в Булгаре – один из многих по пути в Азию.



Данное исследование показывает, что после Черной смерти штаммы чумы распространились на восток, достигнув территории Золотой Орды в конце 14 века и в конечном итоге добрались до Китая, где вызвали третью всемирную пандемию чумы в середине 19 века.

– Основной вывод исследования вытекает из анализа штамма чумы из города Булгара, так как была выявлена его высокая схожесть как со штаммом чумы из Лондона периода Черной смерти, так и с современными штаммами, – пояснила Резеда. – Анализ также показывает, что хотя несколько чумных линий существуют сегодня в Китае, только одна покинула юго-восточную Азию в конце 19 века, вызвав новую пандемию, и быстро достигла распространения по миру.

Таким образом, татарстанский ген чумы можно считать «прародителем» современных возбудителей заболевания.

В будущих исследованиях ученые планируют обнаружить точки проникновения чумы в Европу и более подробно восстановить пути ее распространения, а также изучить влияние чумных эпидемий на человеческие популяции на генетическом уровне.