

## Pressemitteilung

Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte / Max Planck Institute for the Science of Human His

Petra Mader

08.06.2016

<http://idw-online.de/de/news653741>

Forschungsergebnisse  
Biologie, Geschichte / Archäologie, Medizin  
überregional

### Der Schwarze Tod als Ursprung heutiger Pestausbrüche

**Ein einzelner Stamm des Pestbakteriums *Yersinia pestis* hat zum Ausbruch mehrerer historischer und neuzeitlicher Pestepidemien rund um den Globus geführt. Das zeigt die Analyse und der Vergleich von Genomen des Erregers von unterschiedlichen Krankheitsausbrüchen und mehreren Regionen Europas durch ein internationales Forschungsteam unter Leitung des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte in Jena.**

Die Pest war auch nach dem Ende ihres wohl verheerendsten Ausbruchs, dem Schwarzen Tod (1347-1351), noch für Jahrhunderte die am meisten gefürchtete Krankheit in Europa und bis ins 18. Jahrhundert kam es wiederholt zu Ausbrüchen der Krankheit, die zusammenfassend mit dem Begriff „zweite Pandemie“ bezeichnet werden. Heute gilt der Erreger auf dem europäischen Kontinent als ausgestorben, in anderen Regionen der Welt existiert er jedoch noch.

Um die Entwicklungsgeschichte dieses berüchtigten Erregers näher zu untersuchen, wurden für die heute in *Cell Host&Microbe* veröffentlichte Studie historische Genome des Pesterregers, *Yersinia pestis*, aus Massengräbern in Barcelona, Spanien und Ellwangen, Süddeutschland, sowie aus einem Einzelgrab in Bolgar, Russland rekonstruiert und mit historischen sowie heutigen Erreger-Genomen verglichen. Während der spanischen Erreger auf die Mitte des 14. Jahrhundert datiert und damit am ehesten den Beginn des Schwarzen Todes repräsentiert, stammt das russische Genom aus den Jahrzehnten nach dem Abklingen der Pandemie. Die Ellwanger Probe ist einem späteren Pestausbruch im 16. Jahrhundert zuzurechnen. „Wir haben gehofft, durch die Untersuchung von Pestopfern verschiedener Pestwellen, unterschiedliche Entwicklungsstufen des Bakteriums im mittelalterlichen Europa erfassen zu können“, sagt Maria Spyrou, die Hauptautorin der Studie.

Aus historischen Quellen lässt sich schließen, dass die Pest in der zweiten Hälfte des 14. Jahrhunderts in Richtung Nordosteuropa nach Russland reiste. Was die Geschichtsbücher nicht verraten, ist, dass die Pest damit nicht gebannt war. Schon 2014 wurde spekuliert, dass die Pest von Russland aus weiter nach China wanderte. „Unsere Arbeit bietet erstmals genetische Belege dafür, dass mit dem Abklingen des Schwarzen Todes in Mitteleuropa, Stämme der europäischen Pest nach Osten wanderten, am Ende des 14. Jahrhunderts das Gebiet der Goldenen Horde im heutigen Russland erreichten und schließlich bis nach China gelangten, wo sie die dritte weltweite Pestpandemie auslösten, die in der Mitte des 19. Jahrhunderts begann“, erläutert Johannes Krause, Direktor am Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte die Ergebnisse.

Alexander Herbig, Experte für Pathogenomik und weiterer Leiter der Studie fügt hinzu: „Obwohl heute in China verschiedene Stämme des Pesterregers existieren, hat nur die Abstammungslinie, die Jahrhunderte zuvor in Europa den Schwarzen Tod verursacht hat, Südostasien im späten 19. Jahrhundert verlassen und sich schnell nahezu über die ganze Welt verbreitet.“

Europa für mehrere Jahrhunderte ein Hot-Spot für die Pest?

Auch wenn der Schwarze Tod nach 1353 nachließ, gab es bis ins 18. Jahrhundert hinein immer wieder Pestausbrüche in Europa. Wo sich der mittelalterliche Pesterreger zwischen den Krankheitswellen verbarg, ist umstritten. Zu Beginn dieses Jahres berichteten Forscherinnen und Forscher, die auch an dieser Studie beteiligt sind, von einem Peststamm, der für die große Pest von Marseille, 1720-1722, dem wahrscheinlich letzten Pestausbruch in Europa, verantwortlich ist und nach heutigen Erkenntnissen nicht mehr existiert. Nun legt seine enge Verwandtschaft mit dem Ellwanger Pesterreger aus dem 16. Jahrhundert nahe, dass der Pesterreger nicht weit kam. Anders als Marseille liegt Ellwangen fernab jeder Küste und großen Handelswegen. Das Vorhandensein einer gemeinsamen Abstammungslinie der Pest in beiden Städten, legt nach Meinung des Forschungsteams nahe, Europa als mittelalterlichen Pest-Hotspot anzunehmen. „Die Hinweise verdichten sich, dass das Pestbakterium sich noch über Jahrhunderte nach dem Ende des Schwarzen Todes in Europa aufhielt“, sagt Kirsten Bos, Paläopathologin am Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte. „Die Gründe für das Verschwinden des Pesterregers aus Europa, bleiben jedoch ein Geheimnis.“

#### Originalveröffentlichung

Maria A. Spyrou, Rezeda I. Tuxhatova, Michal Feldman, Joanna Drath, Sacha Kacki, Julia Beltrán de Heredia, Susanne Arnold, Airat G. Sitdikov, Dominique Castex, Joa-chim Wahl, Ilgizar R. Gazimzyanov, Danis K. Nurgaliev, Alexander Herbig, Kirsten I. Bos, and Johannes Krause (2016), Historical *Y. pestis* genomes reveal the European Black Death as the source of ancient and modern plague pandemics, *Cell Host & Microbe*.

#### Weitere Informationen

Prof. Dr. Johannes Krause  
E-Mail: [krause@shh.mpg.de](mailto:krause@shh.mpg.de)  
Tel. 03641-686 600

Dr. Kirstin Bos  
E-Mail: [bos@shh.mpg.de](mailto:bos@shh.mpg.de)  
Tel. 03641-686 678

Dr. Alexander Herbig  
E-Mail: [herbig@shh.mpg.de](mailto:herbig@shh.mpg.de)  
Tel. 03641-686 628

URL zur Pressemitteilung: <http://www.shh.mpg.de>



Massengrab von Pestopfern eines Krankheitsausbruchs im 16. Jahrhundert in Ellwangen, Süddeutschland. Von hier stammt einer der Erregerstämme, dessen Genom für die aktuelle Studie rekonstruiert wurde.  
Copyright: Rainer Weiss, Landesamt für Denkmalpflege, Baden-Württemberg