



# Pressemitteilung

## Der Schwarze Tod als Ursprung heutiger Pestausbrüche

**Forscher der Universität Tübingen sind an der genetischen Rekonstruktion der Historie des Krankheitserregers beteiligt**

**Dr. Karl Guido Rijkhoek**  
Leiter

**Janna Eberhardt**  
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788  
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566  
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de  
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

[www.uni-tuebingen.de/aktuell](http://www.uni-tuebingen.de/aktuell)

**Max-Planck-Institut für  
Menschheitsgeschichte**

**Petra Mader**  
Pressebeauftragte  
Telefon +49 3641 686-960  
presse[at]shh.mpg.de

[www.shh.mpg.de](http://www.shh.mpg.de)

Tübingen, den 08.06.2016

Ein einzelner Stamm des Pestbakteriums *Yersinia pestis* hat zum Ausbruch mehrerer historischer und neuzeitlicher Pestepidemien rund um den Globus geführt. Das zeigen 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 und Beteiligung der Universität Tübingen.

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. 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 in *Cell Host&Microbe* veröffentlichte Studie historische Genome des Pesterregers *Yersinia pestis* aus Massengräbern in Barcelona, Spanien und Ellwangen in Süddeutschland sowie aus einem Einzelgrab in Bolgar, Russland, rekonstruiert und mit historischen sowie heutigen Erreger-Genomen verglichen. In Ellwangen waren vor einigen Jahren menschliche Skelette in Massengräbern am Marktplatz entdeckt worden, unter anderem Massengräber, die auf das 16. Jahrhundert datieren. Dr. Susanne Arnold vom Landesdenkmalamt Baden-Württemberg und Professor Joachim Wahl, der auch am Arbeitsbereich Paläoanthropologie der Universität Tübingen tätig ist, stellten Skelettproben zur Verfügung und halfen bei der Aufarbeitung zum Nachweis des Pesterregers.

Während der spanische Erreger auf die Mitte des 14. Jahrhundert datiert wurde 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 Pestausbuch 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 und Professor an der Universität Tübingen, 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 Pestausbüche 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 Pestausbuch 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 der großen Handelswege. 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.“



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

### Originalveröffentlichung

Maria A. Spyrou, Rezeda I. Tukhbatova, Michal Feldman, Joanna Drath, Sacha Kacki, Julia Beltrán de Heredia, Susanne Arnold, Airat G. Sitdikov, Dominique Castex, Joachim 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*, DOI 10.1016/j.chom.2016.05.012.

### Weitere Informationen:

Prof. Dr. Johannes Krause  
Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte, Jena und  
Universität Tübingen  
Telefon +49 3641 686-600  
krause[at]shh.mpg.de

Dr. Kirstin Bos  
Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte, Jena, Tel. 03641-686 628  
bos[at]shh.mpg.de

Dr. Alexander Herbig  
Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte Jena,  
Tel. 03641-686 678  
herbig[at]shh.mpg.de