

Ein schärferes Bild der Pandemie: Neue Studie deckt die komplexe Geschichte der Pest nach dem Schwarzen Tod auf

Der Schwarze Tod hat sich als ein einziges katastrophales Ereignis in das kollektive Gedächtnis eingeschrieben, das zwischen 1347 und 1353 über Europa hinwegfegte und Millionen Menschen das Leben kostete. Doch die Pest verschwand nach diesem ersten verheerenden Ausbruch nicht. Über vier Jahrhunderte lang kehrte die Krankheit in wiederkehrenden Wellen zurück und veränderte die Gesellschaft, Wirtschaft und Kultur in ganz Europa und darüber hinaus. Eine neue Studie unter der Leitung von Dr. Marcel Keller (Universität Basel/Universität Tartu) und unter Mitarbeit des Archäologischen Dienstes Graubünden wirft neues Licht auf diese lange und komplexe Geschichte, indem sie die DNA des Pestbakteriums analysiert, die in archäologischen menschlichen Überresten erhalten geblieben ist.

Das internationale Forschungsteam rekonstruierte 26 Genome von *Yersinia pestis*, dem für die Pest verantwortlichen Bakterium, aus 11 archäologischen Fundstätten in Estland, Russland, England, den Niederlanden und der Schweiz. Die Proben umfassen einen Zeitraum vom 14. bis zum 18. Jahrhundert und decken einen Grossteil der sogenannten Zweiten Pestpandemie ab.

Die Ergebnisse enthüllen die komplexe Geschichte der Pest mit beispielloser Genauigkeit. Anstatt nach dem Schwarzen Tod an einem einzigen Ort fortzubestehen, tauchte die Pest über mehrere Jahrhunderte hinweg wiederholt in verschiedenen Teilen Europas wieder auf und schuf so zahlreiche neue Reservoirs.

Eines der bemerkenswertesten Ergebnisse der Studie war der Nachweis einer erheblichen Ausbreitung von Pest-Stämmen um 1450–1500. In diesem Zeitraum teilte sich der Erregerstamm in drei Hauptzweige auf, die möglicherweise neue Reservoirs in wildlebenden Nagetierpopulationen etabliert haben.

Die Forscher*innen vermuten, dass dabei klimatische Veränderungen eine Rolle gespielt haben könnten. Ein möglicher Faktor ist eine ausgeprägte Dürrephase während der Renaissancezeit. Moderne Studien haben gezeigt, dass das Klima einen starken Einfluss auf Pestausbrüche bei wildlebenden Nagetieren hat, die auch heute noch als natürliche Reservoirs der Krankheit dienen.

Kriege trugen zur Ausbreitung der Pest bei

Die Studie verdeutlicht zudem, wie stark menschliche Aktivitäten den Verlauf von Pestepidemien geprägt haben. Neu analysierte Genome liefern zusätzliche Belege für Ausbrüche im Zusammenhang mit dem Dreissigjährigen Krieg (1618–1648) und dem Grossen Nordischen Krieg (ca. 1700–1721). Dem Team zufolge breitete sich die Pest

häufig entlang derselben Routen aus, die von Armeen, Flüchtlingen und Händlern genutzt wurden.

Ein Beispiel dafür sind Gräber aus Domat/Ems (Graubünden), die auf einem Sonderbestattungsplatz rund um die Kirche Sogn Pieder gefunden wurden. „Wir fanden mehrere Gräber mit zwei bis vier Individuen vor und es fiel ein Überschuss an jungen Männern auf. Grabbeigaben und Reste militärischer Ausrüstung gaben schliesslich den Hinweis, dass es sich bei den Bestatteten um Opfer einer Pestwelle zur Zeit der Bündner Wirren handeln könnte, einem Nebenschauplatz des Dreissigjährigen Kriegs“ sagte Kantonsarchäologe Dr. Thomas Reitmaier.

Von zwei Pestopfern konnten schliesslich komplette Genome rekonstruiert werden, die tatsächlich eng verwandt sind mit anderen Pestgenomen aus dem Dreissigjährigen Krieg. Interessanterweise handelte es sich bei dem nächstverwandten Genom nicht um eines aus dem französischen oder italienischen Alpenraum, sondern um eines aus Brandenburg an der Havel.

„Wir sehen daran, wie sich *Yersinia pestis* in Konfliktzeiten in neue Zweige aufspaltete und sich entlang der Routen ausbreitet, die von auch Truppen und Vertriebenen zurückgelegt wurden“, sagte die leitende Autorin Dr. Christiana L. Scheib.

Allgemeiner betrachtet zeigt die Forschung, dass die Pest keine einmalige historische Katastrophe war, sondern eine wiederkehrende Bedrohung, die Generation für Generation Städte und Regionen verwüstete.

„Wir fanden auch Hinweise auf wiederholte Einschleppungen der Pest nach Estland, die bereits im späten 14. Jahrhundert begannen, und identifizierten mehrere bisher unbekannte genetische Linien, sowohl in städtischen als auch in ländlichen Gebieten“, sagte die leitende Autorin Prof. Kristiina Tambets. „Die jüngsten Genome stammen aus Gräbern, die während der Belagerung von Tallinn 1710 angelegt wurden, sowohl für die Zivilbevölkerung als auch schwedische und russische Soldaten.“

Präziserer Zeitrahmen

Einer der innovativsten Aspekte der Studie war eine neue Methode zur Zuordnung historischer Pestausbrüche zu den gewonnenen Pestgenomen. Die Bedeutung dieses Ansatzes lässt sich anhand eines Vergleichs mit der COVID-19-Pandemie veranschaulichen. Während der Coronavirus-Krise konnten Wissenschaftler*innen die Ausbreitung verschiedener Varianten nachverfolgen, da die Genomsequenzen mit genauen Entnahmedaten versehen waren. Bei historischen Pandemien ist das anders: Archäologische Überreste lassen sich oft nur über die Radiokarbon-Methode datieren, was oft in Zeitintervallen von mehr als einem Jahrhundert resultiert.

„Bei COVID-19 konnte die Ausbreitung einzelner Stämme äusserst gut rekonstruiert werden, da die Genome mit präzisen Zeitstempeln versehen waren. Bei historischen Pandemien fehlen diese Zeitstempel oft oder können einen Zeitraum von mehr als 100 Jahren umfassen, was das Potenzial für die Interpretation der genetischen Daten extrem einschränkt“, erklärte der Hauptautor Dr. Marcel Keller, inzwischen Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Departement Umweltwissenschaften der Universität Basel. „Um diese Herausforderung zu bewältigen, entwickelten wir eine Methode, die die Genauigkeit dieser Zeitintervalle verbessert und ihre Gesamtspannen reduziert. Durch die Analyse der Position der Pestgenome im Stammbaum des Bakteriums gelang es uns, die Datierungen vieler Proben weiter einzugrenzen und sie in einen viel klareren historischen Kontext einzuordnen.“

Anhand dieser verbesserten Datierungen werteten die Forscher anschliessend 64 bereits veröffentlichte und 11 neu sequenzierte Pestgenome neu aus. Das Ergebnis ist der erste systematische Versuch, nahezu alle derzeit verfügbaren Pestgenome aus dem 14. bis 18. Jahrhundert mit historisch dokumentierten Ausbrüchen in Verbindung zu bringen.

„Wir konnten die Datierungsintervalle für viele Proben verfeinern, wodurch es uns gelang, sie mit bestimmten Pestwellen und -ausbrüchen in Verbindung zu bringen, die von Chronisten in den jeweiligen Städten oder Regionen aufgezeichnet wurden“, sagte der Historiker und korrespondierende Autor Prof. Philip Slavin.

Warum dies heute von Bedeutung ist

Obwohl die Pest in Europa heute keine Gefahr mehr für die öffentliche Gesundheit darstellt, ist die Krankheit nicht verschwunden. *Yersinia pestis* verursacht bis heute jährlich Todesfälle in Asien, Afrika, Nord- und Südamerika, wo sich der Erreger in Nagetierreservoirien dauerhaft einnisten konnte.

Die Forscher argumentieren, dass das Verständnis darüber, wie sich die Pest nach dem Schwarzen Tod etablierte, über Jahrhunderte fortbestand und schliesslich aus Europa verschwand, Wissenschaftlern helfen kann, die langfristige Dynamik von Infektionskrankheiten besser zu verstehen.

Durch die Verknüpfung alter Pestgenome mit historischen Ausbrüchen und potenziellen Reservoirpopulationen liefert die Studie neue Einblicke darin, wie Pandemien ausbrechen, sich ausbreiten und über die Zeit hinweg fortbestehen. Dieses Wissen könnte auch zur modernen Krankheitsüberwachung und zu Massnahmen im Bereich der öffentlichen Gesundheit beitragen, die darauf abzielen, aktuelle Pestherde ausserhalb Europas unter Kontrolle zu halten.

Länder- und disziplinübergreifende Zusammenarbeit

Die Studie wurde durch eine interdisziplinäre und internationale Zusammenarbeit ermöglicht. Proben und Fachwissen stammten von Partnern aus ganz Europa, darunter Forscher*innen der Universität Cambridge sowie Kooperationspartner*innen aus den Niederlanden und der Schweiz. Durch die Kombination von Paläogenetik, Archäologie, Geschichte und Radiokarbondatierung hat das Team das bislang umfassendste genetische Bild der zweiten Pestpandemie erstellt und neue Einblicke darin gewonnen, wie eine der tödlichsten Krankheiten der Geschichte Europa über Jahrhunderte hinweg geprägt hat.

Abbildungen:

Abb. 1:

Massengrab mit Pestopfern aus Domat/Ems, Sogn Pieder (Schweiz), das mit einer Pestepidemie während des Dreissigjährigen Krieges (ca. 1629–1631) in Verbindung steht. Analysen an Grab 24 ergaben ein vollständiges *Yersinia pestis*-Genom.
Bildnachweis: Archäologischer Dienst des Kantons Graubünden

Abb. 2:

Schematischer Arbeitsablauf von der Datenerfassung bis hin zur neu entwickelten „phylogenetisch informierten Radiokarbon-Modellierung“ und der historischen Kontextualisierung. Piktogramme wurden von Flaticon.com angepasst.