HAL open science

Une histoire plurimillénaire de la peste exhumée par les sciences archéologiques

Sacha Kacki, Dominique Castex

To cite this version:

Sacha Kacki, Dominique Castex. Une histoire plurimillénaire de la peste exhumée par les sciences archéologiques. Les Nouvelles de l'archéologie, 2022, 169, pp.46-51. hal-04287864

HAL Id: hal-04287864

https://inrap.hal.science/hal-04287864

Submitted on 15 Nov 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Copyright

Une histoire plurimillénaire de la peste exhumée par les sciences archéologiques

Sacha Kacki
Chargé de recherche, CNRS, UMR 5199 PACEA, Université de Bordeaux, Pessac, France & Honorary Research Fellow, Department of Archaeology ; Durham University, Durham, Royaume-Uni. sacha.kacki@cnrs.fr

Dominique Castex
Directrice de recherche, CNRS, UMR 5199 PACEA, Université de Bordeaux, Pessac, France. dominique.castex@u-bordeaux.fr

Résumé : Isolé en 1894, l'agent pathogène *Yersinia pestis* a de longue date été considéré comme la cause probable de deux grandes pandémies historiques, qui ont respectivement frappé l'Europe ente le VIe et le VIIIe siècle et entre le XIVe et le XVIIIe siècle. D'autres hypothèses diagnostiques ont toutefois été avancées, sans qu'il soit possible de trancher de manière définitive sur la base de l'étude des seules sources historiques. À cet égard, les données issues de l'archéologie sont, ces dernières années, venu éclairer d'un jour nouveau nos connaissances sur ces crises de mortalité et, plus généralement, sur l'histoire ancienne de la peste. L'identification de sites funéraires en lien avec ces pandémies, sur la base d'indices archéologiques et paléobiologiques, a notamment offert une opportunité unique de rechercher les traces moléculaires de l'agent pathogène causal au sein des squelettes qui en furent exhumés. Ces travaux paléogénomiques, en permettant l'identification répétée du bacille pesteux, ont ainsi démontré l'unicité étiologique des trois pandémies historiques. Élargies à l'étude d'ensembles funéraires plus anciens, ces analyses ont en outre conduit à la reconnaissance de cas de peste humaine néolithiques et protohistoriques, faisant ainsi remonter de plusieurs millénaires en arrière nos connaissances sur l'histoire de la maladie. L'étude du génome des souches bactériennes incriminées a par ailleurs mis en évidence que les plus anciennes étaient probablement incapables de se transmettre d'hôte en hôte par l'intermédiaire d'ectoparasites vecteurs, et a révélé la cohabitation de deux lignées distinctes du bacille en Eurasie durant l'âge du Bronze, dont une seule pouvait causer une peste bubonique. Les données phylogénétiques acquises, couplées au données paléobiologiques informatives sur la sélectivité biologique de la maladie (suivant l'âge, le sexe ou l'état de santé préexistant des individus), permettent ainsi peu à peu de retracer l'histoire évolutive de l'agent pathogène et les changements qu'a connus l'épidémiologie de la maladie au fil des siècles.

Mots-clefs : *Yersinia pestis*, épidémies, paléogénomique, ADN ancien, sépultures multiples

Abstract: First isolated in 1894, the bacteria *Yersinia pestis* has long been considered the probable cause of two major historical pandemics, which struck Europe between the 6th and 8th centuries and between the 14th and 18th centuries, respectively. However, other diagnostic hypotheses were put forward and no definitive conclusion could be drawn on the basis of historical sources alone. In this respect, data from archaeology recently shed new light on these mortality crises and, more generally, on the ancient history of the plague. The identification of burial sites related to these pandemics, based on archaeological and palaeobiological evidence, has provided a unique opportunity to search for pathogen aDNA in the skeletons from those sites. Palaeogenomic research, by repeatedly identifying the plague bacillus in these remains, has demonstrated that the same etiological agent caused all three historical pandemics. In addition, palaeogenomic research on older burial assemblages led to the recognition of Neolithic and Protohistoric cases of human plague, thus extending our knowledge of the history of the disease by several millennia. Genome analysis of the bacterial strains involved revealed that the oldest strains were probably unable to pass from one host to another via ectoparasitic vectors, and showed that two distinct lineages of the bacillus coexisted in Eurasia during the Bronze Age, only one of which could cause bubonic plague. These phylogenetic data, combined with palaeobiological data informative on the biological selectivity of the disease (according to the age, sex or pre-existing

state of health of the individuals), progressively makes it possible to trace the evolutionary history of the pathogen and the changes in the epidemiology of the disease over the centuries.

Keywords: *Yersinia pestis*, epidemics, paleogenomics, ancient DNA, mass graves

Yersinia pestis. Tel est le nom qui fut donné dans le courant du XXe siècle à la bactérie responsable d'une des maladies les plus meurtrières à laquelle l'espèce humaine a eu à faire face : la peste. *Yersinia*, du nom de son inventeur, Alexandre Yersin, qui en isola le bacille responsable à la fin du XIXe siècle lors d'une importante épidémie qui frappait alors la ville de Hong Kong (Yersin 1894) ; *pestis*, pour rendre compte du caractère implacable de la maladie, pestilence s'il en est, considérée de longue date comme la cause de nombre des vagues de mortalité qui frappèrent les populations européennes au cours du Moyen Âge et de l'Époque moderne.

En effet, si la cause (une entérobactérie) et le mode de transmission préférentiel de la maladie (la piqûre de puces s'étant précédemment nourries sur des rongeurs infectés) ne furent découverts qu'à la fin du XIXe siècle, des historiens ont depuis longtemps postulé que la maladie aurait été responsable de deux grandes pandémies antérieurement à celle qui éclata à cette période. La première d'entre elles, dite peste de Justinien, correspond à une série de vagues épidémiques qui affectèrent les pays du bassin méditerranéen entre le VIe et le VIIIe siècle de notre ère. La deuxième, qui prit probablement naissance aux confins de la Chine et du Tibet dans le courant du XIIIe siècle (Green 2018), frappa quant à elle, à partir du milieu du XIVe siècle, l'ensemble de l'Europe, l'Afrique du Nord et le Moyen-Orient, entraînant des millions de décès lors de sa seule vague initiale (la tristement célèbre Peste noire), puis des millions d'autres lors de nombreuses résurgences qui se succédèrent des siècles durant (jusqu'au début du XVIIIe siècle en Europe). L'attribution de ces deux pandémies à la peste fut toutefois longtemps sujette à controverse, certains chercheurs ayant argué qu'elles pourraient avoir été causées par d'autres maladies. Ce débat, de même que la question de l'ancienneté des cas de peste humaine, ne pouvaient être tranchés de manière définitive sur la base des seules sources historiques qui, quoiqu'abondantes et parfois détaillées, n'autorisent le plus souvent que des hypothèses diagnostiques. À cet égard, les données fournies par les sciences archéologiques[1] sont venues ces dernières années éclairer d'un jour nouveau nos connaissances sur ces pandémies et, plus généralement, sur l'histoire ancienne de la peste.

Identifier la peste dans l'enregistrement archéologique

Les épidémies de peste, de même que celles causées par d'autres maladies infectieuses, n'ont laissé dans les archives du sol que des traces relativement ténues. Les plus perceptibles et nombreuses sont sans nul doute les sépultures de leurs victimes qui, par chance, comptent aussi parmi les plus informatives. Elles renseignent en effet de manière directe sur l'identité biologique des victimes (Castex 2008 ; Kacki 2017), sur les modalités funéraires adoptées pour assurer la mise en terre de leurs cadavres (Kacki et Castex 2012 ; Castex et Kacki 2013, 2020), ainsi que, parfois, sur l'agent pathogène lui-même (Haensch *et al.* 2010 ; Bos *et al.* 2011 ; Spyrou *et al.* 2016). Encore faut-il toutefois parvenir à identifier ces sépultures particulières dans l'enregistrement archéologique, en les distinguant de celles des autres défunts.

[1] Les sciences archéologiques regroupent l'ensemble des disciplines et méthodes appliquées à l'étude des structures et vestiges archéologiques. Elles incluent notamment les approches biomoléculaires, parmi lesquelles la paléogénomique, qui a révolutionné les connaissances sur l'histoire passée de la peste au cours de la dernière décennie.

Cette entreprise est loin de relever de l'évidence. Maladie aiguë se soldant par le décès ou la guérison en l'espace d'à peine quelques jours, la peste n'entraine en effet aucune lésion squelettique et ne peut donc pas être diagnostiquée sur la base d'un examen visuel, microscopique ou radiologique des vestiges humains – *a contrario* de certaines maladies infectieuses chroniques (p. ex. tuberculose, syphilis). Par conséquent, l'identification des victimes de la maladie s'appuiera généralement, en premier lieu, sur des preuves archéologiques témoignant d'une crise de mortalité. L'indice le plus patent en ce sens est l'inhumation concomitante de plusieurs cadavres dans une même tombe, qui rend compte d'un accroissement ponctuel de la mortalité ayant contraint à l'abandon temporaire des règles funéraires d'usage. Ces sépultures particulières, dites « multiples », peuvent être facilement détectées lors d'interventions archéologiques, pour peu que des méthodes de fouille et d'enregistrement appropriées soient utilisées. À cet égard, l'étude de la répartition spatiale des ossements et de leurs relations réciproques s'avère primordiale, pour différencier les sépultures multiples de sépultures dites collectives (Duday 2008 ; Castex *et al.* 2014) – ces dernières correspondant à des lieux où les corps ont été déposés successivement au fil du temps et non lors d'un seul épisode. Dans les secondes, les nouveaux dépôts auront entrainé des perturbations dans l'agencement des restes osseux des sujets précédemment inhumés, par contraste avec la juxtaposition de squelettes en connexion qui caractérise les sépultures multiples.

Une fois faite la démonstration de la simultanéité des dépôts, l'étude des sépultures aura pour objectif d'appréhender la nature de l'évènement à l'origine de décès rapprochés. L'examen des restes squelettiques pourra en ce sens fournir certains éléments d'intérêt, en révélant en premier lieu si ceux-ci présentent des lésions traumatiques péri-mortem, qui indiqueront dès lors des morts violentes (p. ex. faits de guerres, catastrophes naturelles) et excluront l'hypothèse d'une épidémie[2]. En leur absence, cette dernière hypothèse sera au contraire privilégiée et d'autres analyses pourront être entreprises pour tenter de révéler l'agent pathogène potentiellement incriminé. L'étude de la composition par âge et par sexe des échantillons de squelettes exhumés des sépultures sera à cet égard particulièrement utile, en cela qu'elle permettra de rechercher des spécificités de ponction démographique pouvant être rapprochées de celles caractérisant une maladie donnée. En effet, la mortalité diffère d'un type d'épidémie à l'autre, certaines maladies ciblant un sexe plutôt que l'autre ou préférentiellement certaines classes d'âge. Cette démarche, appliquée en premier lieu dans les années 1990 à des cimetières dont le lien avec la peste était fortement suspecté sur la base de sources historiques, a permis de mettre en évidence la structure démographique particulière des échantillons de squelettes qui en provenaient, leur profils de mortalité par âge se caractérisant notamment par une sous-représentation des jeunes enfants et une surreprésentation des enfants de plus de 5 ans, des adolescents et des jeunes adultes en comparaison de ce qui s'observe dans un contexte de mortalité naturelle (Castex 2005). Sa transposition à l'étude de cimetières pour lesquels la nature des décès n'était pas documentée a par la suite permis, sur la base des concordances relevées avec ces profils démographiques, de privilégier le lien de différents sites funéraires avec des épidémies de peste (Castex 2008 ; Castex et Kacki 2016) et de distinguer ces dernières d'autres causes de surmortalité – comme par exemple des épisodes de famine (de Lépinau *et al.* 2021).

En parallèle, ont émergées depuis la fin des années 1990 des méthodes de laboratoire permettant de détecter les vestiges moléculaires d'organismes pathogènes dans les restes squelettiques. Dans un premier temps limitées à la recherche de courtes séquences d'ADN (p. ex. Drancourt *et al.* 1998 ; Drancourt *et al.* 2004 ; Wiechmann et Grupe 2005) ou d'antigènes (p. ex. Pusch *et al.* 2004 ; Kacki *et al.* 2011) ciblés pour leur spécificité à une espèce bactérienne données, approches dont la fiabilité fit l'objet de vives controverses (pour revue, voir Little 2011), ces méthodes ont connu, ces dix dernières

[2] C'est le cas, entre autres exemples, des sépultures multiples de Tàrrega (Espagne) qui, bien que contemporaines de la Peste noire, ne sont pas liées à la peste elle-même, mais à un massacre de la population juive locale, accusée d'avoir répandu la maladie (Colet *et al.* 2014).

années, une véritable révolution grâce à des avancées techniques et le développement de nouveaux outils bio-informatiques. Elles permettent ainsi aujourd'hui non seulement d'identifier de manière fiable les organismes pathogènes, mais également de séquencer tout ou partie de leur génome. Ces méthodes nouvelles ont depuis lors conduit à l'identification du bacille pesteux dans les restes squelettiques exhumés de nombreux ensembles funéraires archéologiques (p. ex. Haensch *et al.* 2010 ; Bos *et al.* 2011 ; Namouchi *et al.* 2018 ; Keller *et al.* 2019 ; Spyrou *et al.* 2019), autorisant dès lors un diagnostic rétrospectif certain de la maladie[3].

La cause des pandémies historiques révélée

L'identification de sépultures de pestiférés dans l'enregistrement archéologique apporte des données d'importance pour la connaissance de l'histoire passée de la peste et des épidémies qu'elle a causées. Ainsi, les travaux menés sur divers ensembles funéraires du haut Moyen Âge, du bas Moyen Âge et de l'Époque moderne ont apporté un éclairage nouveau à un débat qui animait la communauté des historiens depuis des décennies. Ces chercheurs étaient en effet divisés sur la question de la cause réelle des deux premières pandémies historiques, seule la troisième pouvant être mise avec certitude au crédit du bacille pesteux. Fondant leurs raisonnements sur les divergences entre les symptômes rapportés dans les archives historiques et ceux décrits pour les épidémies de peste de la fin du XIXe et du XXe siècle, certains auteurs ont avancé que ces anciennes épidémies pourraient avoir été causées par d'autres maladies, parmi lesquelles une fièvre hémorragique virale (Duncan et Scott 2005) ou la maladie du charbon (Cantor 2001).

Les travaux de paléogénomique, en permettant l'identification répétée de séquences d'ADN spécifiques au bacille pesteux dans les restes squelettiques de victimes d'épidémies relevant des première et deuxième pandémies (Haensch *et al.* 2010 ; Spyrou *et al.* 2016 ; Keller *et al.* 2019), sont, depuis, venus clore ce débat. Ces recherches ont démontré l'unicité étiologique des trois pandémies historiques, validant par là même l'hypothèse avancée de longue date par nombre d'historiens. Plus encore, elles ont permis de préciser que les souches incriminées dans ces deux pandémies présentaient un génome proche de celles actuellement en circulation et portaient notamment les mêmes facteurs de virulence. Les modes de diffusion de la maladie et son action pathogène sur l'organisme humain étaient donc vraisemblablement semblables à ceux décrits pour des épidémies de peste contemporaines. Une exception notable doit toutefois être mentionnée concernant les souches bactériennes responsables des dernières vagues épidémiques de chacune des deux premières pandémies, qui présentent une délétion de deux gènes voisins (*mgtB* et *mgtC*) impliqués dans la survie intracellulaire de *Y. pestis* dans les macrophages (Keller *et al.* 2019 ; Spyrou *et al.* 2019). Si cette mutation n'a à priori pas induit une perte de virulence du bacille, à en juger par sa présence chez des victimes de la très meurtrière Grande Peste de Marseille (1720-1722), sa cooccurrence au sein des lignées terminales de la première et de la deuxième pandémie pourrait laisser envisager qu'elle eut un impact sur la capacité de la bactérie à se maintenir à l'état endémique chez les hôtes mammifères et/ou chez les arthropodes qui en constituaient les vecteurs, précipitant par deux fois sa disparition du continent européen.

Une histoire de la peste avant l'Histoire

Au-delà de la confirmation qu'elles ont apportée quant à la nature de la maladie responsable des deux grandes pandémies historiquement attestées, les sciences archéologiques ont récemment fourni

[3] Ces méthodes ont également permis d'exclure le lien de certains sites funéraires avec une épidémie de peste en révélant l'ADN d'agents pathogènes responsables d'autres maladies épidémiques (voir, à titre d'exemple, l'étude récente du site médiéval de Lübeck attribué à une épidémie de fièvre paratyphoïde : Haller *et al.* 2021).

des données inédites sur la diffusion de la peste au sein de l'espèce humaine antérieurement à ce que l'on en connaît par les sources textuelles. La multiplication des analyses paléogénomiques de vestiges humains anciens et le déploiement de nouveaux outils bio-statistiques permettant la recherche systématique des séquences d'ADN de dizaines d'organismes pathogènes ont en effet permis, ces dernières années, d'identifier des souches ancestrales de *Y. pestis* chez plusieurs individus datant de la fin du Néolithique, de l'âge du Bronze et de l'âge du Fer (Rasmussen *et al.* 2015 ; Andrades Valtueña *et al.* 2017 ; Spyrou *et al.* 2018 ; Rascovan *et al.* 2019 ; Susat *et al.* 2021)[4]. Les résultats de ces travaux, qui placent actuellement les plus anciens cas de peste il y a plus de 5000 ans, font ainsi remonter de plusieurs millénaires en arrière nos connaissances sur l'histoire de la maladie.

L'examen du génome de ces souches ancestrales de *Y. pestis* a en outre permis de retracer l'évolution qu'a connue la bactérie depuis son émergence, que l'on estime être intervenue il y quelque 7000 ans (Spyrou *et al.* 2018 ; Susat *et al.* 2021). Les travaux pionniers de Rasmussen et collaborateurs (2005), portant sur six individus de l'âge du Bronze et un individu de l'âge du Fer, ont ainsi révélé que les souches bactériennes ayant infecté les premiers étaient toutes dépourvues du gène *ymt*, lequel était au contraire présent chez la souche de l'âge du Fer, comme il l'est chez celles responsables des pandémies historiques et la plupart de celles en circulation aujourd'hui en différentes régions du globe. En l'absence de ce gène, qui code pour une phospholipase D protégeant le bacille lorsqu'il se retrouve dans le système digestif des puces (Hinnebusch *et al.* 2002), ces souches étaient probablement incapables de se transmettre d'hôte en hôte par l'intermédiaire de ces ectoparasites. Elles ne pouvaient donc pas causer la forme bubonique de la maladie – qui résulte spécifiquement de ce mode de contamination – et entraînaient certainement des formes pulmonaires et/ou septicémiques. Si le mécanisme par lequel ces souches bactériennes ont pu infecter les humains demeure du domaine des hypothèses, le parallélisme fort entre leur phylogéographie et les migrations humaines contemporaines laissent envisager qu'elles pourraient s'être maintenues à l'état endémique au sein d'espèces qui les ont accompagnées dans leurs déplacements et s'être potentiellement transmises d'homme à homme par voie aérienne.

L'hypothèse d'une acquisition relativement tardive du gène *ymt* dans l'évolution de *Y. pestis* a, depuis cette étude, étaient confortée par d'autres travaux, qui ont révélé son absence chez d'autres souches bactériennes datant de la fin du Néolithique et du début de l'âge du Bronze (Andrades Valtueña *et al.* 2017 ; Rascovan et al. 2019 ; Susat *et al.* 2021). Pour autant, une étude récente est venue complexifier quelque peu le récit de l'histoire évolutive de la peste, en révélant deux génomes de *Y. pestis* vieux de 3800 ans où ce gène est au contraire présent (Spyrou *et al.* 2018). Ce résultat suggère que cohabitaient probablement en Eurasie, durant l'âge du Bronze, au moins deux lignées distinctes du bacille, l'une étant capable de se transmettre par l'intermédiaire de puces et de causer une peste bubonique, tandis que la seconde en était incapable, ce qui pourrait avoir contribué à son extinction dans le courant de la période protohistorique. À ce jour, les données disponibles ne permettent pas d'évaluer de manière fiable si toutes deux affectaient selon une même prévalence les populations humaines, ni de mesurer l'impact qu'eurent les comportements de ces dernières sur leur diffusion. Il n'en demeure pas moins qu'existaient déjà, plus de deux millénaires avant la première pandémie de peste historiquement documentée, des souches de *Y. pestis* dotées des mêmes facteurs de virulence et facultés de diffusion que celles responsables des épidémies meurtrières du Moyen Âge et de l'Époque moderne.

[4] Les individus concernés étaient pour la plupart inhumés dans des sépultures individuelles, plus rarement dans une sépulture collective (sépulture ayant accueilli des dépôts successifs de cadavres au fur et mesure des décès). Seuls font exception deux individus du site russe de Samara (Spyrou *et al.* 2018), inhumés dans une sépulture double (dépôts simultanés de deux cadavres). Dans tous les autres cas, la recherche et l'identification des souches de *Y. pestis* s'est faite dans le cadre d'études prospectives appliquées à de larges échantillons de squelettes pré- et protohistoriques.

L'épidémiologie des pestes anciennes revisitée

De ces épidémies, les sources historiques ont relaté l'extrême brutalité, la progression inexorable, l'immense coût humain. Mais des nombreux récits qui nous sont parvenus, peu de conclusions peuvent être tirées concernant les caractéristiques épidémiologiques de la maladie. En effet, tandis que certaines sources suggèrent une mortalité uniforme, indépendamment de l'âge, du sexe ou du statut socio-économique, d'autres lui prêtent un caractère sélectif, lui attribuant toutefois variablement une prédilection pour les hommes ou pour les femmes, pour les enfants ou pour les personnes âgées, ou encore pour les pauvres ou pour les riches. Les sciences archéologiques viennent, là encore, pallier certaines limites de la documentation historique, en permettant, par l'analyse anthropologique des squelettes exhumés des cimetières de pestiférés, de révéler quelles franges biologiques de la population y étaient représentées.

Les travaux bio-archéologiques sur la sélectivité de la peste ont, à ce jour, essentiellement porté sur la deuxième pandémie. Plusieurs chercheurs anglo-saxons ont notamment tenté d'évaluer les spécificités de la mortalité par peste en étudiant la structure démographique de l'assemblage squelettique exhumé du cimetière londonien d'East Smithfield, créé en 1348 pour accueillir une partie des victimes de l'épidémie de Peste noire. Les résultats de leurs travaux ont conduit à des interprétations contradictoires, certains auteurs ayant conclu à l'absence de mortalité préférentielle selon l'âge ou le sexe (Margerison et Knüsel 2002 ; Gowland et Chamberlain 2005), tandis que d'autres ont avancé que ces paramètres biologiques auraient eu une influence sur le risque de décès (Waldron 2001; DeWitte 2010a, 2010b). En raison de la disparité des approches méthodologiques employées dans ces études et, plus encore, du fait qu'elles se sont toutes limitées à l'analyse d'un unique site, leurs conclusions demeuraient difficilement généralisables. Ce constat a récemment motivé la réalisation de nouveaux travaux, fondés cette fois sur l'étude d'un large corpus de plus de 600 victimes de la peste exhumées de cinq sites funéraires de différents pays européens (France, Espagne, Belgique, Royaume-Uni) (Kacki 2017). Cette étude à grande échelle a, en premier lieu, montré que le *sex ratio* dans ces séries de pestiférés, s'il connaît de légères fluctuations d'un site à l'autre, ne s'éloigne jamais significativement d'une situation d'équilibre théorique entre sexes, suggérant par là même un risque égal de décès chez les hommes et les femmes. L'analyse de la composition par âge de ces mêmes séries et la confrontation des données obtenues avec divers recensements de populations préindustrielles a par ailleurs révélé la relative adéquation des profils de mortalité des sites d'inhumation de pestiférés avec la structure d'une population vivante. L'observation répétée d'un même modèle de mortalité sur plusieurs sites, qui ne saurait dès lors résulter d'un biais de représentativité, suggère qu'à la différence des causes générales de mortalité, qui ciblaient préférentiellement les membres les plus fragiles de la population (jeunes enfants, personnes âgées), la peste aurait été à l'origine d'une ponction démographique globalement uniforme, sans grand égard pour l'âge des individus.

Quelques études ont par ailleurs tenté, à travers l'analyse de données paléopathologiques, d'évaluer dans quelle mesure l'état de santé préexistant des individus a influé sur leur risque de décès en contexte d'épidémies de peste. L'analyse pionnière de S. DeWitte, portant sur l'assemblage squelettique d'East Smithfield, a ainsi montré que les individus qui avaient développé plus tôt dans leur vie certains remaniements squelettiques en lien avec des carences ou des maladies de l'enfance auraient été plus susceptibles de mourir durant la Peste noire que ceux qui en étaient dépourvus, soutenant *de facto* l'hypothèse d'une sélectivité de l'infection pesteuse (DeWitte et Wood 2008). Cette conclusion a toutefois été remise en question par les résultats de l'analyse des autres cimetières de pestiférés précédemment mentionnés, qui n'a pas permis de mettre en évidence une telle relation (Kacki 2017). Les données recueillies sur ce corpus et leur confrontation avec celles acquises pour des cimetières constitués hors temps d'épidémie ont, au contraire, révélé que divers indicateurs de stress

(hypoplasies de l'émail dentaire, *cribra orbitalia*, remodelages endocrâniens, réactions périostées) qui entretenaient en contexte de mortalité naturelle un lien patent avec un risque de décès prématuré se rencontrent à une fréquence nettement moindre chez les victimes de la peste, laissant envisager une influence mineure, si ce n'est nulle, des facteurs causals de ces lésions sur le risque de mourir de l'infection à *Y. pestis*. Au vu des résultats discordants de ces deux études, des recherches complémentaires sur d'autres séries de pestiférés, intégrant idéalement d'autres indicateurs de santé (profils de croissance squelettique, statut nutritionnel), devront être entreprises pour évaluer de manière plus fiable le lien entre santé préexistante et risque de mourir de la peste.

In fine, les résultats de ces travaux suggèrent que ni l'âge ni le sexe n'auraient constitué des facteurs de risque significatifs vis-à-vis de la mortalité par peste durant la deuxième pandémie, tandis que l'influence de l'état de santé préexistant demeure encore incertaine. La transposition de ce type d'étude à l'analyse de sites en lien avec la première pandémie, puis, lorsque leur effectif sera suffisant, de sépultures de pestiférés protohistoriques, devraient à l'avenir permettre de préciser si les épidémies de peste eurent des caractéristiques épidémiologiques immuables à travers les siècles ou si ces dernières connurent au contraire une évolution.

Conclusions

Nos connaissances sur la peste, longtemps cantonnées aux seules informations issues de sources textuelles et iconographiques pour certaines équivoques, se sont largement étoffées, ces dernières années, grâce aux sciences archéologiques – parmi lesquelles, notamment, la paléogénomique. Seules à même d'autoriser l'objectivation de son existence dans le passé par l'identification du bacille pesteux dans les restes squelettiques de ses victimes, elles ont permis de confirmer l'unicité étiologique des pandémies historiques, de retracer la présence de la maladie en Europe durant la Protohistoire et de lever certaines zones d'ombres quant à son épidémiologie. La narration qui en est faite aujourd'hui est donc riche d'une diversité nouvelle, qui ne devrait que croître encore à la faveur de futures recherches bio-archéologiques et paléogénomiques. Gageons, notamment, que la généralisation des tels travaux et leur application à des contextes chrono-géographiques variés devraient permettre, à l'avenir, de nous départir du caractère euro-centré du récit de la peste, et d'acquérir des données inédites sur sa diffusion en Asie et en Afrique sub-Saharienne (à ce sujet, voir Chouin 2018 ; Green 2020).

Bibliographie

Andrades Valtueña, A., Mittnik, A., Key, F.M., Haak, W., Allmäe, R., Belinskij, A., Daubaras, M., Feldman, M., Jankauskas, R., Janković, I., Massy, K., Novak, M., Pfrengle, S., Reinhold, S., Šlaus, M., Spyrou, M., Szecsenyi-Nagy, A., Tõrv, M., Hansen, S., Bos, K.I., Stockhammer, P.W., Herbig, A., Krause, J., 2017, « The Stone Age plague and its persistence in Eurasia », *Current Biology*, 27, p. 3683-3691.

Bos, K.I., Schuenemann, V.J., Golding, G.B., Burbano, H.A., Waglechner, N., Coombes, B.K., McPhee, J.B., DeWitte, S.N., Meyer, M., Schmedes, S., Wood, J., Earn, D.J.D., Herring, D.A., Bauer, P., Poinar, H.N., Krause, J., 2011, « A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death », *Nature*, 478, p. 506-510.

Cantor, N.F., 2001, *In the Wake of the Plague: The Black Death and the World it Made*, The Free Press, New York.

Castex, D., 2005, « Des particularités démographiques propres au site des Fédons », in : Bizot, B., Castex, D., Reynaud, P., Signoli, M. (éd.), *La saison d'une peste (avril-septembre 1590). Le cimetière des Fédons à Lambesc (Bouches-du-Rhône)*, CNRS Éditions, Paris, p. 46-53.

Castex, D., 2008, « Identification and interpretation of historical cemeteries linked to epidemics », in : Raoult, D., Drancourt, M. (éd.), *Paleomicrobiology: Past Human Infections*, Springer-verlag, Berlin, p. 23-48.

Castex, D., Kacki, S., 2013, « Funérailles en temps d'épidémie », *Les nouvelles de l'Archéologie*, 132, p. 23-29.

Castex, D., Kacki, S., 2016, « Demographic patterns distinctive of epidemic cemeteries in archaeological samples », *Microbiology Spectrum*, 4, PoH-0015-2015.

Castex, D., Kacki, S., 2020, « Les épidémies médiévales et modernes : évolution des savoirs médicaux et des expressions sépulcrales », in : Chapelain de Seréville-Niel, C., Delaplace, C., Jeanne, D., Sineux, P. (dir.), *Purifier, soigner ou guérir ? Maladies et lieux religieux de la Méditerranée antique à la Normandie médiévale*, Presses Universitaires de Rennes, Rennes, p. 183-199.

Castex, D., Kacki, S., Réveillas, H., Souquet-Leroy, I., Sachau-Carcel, G., Blaizot, F., Blanchard, P., Duday, H., 2014, « Revealing archaeological features linked to mortality increases », *Anthropologie (Brno)*, 52, p. 299-318.

Chouin, G. (dir.), 2018, *Sillages de la peste noire en Afrique subsaharienne : une exploration critique du silence* (*Afrique* 9), https://journals.openedition.org/afriques/2084

Colet, A., Muntané i Santiveri, J.X., Ruíz Ventura, J., Saula, O., Subirà de Galdàcano, M.E., Jáuregui, C., 2014, « The Black Death and its consequences for the Jewish community in Tàrrega: Lessons from history and archeology », *The Medieval Globe*, 1, p. 63-96.

de Lépinau, A., Castex, D., Brzobohatá, H., Frolík, J., Velímský, F., Brůžek, J., Velemínský, P., Kacki, S., 2021, « Entre peste et famine : caractérisation d'une crise de mortalité par l'étude de trois sépultures multiples du site de Kutná Hora – Sedlec (République tchèque, XIVe siècle) », *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, 33 (2), p. 4-26.

DeWitte, S.N., 2010a, « Age patterns of mortality during the Black Death in London, AD 1349–1350 », *Journal of Archaeological Science*, 37, p. 3394-3400.

DeWitte, S.N., 2010b, « Sex differentials in frailty in medieval England », *American Journal of Physical Anthropology*, 143, p. 285-297.

DeWitte, S.N., Wood, J.W., 2008, « Selectivity of Black Death mortality with respect to preexisting health », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105, p. 1436-1441.

Drancourt, M., Aboudharam, G., Signoli, M., Dutour, O., Raoult, D., 1998, « Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: An approach to the diagnosis of ancient septicemia », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95, p. 12637-12640.

Drancourt, M., Roux, V., La Vu Dang, L.T.H., Castex, D., Chenal-Francisque, V., Ogata, H., Fournier, P.-E., Crubézy, E., Raoult, D., 2004, « Genotyping, Orientalis-like Yersinia pestis, and plague pandemics », *Emerging Infectious Diseases*, 10 (9), 1585.

Duday, H., 2008, « Archaeological proof of an abrupt mortality crisis: Simultaneous deposit of cadavers, simultaneous deaths? », in : Raoult, D., Drancourt, M. (éd.), *Paleomicrobiology*, Springer, Berlin, p. 49-54.

Duncan, C.J., Scott, S., 2005, « What caused the black death? », *Postgraduate Medical Journal*, 81, p. 315-320.

Gowland, R.L., Chamberlain, A.T., 2005, « Detecting plague: palaeodemographic characterisation of a catastrophic death assemblage », *Antiquity*, 79, 146-157.

Green, M.H., 2018, « Climate and disease in Medieval Eurasia », *Oxford Research Encyclopedia of Asian History*, https://doi.org/10.1093/acrefore/9780190277727.013.6

Green, M.H., 2020, « The Four Black Deaths », *The American Historical Review*, 125 (5), p. 1601-1631.

Haensch, S., Bianucci, R., Signoli, M., Rajerison, M., Schultz, M., Kacki, S., Vermunt, M., Weston, D.A., Hurst, D., Achtman, M., Carniel, E., Bramanti, B., 2010, « Distinct clones of *Yersinia pestis* caused the Black Death », *PLoS Pathogens*, 6, e1001134.

Haller, M., Callan, K., Susat, J., Flux, A. L., Immel, A., Franke, A., Herbig, A., Krause, J., Kupczok, A., Fouquet, G., Hummel, S., Rieger, D., Nebel, A., Krause-Kyora, B., 2021, « Mass burial genomics reveals outbreak of enteric paratyphoid fever in the Late Medieval trade city Lübeck », *iScience*, 24 (5), 102419.

Hinnebusch, B.J., Rudolph, A.E., Cherepanov, P., Dixon, J.E., Schwan, T.G., Forsberg, A., 2002, Role of Yersinia murine toxin in survival of *Yersinia pestis* in the midgut of the flea vector, *Science*, 296 (5568), p. 733-735.

Kacki, S., 2017, « Influence de l'état sanitaire des populations du passé sur la mortalité en temps de peste : contribution à la paléoépidémiologie », *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, 29, p. 202-212.

Kacki, S., Castex, D., 2012, « Réflexions sur la variété des modalités funéraires en temps d'épidémie. L'exemple de la Peste noire en contextes urbain et rural », *Archéologie Médiévale*, 42, p. 1-21.

Kacki, S., Rahalison, L., Rajerison, M., Ferroglio, E., Bianucci, R., 2011, « Black Death in the rural cemetery of Saint-Laurent-de-la-Cabrerisse (Aude-Languedoc, southern France, 14th century): immunological evidence », *Journal of Archaeological Science*, 38, p. 581-587.

Keller, M., Spyrou, M.A., Scheib, C.L., Neumann, G.U., Kröpelin, A., Haas-Gebhard, B., Päffgen, B., Haberstroh, J., Albert, R.i.L., Raynaud, C., Cessford, C., Durand, R., Stadler, P., Nägele, K., Bates, J.S., Trautmann, B., Inskip, S.A., Peters, J., Robb, J.E., Kivisild, T., Castex, D., McCormick, M., Bos, K.I., Harbeck, M., Herbig, A., Krause, J., 2019, « Ancient *Yersinia pestis* genomes from across Western Europe reveal early diversification during the First Pandemic (541–750) », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116, p. 12363-12372.

Little, L.K., 2011, « Plague historians in lab coats », *Past & Present*, 213 (1), p. 267-290.

Margerison, B.J., Knüsel, C.J., 2002, « Paleodemographic comparison of a catastrophic and an attritional death assemblage », *American Journal of Physical Anthropology*, 119, p. 134-143.

Namouchi, A., Guellil, M., Kersten, O., Hänsch, S., Ottoni, C., Schmid, B.V., Pacciani, E., Quaglia, L., Vemunt, M., Bauer, E.L., Derrick, M., Jensen, A.Ø., Kacki, S., Cohn Jr, S.K., Stenseth, N.C., Bramanti, B., 2018, « Integrative approach using Yersinia pestis genomes to revisit the historical landscape of plague during the Medieval Period », *PNAS*, 115, p. 11790-11797.

Pusch, C.M., Rahalison, L., Blin, N., Nicholson, G.J., Czarnetzki, A., 2004, « Yersinial F1 antigen and the cause of Black Death », *Lancet Infectious diseases*, 4 (8), p. 484-485.

Rascovan, N., Sjögren, K.G., Kristiansen, K., Nielsen, R., Willerslev, E., Desnues, C., Rasmussen, S., 2019, « Emergence and Spread of Basal Lineages of Yersinia pestis during the Neolithic Decline », *Cell*, 176, p. 295-305.

Rasmussen, S., Allentoft, M.E., Nielsen, K., Orlando, L., Sikora, M., Sjögren, K.-G., Pedersen, A.G., Schubert, M., Van Dam, A., Moliin Outzen Kapeln, C., Nielsen, H.B., Brunak, S., Avetisyan, P., Epimakhov, A., Khalyapin, M.V., Gnuni, A., Kriiska, A., Lasak, I., Metspalu, M., Moiseyev, V., Gromov, A., Pokutta, D., Saag, L., Varul, L., Yepiskoposyan, L., Sicheritz-Pontén, T., Foley, R.A., Lahr, M.M., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E., 2015, « Early divergent strains of Yersinia pestis in Eurasia 5,000 years ago », *Cell*, 163, p. 571-582.

Spyrou, M.A., Tukhbatova, R.I., Feldman, M., Drath, J., Kacki, S., Beltran de Heredia, J., Arnold, S., Sitdikov, A.G., Castex, D., Wahl, J., Gazimzyanov, I.R., Nurgaliev, D.K., Herbig, A., Bos, K.I., Krause,

J., 2016. « Historical Y. pestis genomes reveal the European Black Death as the source of ancient and modern plague pandemics », *Cell Host & Microbe*, 19, p. 874-881.

Spyrou, M.A., Tukhbatova, R.I., Wang, C.-C., Andrades Valtueña, A., Lankapalli, A.K., Kondrashin, V.V., Tsybin, V.A., Khokhlov, A., Kühnert, D., Herbig, A., Bos, K.I., Krause, J., 2018, « Analysis of 3800-year-old Yersinia pestis genomes suggests Bronze Age origin for bubonic plague », *Nature communications*, 9, 2234.

Susat, J., Lübke, H., Immel, A., Brinker, U., Macāne, A., Meadows, J., Steer, B., Tholey, A., Zagorska, I., Gerhards, G., Schmölcke, U., Kalniņš, M., Franke, A., Pētersone-Gordina, E., Teßman, B., Tõrv, M., Schreiber, S., Andree, C., Bērziņš, V., Nebel, A., Krause-Kyora, B., 2021, « A 5,000-year-old hunter-gatherer already plagued by Yersinia pestis », *Cell Reports*, 35, 109278.

Waldron, H.A., 2001, « Are plague pits of particular use to palaeoepidemiologists? », *International Journal of Epidemiology*, 30, 104-108.

Wiechmann, I., Grupe, G., 2005, « Detection of Yersinia pestis DNA in two early medieval skeletal finds from Aschheim (Upper Bavaria, 6th century AD) », *American Journal of Physical Anthropology*, 126 (1), p. 48-55.