

DOCTORAL CANDIDATE: Meriam Guellil
DEGREE: Philosophiae Doctor
FACULTY: Det matematisk-naturvitenskapelige fakultet
DEPARTMENT: Institutt for biovitenskap
AREA OF EXPERTISE: Genomics
SUPERVISORS: Dr. Barbara Bramanti, Prof. Nils Chr. Stenseth
DATE OF DISPUTATION: 7th of December 2018

DISSERTATION TITLE: *Disease during the Second Plague Pandemic (14th-18th century CE): Genomic, Metagenomic and Phylogenetic Analysis of ancient DNA from putative plague victims.*

En ny doktorgradsavhandling ved Universitetet i Oslo har tatt for seg humane patogener som ble spredt under den andre pestpandemien (14.–18. århundre) i Europa. Målet med prosjektet var å undersøke pestens forekomst, opphav, smittevei og dynamikk, så vel som å få bedre innsikt i helsetilstanden til individene som ble analysert. Prøver fra mer enn 170 skjelett knyttet til den andre pestpandemien ble studert ved bruk av analyser av forhistorisk DNA (aDNA). Prøvene som ble analysert er fra et tidsrom som strekker seg over hele den andre pestpandemien. Prøvene stammer fra hele Eurasia, og inkluderer prøver fra Kaukasus-regionen.

De isolerte stammene av patogenet som gir pest, bakterien *Yersinia pestis*, kaster lys over opphavet til pesten under den andre pestpandemien, og over endringer i genomikken så vel som endringer i sosio-politiske forhold som kan ha ført til patogenets langsomme tilbaketrekning ut av Europa mot slutten av det attende århundre.

En metagenomanalyse av forhistorisk DNA ekstrahert fra pestofre fra byen Imola (årene 1630-32) illustrerer vanskelighetene knyttet til studiene av forhistoriske pestgenomer, og viser samtidig potensialet til multidisiplinære studier når det gjelder å danne seg et komplekst bilde av en historisk epidemiologisk hendelse.

Videre hadde denne avhandlingen som mål å finne spor av andre patogener og mulige tilfeller av co-infeksjoner. Den beskriver også funnene av det første forhistoriske genomet av *Borrelia recurrentis*, patogenet som forårsaker lusebåren tilbakefallsfeber, en epidemisk feber som rammer menneskelige verter. De isolerte bakteriestammene har genetiske egenskaper, for eksempel delesjonen av gener og pseudogener som er direkte involvert i bakterienes komplekse system for å unngå immunforsvaret, som forårsaker tilbakefallene av feber som patogenet er kjent for.