

# Variazioni climatiche all'origine delle grandi pandemie di peste (VI e XIV sec. AD): breve rassegna bibliografica

LORENZO DEL PANTA

Alma Mater Studiorum - Università di Bologna

## 1. Premessa

Lo scopo di questa breve rassegna è quello di fornire uno strumento di orientamento riguardo alla vasta bibliografia prodotta dagli studiosi negli ultimi decenni sul tema delle relazioni tra clima e malattie infettive nel passato. In particolare, l'attenzione è stata posta sulla tesi, sostenuta da molti ricercatori, che all'origine delle grandi pandemie di peste del VI (la *Peste di Giustiniano*) e del XIV secolo (la *Black Death*) vi siano eventi climatici che, sconvolgendo l'habitat dei roditori selvatici dove si annidava il bacillo della peste, possano aver favorito lo *spillover* ai ratti domestici e da questi alle popolazioni umane.

Una classificazione delle malattie infettive (Patz *et al.* 2003) che fa riferimento alle modalità di trasmissione è quella tra malattie a trasmissione diretta (tra le più importanti la TBC, il morbillo, l'HIV), malattie a trasmissione indiretta attraverso l'acqua (colera, infezioni gastrointestinali etc.) e malattie a trasmissione indiretta attraverso un organismo 'vettore' (malaria, dengue, peste bubbonica, tifo esantematico etc.).

La maggior parte degli studi che trattano il tema della possibile relazione tra le variazioni del clima e l'insorgere, la diffusione o la gravità delle manifestazioni delle malattie infettive concentrano la loro attenzione sulle malattie trasmesse da un vettore animale, in quanto sono queste che maggiormente possono risentire dell'influenza del clima.

Per il lontano passato, la malattia epidemica più studiata è indubbiamente la peste. Facendo riferimento all'ampia bibliografia in materia, si è dunque inteso richiamare i termini della discussione che si è sviluppata tra gli studiosi negli ultimi decenni circa il possibile legame tra condizioni climatiche e origine delle grandi pandemie.

È soprattutto dall'inizio del terzo millennio (primi anni 2000) che l'attenzione degli studiosi della peste e, più in generale, delle malattie infettive relative anche a epoche molto remote è stata posta sul clima, considerato come uno dei fattori più rilevanti che possono influenzarne l'origine, la diffusione e la gravità (McMichael 2017). Lo sviluppo di queste indagini è stato reso possibile dal fatto che dai primi anni di questo secolo i paleoclimatologi, affinando e potenziando le tecniche che consentono di ottenere indizi (*proxy*) di variazioni climatiche avvenute in epoche sempre più remote, sono stati in grado di produrre cronologie dettagliate, affidabili

ed estese a periodi molto lunghi dei parametri climatici (principalmente temperatura e piovosità), nonché delle variazioni nel lunghissimo periodo dell'energia sprigionata dal sole e irradiata sulla terra.

## **2. Cenzo ai recenti sviluppi della paleoclimatologia**

Fino alla fine del secolo scorso, in base alla documentazione disponibile le correlazioni tra serie cronologiche di temperature e indicatori di mortalità potevano essere effettuate, in rari casi, a partire dalla seconda metà del XVIII secolo, più generalmente solo dai primi decenni del secolo successivo (Ferrari, Livi Bacci 1985)<sup>1</sup>. Per le epoche precedenti le conoscenze erano molto limitate, e soprattutto non era possibile disporre, riguardo alle variazioni dei parametri climatici fondamentali, di un dettaglio temporale tale da consentire di mettere in relazione queste variazioni con la diffusione o l'accentuarsi della gravità di determinate malattie.

Il classico saggio di Emmanuel Le Roy Ladurie (1982) sulla storia del clima negli ultimi mille anni aveva messo in luce molti aspetti dei cambiamenti climatici del passato utilizzando fonti diverse, dalle date delle vendemmie allo studio degli anelli degli alberi, e soprattutto mediante uno studio molto accurato delle fasi di espansione e di ritiro dei ghiacciai alpini. Con le sue ricerche Le Roy Ladurie aveva, ad esempio, potuto mettere in chiara evidenza la lunga fase di intenso raffreddamento che ha caratterizzato il XVII e XVIII secolo, conosciuta come 'piccola era glaciale'.

Ma è solamente da quando gli studiosi di paleoclimatologia hanno iniziato a produrre quelle straordinarie serie storiche di lunghissimo periodo di parametri climatici che sono oggi disponibili (con cadenze temporali sempre più dettagliate) che si è potuto tentare di verificare l'ipotesi che brusche alterazioni climatiche possano aver condizionato o addirittura determinato l'origine di determinate epidemie (in particolare le prime due grandi pandemie di peste). Allo stesso modo, la conoscenza delle variazioni climatiche di medio e lungo periodo permette oggi agli studiosi di valutare l'importanza del fattore climatico nel determinare fasi di espansione o di remissione di malattie a carattere endemico, la più importante delle quali almeno per il continente europeo è stata senza dubbio (fino alla metà del XX secolo) la malaria.

Oggi, dunque, i paleoclimatologi sono in grado di delineare con un discreto dettaglio le tendenze del clima almeno a partire dall'uscita, circa 15000 anni fa, dall'ultima glaciazione (Fagan, Durrani 2022, 30). I dati *proxy* ricavati da vari 'archivi naturali' (i sedimenti oceanici, le carote di ghiaccio, le stalattiti e le stalagmiti, gli anelli degli alberi, i pollini di cui si trovano tracce fossili nelle paludi e negli acquitrini<sup>2</sup>) forniscono molte informazioni che, spesso combinate tra loro<sup>3</sup>, consentono di delineare non solo le tendenze secolari (o addirittura di più lungo periodo) del clima ma anche brusche variazioni di breve periodo come quelle determinate da eccezionali eruzioni vulcaniche<sup>4</sup>.

La quantificazione del contributo alla variabilità climatica generato dalle grandi eruzioni vulcaniche viene oggi ottenuta ricercando il carico di aerosol vulcanico atmosferico rintracciabile nelle carote di ghiaccio e in altri archivi naturali, mentre il conseguente raffreddamento del clima può essere valutato con notevole precisione temporale soprattutto tramite l'esame degli anelli di alberi plurisecolari (Sigl *et al.* 2015).

Un altro ambito della paleoclimatologia che ha visto negli ultimi decenni la produzione di risultati di straordinario interesse è quello della misurazione (stima), anche nel lunghissimo periodo, dell'attività solare, e dunque della quantità di energia irradiata sulla terra, ritenuta quest'ultima, in particolare, la causa principale delle escursioni di lunghissimo periodo delle temperature del pianeta (grandi glaciazioni e periodi interglaciali).

Riguardo alla misurazione del grado di attività solare, un gruppo di ricercatori del Nord Europa (Brehm *et al.* 2021) ha recentemente pubblicato i risultati di uno studio che interessa all'incirca l'ultimo millennio. Nell'articolo si spiega che, nonostante le osservazioni dirette dell'attività solare coprano solo gli ultimi 400 anni, i radionuclidi prodotti dai raggi cosmici e immagazzinati negli anelli degli alberi o nelle carote di ghiaccio fungono da *proxy* per l'attività solare permettendo di risalire anche a migliaia di anni fa<sup>5</sup>.

La percentuale di radiocarbonio in atmosfera risulta direttamente proporzionale alla quantità di energia solare inviata verso la terra. Nell'articolo di Brehm *et al.* (2021) si pone in particolare l'attenzione sulla scarsa attività solare che ha caratterizzato il periodo noto come *Little Ice Age*, con minimi di temperatura posti negli anni a cavallo tra la fine del XVII e l'inizio del XVIII secolo, che corrispondono molto da vicino al periodo nel quale si registrano le più basse quantità di energia solare, secondo le stime del gruppo di ricercatori che firmano l'articolo insieme al citato Nicolas Brehm<sup>6</sup>.

Occorre qui sottolineare che la paleoclimatologia è un campo di ricerca altamente specialistico, tecnico e in rapida evoluzione, con nuovi e importanti contributi pubblicati a cadenza ravvicinata. Brian Fagan e Nadia Durrani (2022, 29), archeologi in primo luogo ma anche grandi esperti di storia del clima, così espongono la difficoltà a tener dietro alla sempre più nutrita produzione scientifica sulla storia del clima:

Compaiono ogni settimana nuovi articoli di grande interesse e gli stessi climatologi faticano a tenersi aggiornati. Se per loro è difficile, per noi, che ci occupiamo di archeologia, stare al passo con i progressi della ricerca risulta un'impresa quasi impossibile.

D'altra parte, la percezione dell'importanza e della centralità delle variazioni climatiche di lungo periodo in relazione alle vicende storiche appare già molto definita e presente in opere pubblicate negli ultimi decenni dello scorso secolo, che oggi possono essere considerate addirittura pionieristiche in questo ambito (Lamb 1972, 1977; Rotberg, Rabb 1981).

### 3. Il fattore climatico all'origine delle grandi pandemie di peste

Gli studiosi concordano oggi sul fatto che la peste è stata responsabile, nella storia dell'umanità, di tre grandi pandemie, che vengono attribuite a possibili varianti di uno stesso germe patogeno. La prima pandemia arrivò ad interessare il Mediterraneo e l'Europa a partire dalla metà del VI secolo (la cosiddetta *peste di Giustiniano*), la seconda e forse più conosciuta devastò l'Europa a partire dal 1348 (oggi viene considerato come un unico lungo ciclo pandemico l'insieme delle

epidemie che continuarono a colpire i paesi del Mediterraneo e l'Europa fino al XVIII secolo), infine la terza pandemia ebbe origine in Cina nella seconda metà del XIX secolo. Questa terza pandemia acquistò proporzioni massicce, e guadagnò l'attenzione del mondo intero, da quando nel 1894 colpì Hong Kong. Qui due studiosi riuscirono, quasi contemporaneamente e in maniera indipendente l'uno dall'altro, a isolare il batterio responsabile della malattia<sup>7</sup>. Pochi anni dopo (1898) un altro medico e biologo francese, Paul-Louis Simond (1858-1947), impegnato a Bombay nella lotta contro l'epidemia, riuscì a chiarire che il principale vettore del bacillo responsabile dell'epidemia (bacillo che oggi è conosciuto con il nome di *Yersinia pestis*, dal nome di uno dei due scienziati che lo avevano isolato) era una pulce, denominata *Xenopsylla cheopis*, parassita del *Rattus rattus*, ossia del comune ratto domestico.

Fino ai primi anni 2000 vi era un sostanziale accordo tra gli studiosi delle grandi pandemie<sup>8</sup> nell'attribuire a tre differenti *biovarianti* di *Y. pestis* la responsabilità della prima (*biovar antiqua*), della seconda (*biovar medievalis*) e infine della terza pandemia (*biovar orientalis*).

Negli anni successivi, tuttavia, la ricerca genetica ha compiuto progressi molto rapidi e significativi, la classica distinzione nelle tre *biovarianti* è stata sostanzialmente abbandonata e il quadro si è fatto assai più complicato e dettagliato<sup>9</sup>.

Per quanto riguarda la peste contemporanea, direttamente conosciuta per gli episodi che ancora di recente si verificano in diverse parti del mondo, il primo caso di sequenziamento completo del genoma risale al 2001 (Parkhill *et al.* 2001)<sup>10</sup>, e da allora sono state individuate diverse varianti, spesso associate a specifiche aree geografiche. È anche importante chiarire che gran parte dei dati su *Y. pestis* accumulati e analizzati dai ricercatori negli ultimi anni (cfr. ad es. Cui *et al.* 2013) provengono da animali (in genere roditori) infetti, e sono stati reperiti nelle aree dove da tempo immemorabile permangono dei focolai della peste.

Più lenti e difficili sono stati i progressi nella ricerca che ha portato, nel 2011 (Bos *et al.* 2011), al sequenziamento completo del genoma ottenuto da reperti scheletrici riferiti al periodo della *Black Death*. Questo traguardo è stato raggiunto dopo che erano state perfezionate le tecniche che consentono di prelevare il materiale genetico ancora conservato all'interno della polpa dentale.

Dunque, solo in anni recenti queste due differenti linee di ricerca hanno potuto convergere. La combinazione dei risultati della ricerca filogenetica (sul DNA contemporaneo) con quelli che derivano dall'esame del DNA antico (aDNA) ha finalmente mostrato che il genoma del XIV secolo si inserisce in effetti su un ramo dell'albero filogenetico<sup>11</sup> nella posizione già postulata sulla base delle ipotesi formulate analizzando solo le varianti isolate in epoca contemporanea. In altre parole, il microrganismo le cui tracce sono state ritrovate nei resti umani risalenti all'epoca della *Black Death* non solo è *Y. pestis*, ma è una variante di *Y. pestis* non troppo distante nella sua struttura genetica (e nella sua potenziale virulenza) dal microrganismo conosciuto nel mondo contemporaneo (Green 2014, 29).

A soli tre anni di distanza dal sequenziamento del genoma di *Y. pestis* risalente all'epoca della *Black Death*, un altro gruppo di ricerca (Wagner *et al.* 2014) è riuscito a sequenziare ed analizzare il genoma di *Y. pestis* ottenuto da due individui morti

durante la prima pandemia<sup>12</sup>. L'analisi genomica effettuata da questo gruppo di ricercatori indica che i ceppi di *Y. pestis* coinvolti nella *Peste di Giustiniano* possono considerarsi un nuovo ramo della filogenesi del batterio responsabile della peste.

In particolare, questo ramo non ha rappresentanti contemporanei conosciuti, e quindi Wagner *et al.* (2014, 322) lo ritengono estinto o non campionato nei *reservoirs* di roditori selvatici. Inoltre, emerge dalla loro analisi che la *biovar* individuata (responsabile della prima pandemia) è alquanto lontana dalle varianti associate alla seconda e alla terza pandemia (che invece sono tra loro meno distanti).

In conclusione, i risultati più recenti della ricerca genetica hanno consentito di costruire alberi filogenetici che permettono di stabilire convincenti relazioni evolutive tra i vari ceppi (o varianti) di *Y. pestis*. Le analisi effettuate dai vari gruppi di ricerca appena citati tendono a indicare l'Asia, e più precisamente una zona interna della Cina (Qinghai-Tibet Plateau), come la zona di origine del batterio responsabile della peste, e ipotizzano che la sua differenziazione da *Y. pseudotuberculosis* possa risalire a diverse migliaia di anni dal tempo presente (Cui *et al.* 2013).

L'individuazione delle aree dove erano presenti focolai permanenti di *Y. pestis*<sup>13</sup> ha rilevanza per quanto riguarda le ipotesi circa l'origine della prima e poi della seconda pandemia. Secondo molti studiosi, lo *spillover* dai roditori selvatici (gerbilli) fino all'uomo, passando attraverso i ratti domestici, è imputabile a brusche e importanti variazioni climatiche che possono aver sconvolto l'habitat e le condizioni di vita e di riproduzione di questi roditori selvatici<sup>14</sup>.

**3.1. Sull'origine della peste di Giustiniano.** Per quanto riguarda la prima grande pandemia di peste accertata nella storia, quella nota come *peste di Giustiniano*, che si diffuse nell'area del Mediterraneo e in Europa a partire dal 541, non vi è accordo tra gli studiosi circa l'individuazione del *reservoir* da cui può essere partito il suo tragitto: le fonti coeve ci dicono che dopo aver interessato l'area del Mediterraneo orientale la peste giunse a Costantinopoli, per diffondersi successivamente (ma sempre con riferimento alla prima ondata epidemica) anche verso ovest in Europa.

Va comunque sottolineato che l'attenzione di tutti i ricercatori che hanno avanzato ipotesi circa i fattori che stanno all'origine di quella grande pandemia è stata attratta dal brusco abbassamento di temperatura che i paleoclimatologi hanno segnalato essersi verificato a partire dall'anno 536 e per oltre un decennio (Sigl *et al.* 2015, Zonneveld *et al.* 2024).

Le ricerche più aggiornate hanno portato a ipotizzare due eventi catastrofici (grandi eruzioni vulcaniche), il primo tra il 535 e il 536 (probabilmente in qualche località dell'emisfero settentrionale del pianeta), il secondo tra il 539 e il 540 (sembra che questa seconda eruzione sia da collocare nella fascia tropicale).

Secondo Sigl *et al.* (2015) l'enorme quantità di ceneri e solfati immessa nell'atmosfera in occasione della prima eruzione provocò in Europa una diminuzione delle temperature estive, nel 536, compresa tra 1.6 e 2.5 gradi centigradi, rispetto alla media del trentennio precedente.

Riguardo al secondo episodio eruttivo, probabilmente di origine tropicale, collocabile tra il 539 e il 540, è stato stimato che la quantità di aerosol globale immesso nell'atmosfera sia stata del 10% superiore a quella generata dall'eruzione del

Tambora nel 1815. Le temperature estive si abbassarono di nuovo bruscamente nel 541 in Europa di 1.4-2.7 gradi centigradi e il clima rigido persistette nell'emisfero nord fino almeno al 550 (McCormick *et al.* 2012).

Sigl *et al.* (2015) concordano con McCormick *et al.* (2012, 198) nel ritenere difficilmente dimostrabile un legame causale diretto tra queste due grandi eruzioni, il conseguente brusco raffreddamento del clima e l'esplosione della prima grande pandemia di peste. Tuttavia le ricerche sulle modalità con cui si sprigionò e si diffuse in quegli anni la malattia attribuita a *Y. pestis* hanno messo al centro dell'attenzione questo grande sconvolgimento climatico che interessò, attorno alla metà del sesto secolo, l'emisfero nord del pianeta e in particolare il continente euroasiatico.

Riguardo all'area geografica di partenza del percorso che portò *Y. pestis*, attraverso uno o più *spillovers* dai roditori selvatici fino all'uomo, a diffondersi poi rapidamente per larga parte del continente euroasiatico, esistono almeno due ipotesi assai distanti tra di loro: focolaio centro-asiatico o focolaio collocato in Africa centro-orientale.

Lester K. Little (2007, 3), curatore di un importante volume dedicato allo studio di questa prima pandemia, facendo riferimento a fonti coeve ricorda che il morbo contagioso fu segnalato per la prima volta, nell'estate del 541, nel porto egiziano di *Pelusium*, situato all'estremo orientale del delta del Nilo. Da questa località l'epidemia si diffuse a ovest verso Alessandria mentre a est, risalendo la costa orientale del Mediterraneo, la peste raggiunse Costantinopoli nella primavera del 542.

Quanto all'individuazione del *reservoir* di *Y. pestis* da cui ebbe origine il contagio, Little (2007, 20) si limita a rinviare al saggio di Peter Sarris<sup>15</sup> contenuto nello stesso volume, osservando solo che mentre per la seconda pandemia il focolaio originario è da tutti indicato nelle steppe dell'Asia centrale, per la prima le opinioni si dividono tra un focolaio asiatico e uno africano.

Seguendo le indicazioni di autori coevi (Procopio, Giovanni da Efeso) Sarris descrive con grande dettaglio i percorsi seguiti dall'epidemia a partire dal porto egiziano di *Pelusium*. Quanto al focolaio di roditori selvatici da cui potrebbe essere partito il contagio, escludendo *reservoirs* più recenti Sarris ne cita tre, noti per risalire ad epoche compatibili con quella della *peste di Giustiniano*: il primo, ben conosciuto, situato nelle steppe euroasiatiche, un secondo situato in India ai piedi della catena himalaiana, il terzo in Africa centro-orientale, tra la regione dei grandi laghi e le falde del Kilimangiaro.

Il focolaio centro-asiatico viene escluso da Sarris in base alle informazioni sulla cronologia della diffusione del contagio. Infatti le regioni più prossime all'eventuale focolaio asiatico vennero colpite solo dopo che il morbo si era diffuso più ad ovest.

L'origine indiana è ritenuta possibile sulla base delle notizie documentate relative ai commerci dell'impero bizantino col sub-continente indiano nel corso del VI secolo. Questa ipotesi è tuttavia considerata improbabile da Sarris per il fatto che, se il contagio fosse partito di là avrebbe verosimilmente raggiunto i territori cinesi (con i quali i traffici erano anche più intensi) in anticipo rispetto al Mediterraneo, cosa che invece è avvenuta solo con alcuni decenni di ritardo.

Quanto all'ipotesi africana, Sarris ricorda (sempre citando le cronache di Procopio) che i Bizantini, nella prima metà del VI secolo, avevano intensificato i



rapporti commerciali con l'Etiopia anche per controbilanciare l'influenza persiana sulla penisola arabica. Sarris ricorda inoltre gli intensi e documentati rapporti economici degli etiopi con gli abitanti dell'Africa più interna, ciò che lascia presumere l'esistenza di una possibile via per la diffusione di *Y. pestis*. A questo proposito, Sarris cita un interessante volume di Keys (1999). Questo autore descrive in modo convincente (a parere di Sarris) il meccanismo di *spillover* di *Y. pestis*, favorito dal brusco cambiamento climatico attestato a partire dagli anni trenta del VI secolo<sup>16</sup>, dai roditori selvatici africani fino all'uomo.

L'ipotesi africana è stata ripresa da McMichael (2012, 2015), che ha accolto le indicazioni di McCormick (2007) circa la possibilità che il bacillo della peste fosse giunto al porto mediterraneo di *Pelusium* attraverso il traffico marittimo lungo la costa africana del Mar Rosso oppure con le carovane che, seguendo il corso del Nilo, trasportavano soprattutto granaglie destinate a rifornire Costantinopoli e altri centri mediterranei.

Sul piano della ricerca filogenetica, McMichael cita i risultati di una ricerca (Morelli *et al.* 2010) che ammette la possibilità dell'esistenza di un focolaio antico in Africa centro-orientale, senza tuttavia poter fornire la prova di un'origine africana della variante di *Y. pestis* che da *Pelusium* raggiunse Costantinopoli.

La spiegazione prospettata da McMichael riguardo al tragitto africano di *Y. pestis* è indubbiamente affascinante e parrebbe abbastanza convincente. In sostanza, il caldo estremo e la siccità che usualmente caratterizzavano, soprattutto nella stagione successiva al raccolto del grano, l'area desertica dell'Alto Egitto e le coste occidentali del Mar Rosso, sarebbero stati sufficienti ad impedire la riproduzione delle pulci e la sopravvivenza dei ratti. Solo il brusco raffreddamento climatico protrattosi per svariati anni a partire dal 536 può aver creato le condizioni che consentirono a ratti e pulci di trasportare *Y. pestis* fino alle rive del Mediterraneo<sup>17</sup>.

Occorre tuttavia considerare che proprio tra il 2013 e il 2014 sono stati pubblicati i risultati di due importanti ricerche<sup>18</sup> che, operando sul DNA antico, hanno attestato per la prima volta la presenza di una variante di *Y. pestis* (Harbeck *et al.* 2013, Wagner *et al.* 2014)<sup>19</sup> in reperti scheletrici risalenti all'epoca della prima pandemia.

Con l'articolo di Harbeck *et al.* si conferma dunque per la prima volta la presenza del DNA di *Y. pestis* in reperti scheletrici rinvenuti in Germania e sepolti all'epoca della peste di Giustiniano, mentre il successivo articolo di Wagner *et al.* fornisce risultati più completi circa la variante rinvenuta negli stessi reperti.

L'analisi filogenetica ha condotto il gruppo di cui Harbeck è la prima firmataria a indicare l'Asia come l'area di origine più probabile della prima (così come della seconda e della terza) pandemia, confutando l'opinione espressa da Cui *et al.* (2013) che invece ritengono più probabile un'origine africana<sup>20</sup>. Anche nell'articolo di Wagner *et al.* (2014) si propende, seppure in modo meno netto, per l'origine asiatica della variante di *Y. pestis* responsabile della *peste di Giustiniano*, che si sarebbe propagata verso occidente seguendo le tradizionali rotte commerciali<sup>21</sup>. Questi autori affermano peraltro che la variante che è stata individuata sulla base dei reperti analizzati risulta assai distante da quelle associate sia alla seconda che alla terza pandemia. Non avendo omologhi contemporanei, questa variante, secondo

gli stessi autori, dovrebbe essere estinta, oppure potrebbe essere ancora presente in *reservoirs* di roditori selvatici a tutt'oggi sconosciuti.

In ambito storico, l'origine africana della prima pandemia è stata in particolare contestata da Campbell (2016) che, in un'appendice (*Outbreak of the Justinianic Plague and the Weather*) al suo libro dedicato al periodo della seconda pandemia, confuta esplicitamente quanto espresso da Sarris (2007), citando come incontrovertibile quanto riportato nel già citato articolo di Wagner *et al.* (2014).

Va comunque rimarcato che anche Campbell attribuisce grande importanza al brusco cambiamento climatico degli anni appena precedenti l'origine della prima pandemia, sottolineando gli effetti che uno stress acuto e repentino dell'ecosistema può avere sulle relazioni patogeno-ospite-vettore, nelle aree (focolai selvatici) dove la peste esiste da tempi immemorabili come malattia enzootica.

Similmente, nella conclusione dell'articolo di Wagner *et al.* (2014) si sottolinea lo stretto nesso tra periodi di instabilità climatica e origine di tutte e tre le grandi pandemie di peste della storia (e dunque non solo quella di Giustiniano).

*3.2. Condizioni climatiche e origine della Black Death.* Riguardo all'origine della seconda pandemia, che sconvolse il continente euro-asiatico (Benedictow 2004) con un lungo ciclo di episodi protrattisi per molti secoli a partire dalla metà del XIV secolo, le recenti acquisizioni della ricerca paleoclimatologica hanno innanzitutto permesso di formulare ipotesi convincenti sul contesto climatico che sembra aver favorito un primo *spillover* di *Y. pestis* (dopo molti secoli) dai roditori selvatici asiatici, attraverso i ratti domestici, fino alle popolazioni umane.

Del resto, anche le due ipotesi (non necessariamente alternative) della permanenza di *Y. pestis* in Europa, dopo la prima ondata epidemica e/o di ripetute reintroduzioni del germe patogeno dai focolai asiatici, sono basate (come sarà chiarito nel paragrafo successivo) su considerazioni legate alla conoscenza delle condizioni climatiche, capaci di influenzare le relazioni tra patogeno, ospite e vettore.

Una ricostruzione convincente delle vicende climatiche nelle decadi che hanno preceduto il manifestarsi e il dilagare della *Black Death* è stata proposta da un gruppo di ricercatori di diversi paesi (Stenseth *et al.* 2006)<sup>22</sup>. Una fase di clima molto mite per diverse decadi attorno al 1300 nel Kazakistan orientale confinante con la Cina meridionale avrebbe procurato una straordinaria abbondanza di cibo disponibile per le popolazioni dei gerbilli e dunque la loro proliferazione, con conseguente moltiplicazione anche delle pulci infestate<sup>23</sup> da *Y. pestis*.

Attorno al 1310-1330 il clima sarebbe invece entrato in una fase assai più fredda, con conseguente minor crescita della flora che costituiva l'alimentazione dei roditori, innescando una loro probabile migrazione verso territori più densamente popolati dall'uomo. Nel contempo, attorno al 1330 una serie di inondazioni catastrofiche investì i territori della Cina centrale provocando lo sfollamento di molte persone. A ciò si aggiunsero, nella Cina occidentale, una serie di conflitti tra i pastori mongoli nomadi (il cui numero era aumentato nella fase climatica favorevole) e gli agricoltori cinesi Han. Questa serie di eventi e di coincidenze avrebbe dunque aumentato enormemente le probabilità di contatto uomo-roditori, innescando alla fine l'epidemia.



Riguardo poi ad una possibile influenza (indiretta) del clima sulla gravità della pandemia è interessante citare l'ipotesi, avanzata da McMichael (2012), che ad aggravare la letalità della *Black Death* possa aver contribuito la grande carestia che afflisse i territori dell'Europa a partire dal 1315, a seguito di condizioni climatiche estremamente sfavorevoli (in genere con temperature sotto la media e piovosità eccessiva)<sup>24</sup>. Infatti le generazioni dei nati in quegli anni, fortemente denutrite nei primi anni di vita, avrebbero avuto un sistema immunitario fragile e dunque meno capace di sopravvivere alle infezioni.

*3.3. Permanenza del ceppo originario in Europa o frequenti reintroduzioni di Y. pestis favorite dalle variazioni climatiche?* Sulla base delle nuove conoscenze accumulate negli ultimi decenni nell'ambito della paleoclimatologia, alcuni ricercatori hanno cercato di recente di rispondere a un interrogativo che per lungo tempo ha attirato l'attenzione degli storici che hanno studiato la seconda grande pandemia di peste. Ci si è chiesti infatti se si possa parlare di permanenza a lungo termine di *Y. pestis* in Europa dopo l'irruzione della metà del XIV secolo, o se si debba considerare che i numerosi e ricorrenti episodi, tra XIV e XVII-XVIII secolo, debbano essere considerati nella maggior parte come nuovi ingressi, provenienti dai focolai asiatici<sup>25</sup>. Evidentemente le due posizioni non sono necessariamente in totale antitesi, e tuttavia vi sono studi che, con argomenti altrettanto convincenti, sostengono con decisione l'una o l'altra delle due tesi.

In un bel saggio del 2014 Ann Carmichael<sup>26</sup> si schiera tra coloro che propendono per una permanenza a lungo termine di *Y. pestis* sul territorio europeo a partire dalla sua reintroduzione nel 1348, avanzando l'ipotesi che la regione alpina possa essere stata un'area dove si sono mantenuti a lungo focolai endemici della peste nelle popolazioni di roditori selvatici<sup>27</sup>.

Carmichael (2014, 159) osserva che sia coloro (cita Benedictow 2004 e Audoin-Rouzeau 2003) che hanno sostenuto la tesi, oggi assolutamente prevalente, che la *Black Death* (e tutta la seconda pandemia) sia stata provocata da *Y. pestis* sia gli scettici e i difensori della tesi 'negazionista' (cita Twigg 1984 e Cohn 2002) hanno ritenuto che il topo nero (*Rattus rattus*) e due pulci antropofili (*Xenopsylla cheopis* e *Pulex irritans*) fossero le uniche specie da considerare, al fine di spiegare la diffusione della peste attraverso il continente europeo<sup>28</sup>. La sua tesi è che, al contrario, molte altre specie di mammiferi (roditori ma non solo) e di pulci potessero essere coinvolte nel mantenimento (in aree poco popolate) e quindi nella diffusione del bacillo della peste nell'Europa del tardo Medioevo e dell'Età Moderna.

In sostanza, Carmichael invita ad abbandonare, nello studio della seconda pandemia, una visione eccessivamente antropocentrica, che ha spesso portato l'attenzione esclusivamente sulle grandi vie di traffico per la diffusione a lungo raggio della peste e sull'ecologia dei ratti domestici e delle pulci (parassiti del ratto e dell'uomo) per quanto riguarda la diffusione nei centri urbani o comunque nelle zone densamente abitate. Secondo l'autrice di questo studio, occorre piuttosto andare ad indagare la possibilità della persistenza di focolai endemici a livello di diverse specie di roditori e di altri mammiferi nelle zone più remote delle Alpi.

Riguardo agli anni che seguirono l'arrivo della *Black Death* in Europa (dal

1348), Carmichael si sofferma in particolare sulle testimonianze dei contemporanei e sui pochi dati archivistici che possono indicare la ricorrenza di sporadici casi di peste negli anni successivi al 1353 (dopo che la grande furia devastatrice poteva considerarsi ormai esaurita), fino all'esplosione della seconda gravissima epidemia, quella degli anni 1359-63.

L'indagine si è concentrata in particolare su una vasta area delle Alpi occidentali, dove (come in altri territori con caratteristiche simili) il clima prevalente in quegli anni, con un incremento di piovosità soprattutto primaverile, avrebbe creato condizioni molto favorevoli sia per la moltiplicazione dei roditori che per la replicazione e per l'attività delle varie specie di pulci. Carmichael ritiene verosimile che *Y. pestis*, una volta esaurita la prima grande ondata epidemica, possa essersi insediata stabilmente, a livello di focolai animali, in territori ormai quasi del tutto spopolati per il crollo demografico seguito alla prima gravissima epidemia e che presentavano condizioni ambientali e climatiche assai favorevoli per gli ospiti del microrganismo patogeno.

Da questi focolai alpini e subalpini potrebbe dunque aver tratto origine la seconda grande ondata che si diffuse tra le popolazioni urbane e rurali nel biennio 1361-63, e la cui geografia (non del tutto coincidente con quella iniziata nel 1348) combinata alla sua particolare incidenza nelle classi infantili e giovanili ha suscitato una serie di interrogativi cui si accenna nel saggio di Carmichael<sup>29</sup>.

Anche riguardo alla gravissima epidemia che esplose alla metà degli anni Settanta del XVI secolo e che colpì duramente anche la città di Milano, l'autrice (Carmichael 2014, 162-168) compie un'accurata indagine relativa a sporadici casi di peste, isolati e non collegabili fra di loro, segnalati nelle vallate alpine nel decennio precedente. L'ipotesi è ancora quella dell'esistenza di focolai enzootici<sup>30</sup>, che avrebbero trovato (cfr. ancora Carmichael 2014, 177-180) condizioni particolarmente favorevoli dovute sia alla situazione climatica del periodo che alle trasformazioni dell'ambiente indotte anche dall'azione dell'uomo.

Lo studio di Ann Carmichael, che ipotizza in modo convincente la permanenza di focolai endemici in Europa nel lungo arco plurisecolare interessato dalla seconda pandemia, non nega però la possibilità di successive reintroduzioni di *Y. pestis* dai tradizionali e ormai ben conosciuti focolai asiatici.

Uno studio molto interessante su questo argomento è stato condotto da un gruppo di ricercatori<sup>31</sup> (Schmid *et al.* 2015) che, utilizzando due importanti *datasets*, il primo contenente le informazioni su oltre 7.700 episodi georeferenziati di peste, il secondo relativo a indicatori di variazioni climatiche riferite sia all'Asia che all'Europa, ritengono di aver fornito la prova di ripetute reintroduzioni del batterio della peste in Europa<sup>32</sup>, generate da brusche variazioni climatiche che hanno interessato i focolai asiatici.

La tesi è in effetti molto suggestiva. Come nello studio di Carmichael (relativo ai focolai di roditori selvatici in Europa), anche lo studio di Schmid *et al.* si concentra sui focolai (questa volta asiatici) di roditori selvatici<sup>33</sup>. Lo scenario descritto ipotizza un collasso (brusca riduzione) delle popolazioni di roditori che costituiscono i focolai permanenti di *Y. pestis*, causato da sfavorevoli condizioni climatiche. Questa improvvisa riduzione del numero dei roditori costringerebbe le loro pulci (infette)

a ricercare altri ospiti, fino ad arrivare in contatto con le carovane indicate (forse anche tramite le pulci dei cammelli) come i principali veicoli di trasmissione a lungo raggio della peste verso l'Europa.

In un successivo articolo (Namouchi *et al.* 2018), firmato tra gli altri anche dal primo autore del saggio del 2015 appena commentato (Schmid) e basato sul sequenziamento di nuovi campioni di DNA antico ricavati da siti archeologici europei, si ribadisce la convinzione che *Y. pestis* abbia raggiunto a più riprese l'Europa, durante la seconda pandemia, compiendo lunghi tragitti a partire dai focolai asiatici, soprattutto seguendo le rotte commerciali più frequentate.

D'altra parte, un paio di anni prima era stato pubblicato uno studio di Seifert *et al.* (2016), che riconosceva validità a entrambe le ipotesi (permanenza di *Y. pestis* e successive reintroduzioni nel corso della seconda pandemia<sup>34</sup>). Tuttavia, dall'analisi di DNA antico ricavato da alcuni siti archeologici in Germania, Seifert e colleghi ritengono di aver tratto la prova della permanenza di un singolo genotipo di *Y. pestis* per un periodo di 300 anni durante la seconda pandemia<sup>35</sup>.

#### **4. Per concludere: l'influenza del clima nei confronti della peste è stata talvolta sopravvalutata**

Come era stato anticipato nella premessa, in questa breve nota è stata svolta una rassegna della vasta bibliografia, in gran parte recente, sul tema delle relazioni tra clima e malattie infettive nel passato. Tra le malattie infettive che si trasmettono tramite un organismo vettore<sup>36</sup> si è scelto di considerare la peste, la cui storia, per quanto riguarda l'Italia e principalmente per i suoi catastrofici effetti in termini demografici, è stata oggetto di studi fin da anni ormai lontani (Cipolla 1976; Livi Bacci 1978; Del Punta 1980).

Va detto che il proliferare di ricerche sulla storia di questa malattia, da parte soprattutto di microbiologi ma anche di storici delle epidemie che sfruttano le informazioni oggi desumibili dall'esame del DNA antico richiede, da parte dei demografi storici (e di altri studiosi di estrazione umanistica), un continuo sforzo di aggiornamento<sup>37</sup> su questo relativamente nuovo ambito di indagine.

Similmente è necessario un costante aggiornamento riguardo al dibattito che negli ultimi anni ha visto impegnati svariati gruppi di ricerca che studiano le caratteristiche evolutive del germe responsabile della peste tentando di evidenziare possibili legami tra le brusche variazioni climatiche che per il passato vengono segnalate dai paleoclimatologi e l'insorgere e il dilagare delle due prime grandi pandemie.

Dunque, a conclusione di questa sintetica rassegna, è doveroso affidare al lettore una valutazione critica su quanto è stato scritto fino ad oggi sul tema delle relazioni possibili tra il variare del clima e l'insorgere e il diffondersi del germe della peste nelle popolazioni umane<sup>38</sup>. Certamente, nel tentare di riconsiderare in sintesi la validità o meno di determinate ipotesi, riguardo ai fattori che starebbero all'origine delle prime due grandi pandemie, è necessario affrontare la questione separatamente per quella iniziata alla metà del VI secolo e per la più nota che ha raggiunto l'Europa nel 1348.

Riguardo alla cosiddetta *peste di Giustiniano* sembra sia da condividere la prudenza con cui autorevoli ricercatori (tra gli altri, Sigl *et al.* 2015, McCormick *et al.*

2012) hanno posto in rilievo la coincidenza temporale tra l'improvviso e prolungato abbassamento delle temperature della quarta e quinta decade del sesto secolo, le drammatiche condizioni nutritive generate da questa variazione climatica e lo scoppio della pandemia, senza tuttavia avventurarsi a ipotizzare una relazione di causa-effetto tra variazione climatica e origine dell'epidemia.

La questione più dibattuta, per questa prima pandemia, riguarda però il focolaio da cui avrebbe avuto origine il contagio. Chi scrive propende, a questo proposito, per la tesi di coloro che sostengono l'origine africana della pandemia. L'arrivo di *Y. pestis* nell'area del delta del Nilo (porto di *Pelusium*) seguendo o il corso del fiume o le rotte lungo la costa africana del mar Rosso sarebbe spiegato con la particolare congiuntura climatica, mentre in precedenza lungo quelle vie di traffico le condizioni climatiche prevalenti avrebbero impedito ai vettori del bacillo di sopravvivere. Questa tesi, richiamata nelle pagine precedenti, è contestata da alcuni gruppi di ricerca sul piano dell'analisi filogenetica del ceppo di *Y. pestis* isolato nei reperti scheletrici ritrovati in Europa e risalenti a quella prima pandemia. L'origine asiatica della *peste di Giustiniano* (Wagner *et al.* 2014) sembra però scarsamente compatibile con la ben documentata cronologia della diffusione della peste dal porto di *Pelusium*, dove le fonti coeve ne danno la prima notizia, in direzione nord-est, in netta contraddizione con quanto dovrebbe essere stato documentato dai cronisti contemporanei nel caso di un'origine asiatica.

Quanto invece alle ricerche (cfr. in particolare Stenseth *et al.* 2006) che hanno permesso di ricostruire, nelle aree dove si trovavano i focolai permanenti della peste prima della metà del XIV secolo, le condizioni climatiche che avrebbero favorito un primo *spillover* di *Y. pestis* dai roditori selvatici, attraverso i ratti domestici, fino alle popolazioni umane, va detto che da un lato questa ricostruzione del contesto climatico e ambientale appare indubbiamente convincente e ben documentata, ma dall'altro viene da chiedersi (ed è questo forse l'interrogativo di ricerca più interessante) quante altre analoghe situazioni possano essersi determinate nel lungo periodo in cui la peste è rimasta confinata nei focolai asiatici (e comunque non è arrivata in Europa), e quali sono allora gli altri fattori (necessari insieme al contesto climatico per consentire lo *spillover* dai roditori selvatici fino all'uomo) che hanno impedito per molti secoli il verificarsi di catastrofi quali la *peste di Giustiniano* da un lato e la più nota *Black Death* dall'altro.

Infine, riguardo all'interessante dibattito sulla permanenza del ceppo originario di *Y. pestis* in Europa dopo la prima drammatica irruzione alla metà del XIV secolo, non occorre schierarsi a favore di questa tesi (il riferimento è in particolare allo studio di Ann Carmichael del 2014) o piuttosto a favore degli studi che hanno cercato di documentare ripetuti episodi di reintroduzione della peste dai focolai orientali. Vi è infatti un accordo sostanziale (cfr. soprattutto Seifert *et al.* 2016) sul fatto che le due posizioni sono complementari e non in antitesi. È del tutto verosimile che il ceppo originario possa essere sopravvissuto in focolai isolati, soprattutto nelle regioni alpine, mentre altri episodi lungo l'arco plurisecolare della seconda pandemia sono chiaramente imputabili a reintroduzioni del batterio della peste, favorite probabilmente da particolari condizioni climatiche.

<sup>1</sup> Sulle serie mensili di temperature e precipitazioni in Italia negli ultimi due secoli esiste un importante studio di Brunetti *et al.* (2006).

<sup>2</sup> Tra le acquisizioni più interessanti degli ultimi decenni si può citare (Fagan, Durrani 2022, 31 e Covey 1993, 53) la possibilità di ricavare informazioni sulle variazioni delle precipitazioni nel corso del tempo considerando il rapporto tra due isotopi dell'ossigeno ( $O_{18}$  più pesante e  $O_{16}$  più leggero) nelle carote di ghiaccio, nei carotaggi dei fondali marini, negli speleotemi. Infatti piogge più intense producono maggiori quantità di  $O_{16}$  mentre una maggior quantità di  $O_{18}$  indica piogge più scarse.

<sup>3</sup> Una delle ricostruzioni più accurate e più citate è quella di Ljungqvist (2010), ricercatore dell'Università di Stoccolma, che ha ricavato una curva delle temperature a cadenza decennale lungo l'arco di due millenni, riferita all'intero emisfero nord al di sopra del tropico (in pratica la zona temperata e quella fredda) mediando tra numerosi *proxy* (da sedimenti marini, da speleotemi, da carote di ghiaccio, da misurazioni di anelli di alberi etc.).

<sup>4</sup> Cfr. il contributo di McCormick *et al.* (2012), importante sia per la grande quantità di risultati acquisiti (epoca dell'Impero romano e successiva) che per la chiara illustrazione delle svariate modalità di raccolta di dati e informazioni.

<sup>5</sup> Riporto qui di seguito l'affermazione (Brehm *et al.* (2021) p. 10) di come sia oggi possibile catturare l'informazione della quantità di energia sprigionata dal sole e inviata sulla terra nel corso del tempo: «Cosmogenic radionuclides such as radiocarbon ( $^{14}C$ ) stored in tree rings or  $^{10}Be$  (Berillio) archived in ice core are considered to be most reliable tools for solar activity reconstructions». Nello studio in questione è stato utilizzato un 'archivio naturale' che fornisce informazioni su anelli di alberi dell'Inghilterra e della Svizzera che coprono il periodo AD 969 – 1933, dunque quasi un millennio.

<sup>6</sup> Questo periodo è noto in paleoclimatologia come 'Maunder Minimum'. I quattordici ricercatori che firmano l'articolo provengono da Dipartimenti e Istituti di ricerca di cinque paesi: Svizzera, Regno Unito, Svezia, Germania e Finlandia.

<sup>7</sup> Si tratta del medico e batteriologo giapponese Shibasaburo Kitasato (1853-1931), che aveva fatto esperienza a Berlino nel laboratorio di Robert Koch, e del medico e batteriologo svizzero Alexandre Yersin (1863-1943) che aveva lavorato fino al 1890 all'Istituto Pasteur di Parigi e si era quindi trasferito in Oriente.

<sup>8</sup> Cfr. ad esempio Achtman *et al.* (1999).

<sup>9</sup> Cfr. tra gli altri: Haensch *et al.* (2010), Cui *et al.* (2013), Hymes (2014), Seguy, Alfani (2017) e infine il più recente articolo di Spyrou *et al.* (2019). Una sintesi (rivolta ai non specialisti del settore) dei recenti sviluppi delle ricerche dei microbiologi volte a ricostruire la storia evolutiva di *Y. pestis* si può trovare in: Del Panta (2021a).

<sup>10</sup> Il sequenziamento è stato compiuto su un campione organico proveniente da un paziente che nel 1992 aveva contratto la peste polmonare nel Colorado (Doll *et al.* 1994).

<sup>11</sup> Cfr. Cui *et al.* 2013 (fig. 1 a p. 578).

<sup>12</sup> Il genoma è stato ricavato dalla polpa dentale di due individui sepolti in un cimitero medievale ad Aschheim (Germania). La datazione dei due scheletri col radiocarbonio ha confermato che la data della sepoltura è compatibile con l'epoca della prima pandemia (Wagner *et al.* 2014, 321).

<sup>13</sup> Il batterio è ospitato dalle pulci dei gerbilli, roditori selvatici presenti in zone desertiche o semi-desertiche sia del continente asiatico che di quello africano.

<sup>14</sup> Riguardo al ruolo del fattore clima nel determinare condizioni favorevoli al proliferare del batterio *Y. pestis* nelle popolazioni dei gerbilli e di conseguenza nell'incremento del rischio di trasmissione all'uomo, cfr. Stenseth *et al.* (2006). Anche Wagner *et al.* (2014) propendono per l'ipotesi che tutte e tre le grandi pandemie di peste siano legate a periodi di instabilità climatica. L'influenza del clima sull'origine delle grandi epidemie (non solo di peste) è infine uno dei temi centrali del libro di Harper (2019) sul declino della civiltà romana.

<sup>15</sup> Va notato che il saggio di Sarris era già stato pubblicato nel 2002, con il titolo *The Justinianic Plague: Origins and Effects* nella rivista «Continuity and Change», 17, 2, 169-183.

<sup>16</sup> Nel secondo capitolo del libro di Keys, dedicato all'origini della peste del VI secolo, si parla di un fiorente commercio di avorio, carapaci di tartaruga, corni di rinoceronte che venivano esportati da una serie di porti situati (cfr. la cartina di p. 19) sulla costa oggi appartenente a Tanzania e Somalia. Questi traffici, che provenivano da aree interne sul versante est del lago Vittoria si sarebbero interrotti, secondo le evidenze archeologiche, proprio attorno alla metà del VI seco-

lo, in coincidenza con il manifestarsi di quella che sarebbe stata poi ricordata come la *Peste di Giustiniano*.

<sup>17</sup> In particolare, risulta (Cavanaugh 1971) che, quando la temperatura media è molto elevata, nella pulce (*Xenopsylla cheopis*) non avviene il fenomeno del bloccaggio del proventricolo, e dunque il potere di trasmissione del bacillo si riduce drasticamente.

<sup>18</sup> Va segnalato che McMichael non ha fatto probabilmente in tempo a conoscere questi risultati (essendo venuto improvvisamente a mancare il 26 settembre 2014).

<sup>19</sup> I ricercatori dei due gruppi, firmatari dei due articoli, appartengono in prevalenza a istituti di ricerca tedeschi e statunitensi (ma vi è anche la presenza di ricercatori di Canada, Australia, Norvegia). Alcuni ricercatori, tra i quali i primi firmatari, fanno parte di entrambi i gruppi.

<sup>20</sup> Nella ricostruzione di un albero filogenetico di *Y. pestis* basato sul sequenziamento di un campione di genomi del batterio reperiti in Cina e in altre aree dell'emisfero nord del pianeta, Cui *et al.* (2013, 581) segnalano una variante collocata in Angola, che potrebbe essere associata alla diffusione della *pandemia di Giustiniano* dall'Africa verso tutta l'Europa.

<sup>21</sup> Questa affermazione appare in realtà contraddetta dalla ben documentata cronologia della diffusione della peste da Pelusium verso nord est, riportata dagli storici coevi.

<sup>22</sup> I 13 ricercatori che hanno firmato l'articolo (biologi, zoologi, epidemiologi, statistici) risultano afferenti a Dipartimenti o Istituti di ricerca dei seguenti paesi: Norvegia, USA, Regno Unito, Belgio, Danimarca, Kazakistan, Svizzera.

<sup>23</sup> Stenseth *et al.* (2006) hanno riscontrato, sulla base di osservazioni effettuate sugli attuali focolai endemici della peste, che il clima caldo e umido favorisce appunto, oltre all'incremento delle popolazioni dei roditori, anche il proliferare, in queste popolazioni, di pulci infette.

<sup>24</sup> Riguardo all'importanza di considerare la carestia come un fattore aggravante l'incidenza della peste del Trecento, cfr. anche Campbell (2016).

<sup>25</sup> Biraben (1975-76) aveva affrontato la questione basandosi su un vastissimo database di informazioni relative a singoli episodi di peste, citati dai contemporanei, arrivando a mostrare che, al di là di alcuni grandi eventi che appaiono chiaramente il frutto di una reintroduzione del morbo dall'esterno (soprattutto attraverso i porti dove attraccavano le navi provenienti dall'Oriente), vi sono una tale continuità temporale e una tale diffusione territoriale di notizie di casi di peste, nell'arco dei secoli che vanno dal XIV al XVII, che è difficile poter escludere la permanenza di focolai endemici. Egli riteneva però, soprattutto per i paesi dell'Europa occidentale, che questi focolai fossero localizzati nei centri urbani e dunque a livello di ratti piuttosto che di roditori selvatici.

<sup>26</sup> Nel breve profilo biografico annesso al saggio, Ann Carmichael si definisce «an historical epidemiologist originally trained in medicine».

<sup>27</sup> Anche Achtman (2016), che a sua volta cita Spyrou *et al.* (2016) è in accordo con la tesi della permanenza a lungo termine dello stesso ceppo del batterio della peste dopo la sua irruzione in Europa nel 1348.

<sup>28</sup> Evidentemente però i 'negazionisti' sostenevano che, nel caso della grande ondata epidemica del 1348, ratti e pulci non erano stati (con *Y. pestis*) i responsabili della strage, da loro addebitata ad altra patologia.

<sup>29</sup> Carmichael (2014, 176-77) cita il caso della città di Milano, che pare fosse stata risparmiata dalla grande epidemia del 1348 e che fu invece gravemente colpita nel 1361. In particolare, è stata ipotizzata una possibile parziale immunità acquisita dagli scampati alla prima ondata. Carmichael cita, su questo aspetto, il saggio di Crespo e Lawrenz (2014), contenuto nello stesso volume che ospita anche il suo scritto. Sul problema dell'immunità eventualmente acquisita dai soggetti guariti dalla malattia, e sulla sua possibile durata, cfr. anche Li *et al.* (2012).

<sup>30</sup> Nello studio si cita in primo luogo la marmotta delle Alpi (*Marmota marmota*), ma si considerano anche molti altri piccoli roditori ed altri mammiferi, con il loro corredo di pulci suscettibili di trasmettere *Y. pestis*.

<sup>31</sup> Si tratta di uno studio interdisciplinare che vede l'apporto di microbiologi, epidemiologi, paleoclimatologi.

<sup>32</sup> È stato stimato un *décalage* temporale medio di circa quindici anni tra l'origine dell'epizoozia in Asia e la manifestazione della peste nei porti o nelle città europee.

<sup>33</sup> In questo caso l'attenzione è posta principalmente sul *Grande gerbillo* (*Rhombomys opimus*), specie diffusa nell'Asia centrale.

<sup>34</sup> Per la seconda ipotesi viene appunto citato l'articolo di Schmid *et al.* (2015).



<sup>35</sup> Nell'articolo (Seifert *et al.* 2016, p.2) si specifica inoltre che quello stesso genotipo esisteva anche in altre parti dell'Europa. A conclusioni analoghe giunge lo studio di Bos *et al.* (2016, pp. 5-7). Quest'ultimo scritto è infine citato da Alfani e Murray (2017), che condividono l'idea di una persistenza di lungo periodo della peste in Europa dopo il 1348.

<sup>36</sup> È nel vasto campo delle malattie trasmissibili attraverso un organismo vettore che si possono individuare più chiaramente gli effetti sia di brusche variazioni dei parametri climatici sull'insorgere delle più gravi epidemie sia di cambiamenti climatici più gradualmente e spesso di lungo e lunghissimo periodo sulla maggiore o minore diffusione (nel senso della latitudine e/o in quello dell'altitudine) della endemia malarica.

<sup>37</sup> Si può vedere la prefazione alla nuova edizione del mio vecchio libretto su *Epidemie e storia demografica* (Del Panta 2021b).

<sup>38</sup> Sono convinto che quanto ho potuto reperire nel *web* (la ricerca bibliografica si è chiusa tra marzo e aprile del 2025) non esaurisce la bibliografia in argomento, anche se spero di non aver trascurato studi di fondamentale importanza.

## Riferimenti bibliografici

- M. Achtman *et al.* (1999), *Yersinia pestis, the cause of plague, is a recently emerged clone of Yersinia tuberculosis*, «Proc. Natl. Acad. Sci. USA», 96, 14043-14048.
- M. Achtman (2016), *How old are bacterial pathogens?*, «Proc. R. Soc. B», 283, 20160990 (<http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2016.0990>).
- G. Alfani, T.E. Murphy (2017), *Plague and Lethal Epidemics in the Pre-Industrial World*, «The Journal of Economic History», march 2017, 77 (01), 314-343.
- F. Audoin-Rouzeau (2003), *Les Chemins de la peste. Le rat, la puce et l'homme*, Presses Universitaires de Rennes.
- O.J. Benedictow (2004), *The Black Death 1346-1353. The Complete History*, The Boydell Press, Woodbridge.
- J.N. Biraben (1975-76), *Les hommes et la peste en France et dans les pays européens et méditerranéens*, 2 voll., Mouton, Paris.
- K.I. Bos *et al.* (2011), *A draft genome of Yersinia pestis from victims of the Black Death*, «Nature», 478 (7370), 506-510.
- K.I. Bos *et al.* (2016), *Eighteenth Century Yersinia pestis Genomes Reveal the Long-Term Persistence of an Historical Plague Focus*, «LIFE», V, e12994.
- N. Brehm *et al.* (2021), *Eleven-year solar cycles over the past millennium revealed by radiocarbon in tree rings*, «Nature Geoscience», 14, 10-15.
- M. Brunetti *et al.* (2006), *Temperature and precipitation variability in Italy in the last two centuries from homogenised instrumental time series*, «Int. J. Climatol.», 26, 345-381.
- B.M.S. Campbell (2016), *The Great Transition. Climate, Disease and Society in the Late-Medieval World*, Cambridge University Press, Cambridge.
- A.G. Carmichael (2014), *Plague Persistence in Western Europe: A Hypothesis*, «The Medieval Globe», I, 157-191.
- D.C. Cavanaugh (1971), *Specific effect of temperature upon transmission of the plague bacillus by the oriental rat flea, xenopsylla cheopis*, «The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene», 20, 2, 264-273.
- C.M. Cipolla (1976), *Cristofano e la peste. Un caso di storia del sistema sanitario in Toscana nell'età di Galileo*, Il Mulino, Bologna.
- S.K. Cohn (2002), *The Black Death Transformed*, Arnold, London.
- C. Covey (1993), *L'orbita terrestre e le glaciazioni*, in F. Ippolito (a cura di), *Ambiente terra. I fattori naturali della sua evoluzione*, Le Scienze s.p.a. editore, Milano (l'articolo era stato già pubblicato in «Le Scienze», 188, aprile 1984).
- F. Crespo, M.B. Lawrenz (2014), *Heterogeneous Immunological Landscapes and Medieval Plague: An Invitation to a New Dialogue between Historians and Immunologists*, «The Medieval Globe», I, 229-258.
- Y. Cui *et al.* (2013), *Historical variations in mutation rate in an epidemic pathogen, Yersinia pestis*, «Proc. Natl. Acad. Sci. USA», 110, 577-582.

- L. Del Panta (1980), *Le epidemie nella storia demografica italiana (secoli XIV-XIX)*, Loescher, Torino.
- L. Del Panta (2021a), *Plague, malaria and demographics in past Italy: recent acquisitions and open problems*, «Popolazione e Storia», 1, 9-27, doi: 10.4424/ps2021-1.
- L. Del Panta (2021b), *Le epidemie nella storia demografica italiana*, Biblioteca Clueb, Bologna.
- G.M. Doll et al. (1994), *Cat-transmitted fatal pneumonic plague in a person who travelled from Colorado to Arizona*, «Am. J. Trop. Med. Hyg.», 51, 1, 109-114.
- B. Fagan, N. Durrani (2022), *Storia dei cambiamenti climatici. Lezioni di sopravvivenza dai nostri antenati*, Il Saggiatore, Milano (ed. orig. 2021).
- G. Ferrari, M. Livi Bacci (1985), *Sulle relazioni tra temperature e mortalità nell'Italia unita, 1861-1914*, in Società Italiana di Demografia Storica, *La popolazione italiana nell'Ottocento. Continuità e mutamenti*, CLUEB, Bologna.
- H.M. Green (2014), *Taking «Pandemic» Seriously: Making the Black Death Global*, «The Medieval Globe», 1, 1, Article 4, 27-61 (Available at: <https://scholarworks.wmich.edu/tmg/vol1/iss1/4>).
- S. Haensch et al. (2010), *Distinct Clones of «Yersinia pestis» Caused the Black Death*, «PLoS Pathogens», VI, e1001134.
- M. Harbeck et al. (2013), *«Yersinia pestis» DNA from Skeletal Remains from the 6<sup>th</sup> Century AD Reveals Insights into Justinianic Plague*, «PLoS Pathogens», IX, e1003349.
- K. Harper (2019), *Il destino di Roma. Clima, epidemie e la fine di un impero*, Einaudi, Torino (ed. orig. Princeton University Press, 2017).
- R. Hymes (2014), *Epilogue: A Hypothesis on the East Asian Beginnings of the Yersinia pestis Polytomy*, «The Medieval Globe», I, 285-308.
- D. Keys (1999), *Catastrophe. An Investigation into the Origins of the Modern World*, Ballantine Books, New York.
- H.H. Lamb (1972), *Climate, Present, Past and Future*, vol. 1, *Fundamentals and Climate now*, Methuen, London (Routledge Revivals 2013).
- H.H. Lamb (1977), *Climate, Present, Past and Future*, vol. 2, *Climatic History and the Future*, Methuen, London (Reprint 2011 by Routledge, Taylor & Francis Group).
- E. Le Roy Ladurie (1982), *Tempo di festa, tempo di carestia. Storia del clima dall'anno mille*, Einaudi, Torino (ed. orig. 1967). La traduzione italiana è tratta da una edizione inglese del 1972, accresciuta rispetto a quella originaria.
- B. Li et al. (2012), *Humoral and Cellular Immune Responses to Yersinia pestis Infection in Long-Term Recovered Plague Patients*, «Clinical and Vaccine Immunology», American Society of Microbiology, 228-234.
- L.K. Little (ed.) (2007), *Plague and the End of Antiquity. The Pandemic of 541-750*, Cambridge University Press.
- L.K. Little (2007), *Life and Afterlife of the First Pandemic*, in L.K. Little (ed.), *Plague and the End of Antiquity. The Pandemic of 541-750*, Cambridge University Press, 3-32.
- M. Livi Bacci (1978), *La société italienne devant les crises de mortalité*, Dipartimento Statistico, Firenze.
- F.C. Ljungqvist (2010), *A new reconstruction of temperature variability in the extra-tropical Northern Hemisphere during the last two millennia*, «Geogr. Ann.», 92 A, 3, 339-351.
- M. McCormick (2007), *Toward a Molecular History of the Justinianic Pandemic*, in L.K. Little (ed.), *Plague and the End of Antiquity. The Pandemic of 541-750*, Cambridge University Press, 290-312.
- M. McCormick et al. (2012), *Climate Change during and after the Roman Empire: Reconstructing the Past from Scientific and Historical Evidence*, «Journal of Interdisciplinary History», 43, 2, August, 169-220.
- A.J. McMichael (2012), *Insights from past millennia into climatic impacts on human health and survival*, «PNAS», March 27, 109, 13, 4730-4737.
- A.J. McMichael (2015), *Extreme weather events and infectious disease outbreaks*, «Virulence», 6, 6, 543-547.
- A.J. McMichael (2017), *Climate change and the health of nations: famines, fevers and the fate of populations*, Oxford University Press.
- G. Morelli et al. (2010), *Yersinia pestis genome sequencing identifies patterns of global phylogenetic diversity*, «Nature Genetics», 2, 12, December, 1140-1145.
- A. Namouchi et al. (2018), *Integrative approach using Yersinia pestis genomes to revisit the histori-*

- cal landscape of plague during the Medieval period*, «PNAS» Latest Articles, 1-8, doi: 10.1073/pnas.1812865115.
- J. Parkhill *et al.* (2001), *Genome sequence of Yersinia pestis, the causative agent of plague*, «Nature», 413, 523-527.
- J.A. Patz *et al.* (2003), *Climate change and infectious diseases* (chapter 6, 103-132), in A.J. McMichael *et al.* (eds.), *Climate change and human health. Risks and responses*, World Health Organization, Geneva.
- R.I. Rotberg, Th.K. Rabb (eds.) (1981), *Climate and History. Studies in Interdisciplinary History*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey.
- P. Sarris (2002), *The Justinianic Plague: Origins and Effects*, «Continuity and Change», 17.2, 169-183.
- P. Sarris (2007), *Bubonic Plague in Byzantium. The Evidence of Non-Literary Sources*, in L.K. Little (ed.) (2007), *Plague and the End of Antiquity. The Pandemic of 541-750*, Cambridge University Press, 119-132.
- B.V. Schmid *et al.* (2015), *Climate-driven Introduction of the Black Death and Successive Plague Reintroductions into Europe*, «Proceedings of the National Academy of Science», 112, 19, 3020-3025.
- I. Seguy, G. Alfani (2017), *La peste : bref état des connaissances actuelles*, in «Annales de Démographie Historique», 2, 15-38.
- L. Seifert *et al.* (2016), *Genotyping Yersinia pestis in Historical Plague: Evidence for Long-Term Persistence of Y. pestis in Europe from the 14<sup>th</sup> to the 17<sup>th</sup> Century*, in «PLoS One», XI, 1, e0145194.
- M. Sigl *et al.* (2015), *Timing and Climate Forcing of Volcanic Eruptions for the Past 2500 Years*, «Nature», DXXIII, 543-62.
- M.A. Spyrou *et al.* (2016), *Historical Y. pestis genomes reveal the European black death as the source of ancient and modern plague pandemics*, «Cell Host Microbe», 19, 874-881, doi: 10.1016/j.chom.2016.05.012.
- M.A. Spyrou *et al.* (2019), *Phylogeography of the second plague pandemic revealed through analysis of historical Yersinia pestis genomes*, «Nature Communications», 10, 4470.
- N.Ch. Stenseth *et al.* (2006), *Plague dynamics are driven by climate variation*, «Proc. Natl Acad. Sci. USA», 103, 13110-13115.
- G. Twigg (1984), *The Black Death: A Biological Reappraisal*, Schocken, London.
- D.M. Wagner *et al.* (2014), *Yersinia pestis and the Plague of Justinian 541-543 AD: A Genomic Analysis*, «Lancet Infectious Diseases», XIV, 319-326.
- K.A.F. Zonneveld *et al.* (2024), *Climate change, society, and pandemic disease in Roman Italy between 200 BCE and 600 CE*, «Sci. Adv.», 10, eadk 1033.

## Riassunto

*Variazioni climatiche all'origine delle grandi pandemie di peste (VI e XIV sec. AD): breve rassegna bibliografica*

La ricerca sulle possibili relazioni tra clima e malattie infettive nel passato ha prodotto interessanti risultati negli ultimi decenni, soprattutto da quando i paleoclimatologi, mettendo a punto tecniche di indagine sempre più perfezionate e utilizzando anche dati di parametri ambientali (a partire dalle temperature e dai livelli di precipitazioni) estese a epoche molto remote hanno messo a disposizione di storici ed epidemiologi serie molto lunghe e dettagliate di tali parametri.

Tra le malattie infettive, quelle che sono oggetto di studi più approfonditi in relazione alle variazioni climatiche sono quelle trasmesse da vettori animali. Per il lontano passato, la malattia epidemica più studiata è indubbiamente la peste. Facendo riferimento all'ampia bibliografia in materia, si è voluto dunque qui richiamare i termini della discussione che si è sviluppata tra gli studiosi negli ultimi decenni circa il possibile legame tra condizioni climatiche e origine delle grandi pandemie di peste.

Sia per la prima (la *Peste di Giustiniano* originatasi nel VI secolo AD) che per la seconda pandemia (la *Black Death* che ha raggiunto l'Europa nel 1348) la bibliografia che tratta della possibile influenza di variazioni climatiche sull'origine del contagio è molto estesa. Con questa breve rassegna si è ritenuto utile riepilogare i termini della questione e mettere a confronto le diverse ipotesi sostenute dai vari autori.

### Summary

#### *Climatic Variations at the Origin of the Great Plague Pandemics (VI and XIV Centuries AD): Brief Bibliographic Review*

Research into the possible relationships between climate and infectious diseases in the past has produced interesting results in recent decades, especially since paleoclimatologists, by developing increasingly refined investigation techniques and using databases of environmental parameters (starting with temperatures and precipitation levels) extending back to very remote eras, have made very long and detailed series of these parameters available to historians and epidemiologists. Among infectious diseases, those that are the subject of more in-depth studies in relation to climate variations are those transmitted by animal vectors. For the distant past, the most studied epidemic disease is undoubtedly the plague. Referring to the extensive bibliography on the subject, we wanted to recall here the terms of the discussion that has developed among scholars in recent decades regarding the possible link between climatic conditions and the origin of the great plague pandemics.

Both for the first (the Plague of Justinian that originated in the 6th century AD) and for the second pandemic (the Black Death that reached Europe in 1348) the bibliography that deals with the possible influence of climate variations on the origin of the contagion is very extensive. With this brief review it was considered useful to summarize the terms of the question and compare the different hypotheses supported by the various authors.

#### *Parole chiave*

Peste; Clima; Rassegna; Paleoclimatologia.

#### *Keywords*

Plague; Climate; Review; Paleoclimatology.