



Pressemitteilung

Heutige Syphilisinfektionen könnten auf wenige gemeinsame Vorfahren der Erreger zurückgehen

Ein internationales Forscherteam unter Beteiligung der Universität Tübingen untersucht die genetische Herkunft des Syphiliserregers, der sich in den vergangenen Jahrzehnten wieder ausgebreitet hat

Dr. Karl Guido Rijkhoek
Leiter

Janna Eberhardt
Forschungsredakteurin

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

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

www.uni-tuebingen.de/aktuell

Tübingen, den 05.12.2016

Über die ersten Ausbrüche der Syphilis in Europa wurde 1495 im Krieg von Neapel berichtet. Der Erreger, ein Bakterium mit dem Namen *Treponema pallidum*, breitete sich danach schnell auf weitere Kontinente aus. Die meist über sexuelle Kontakte übertragene Syphilis wurde eine der gefürchtetsten Infektionskrankheiten in der Menschheitsgeschichte. Obwohl die Infektion heute mit Antibiotika behandelt werden kann, konnte sich der Erreger in den vergangenen Jahrzehnten wieder global ausbreiten – 2008 gab es weltweit geschätzte 10,6 Millionen Neuinfektionen. Die Genetik und Verwandtschaftsverhältnisse heutiger Syphiliserreger haben Wissenschaftler der Universität Zürich unter der Leitung von Dr. Natasha Arora und Dr. Homayoun Bagheri gemeinsam mit den Paläogenetikern um Professor Johannes Krause und Dr. Dr. Verena Schünemann sowie Bioinformatikern unter der Leitung von Professorin Kay Nieselt der Universität Tübingen mit einem internationalen Team in einer Studie untersucht. Es kristallisierte sich heraus, dass die Syphiliserreger in der mehrhundertjährigen Geschichte möglicherweise mehrmals stark zurückgedrängt werden konnten, aber doch bis heute das Potenzial für weltweite Ausbrüche in sich tragen. Die Studie wurde in der Fachzeitschrift *Nature Microbiology* veröffentlicht.

Ob die Syphilisausbrüche Ende des 15. Jahrhunderts mit der Rückkehr der Amerikareisenden um Christoph Columbus zusammenhingen, konnte nie eindeutig geklärt werden. Jedenfalls ließ sich die Infektion erst rund 500 Jahre später durch die Entdeckung des Antibiotikums Penizillin ursächlich und effektiv behandeln. Bisher sind keine Penizillinresistenzen der Syphiliserreger bekannt, doch werden immer mehr Stämme der Bakterien unempfindlich gegen das Antibiotikum Azithromycin.

In ihrer Studie haben die Forscher rund 70 Proben von heutigen Patienten aus 13 Ländern und 18 historische Proben, die seit 1912 im Labor

gehalten wurden, genetisch analysiert und verglichen. „Die Datenlage ist schwierig, weil aus klinischen Proben nur wenig DNA-Material gewonnen werden kann. Das Bakterium lässt sich auch nur schwer in Kultur halten“, sagt die Mitautorin Verena Schünemann aus dem Institut für Naturwissenschaftliche Archäologie der Universität Tübingen. Häufig kann es nur in Tieren gezüchtet werden, wobei prinzipiell genetische Veränderungen auftreten können, die das Ergebnis verfälschen. Daher wurden in der vorliegenden Studie hochempfindliche Methoden der Paläogenetik auf moderne klinische Proben angewandt, um die genetischen Informationen direkt zu erhalten und das Züchten des Erregers in Tieren zu umgehen. Klinische Proben werden hauptsächlich genommen, um den Syphiliserreger von eng verwandten Bakterien unterscheiden zu können, die die tropische Infektionskrankheit Frambösie auslösen.

Auf der Basis der sequenzierten Genome stellten die Forscher fest, dass alle Syphiliserreger einen gemeinsamen Vorfahren haben, der mehr als ein Jahrhundert nach den ersten Ausbrüchen in Europa existierte, in der frühen Moderne zwischen 1611 und 1859. „Das deutet daraufhin, dass sich die Krankheit in dieser Zeit begann stärker auszubreiten“, sagt Johannes Krause. Einen Flaschenhals, bei dem die Syphilisinfektionen auf wenige Erreger reduziert worden sein müssen, zeichnet sich für die Mitte des 20. Jahrhunderts zwischen 1948 und 1974 ab. Dies deuten die Forscher als Folge der Entdeckung und dem Einsatz von Antibiotika gegen die Infektion. „Seither haben sich die Erreger weiter verändert und sich zu einer Pandemie mit Bakterien aus einem einzigen Cluster von Stämmen weltweit ausgebreitet“, berichtet Kay Nieselt vom Zentrum für Bioinformatik der Universität Tübingen.

Publikation:

Natasha Arora, Verena J. Schuenemann, Günter Jäger, Alexander Peltzer, Alexander Seitz, Alexander Herbig, Michal Strouhal, Linda Grillová, Leonor Sánchez-Busó, Denise Kühnert, Kirsten I. Bos, Leyla Rivero Davis, Lenka Mikalová, Sylvia Bruisten, Peter Komericki, Patrick French, Paul R. Grant, María A. Pando, Lucía Gallo Vaulet, Marcelo Rodríguez Fermepin, Antonio Martinez, Arturo Centurion Lara, Lorenzo Giacani, Steven J. Norris, David Šmajš, Philipp P. Bosshard, Fernando González-Candelas, Kay Nieselt, Johannes Krause and Homayoun C. Bagheri: Origin of modern syphilis and emergence of a pandemic *Treponema pallidum* cluster. *Nature Microbiology*, DOI: 10.1038/NMICROBIOL.2016.245

Kontakt:

Prof. Dr. Kay Nieselt
Universität Tübingen
Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät
Zentrum für Bioinformatik
Telefon +49 7071 29-78981
kay.nieselt[at]uni-tuebingen.de

Dr. Dr. Verena Schünemann
Universität Tübingen
Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät
Urgeschichte und Naturwissenschaftliche Archäologie, Abt. Paläogenetik
Telefon +49 7071 29-75652
verena.schuenemann[at]ifu.uni-tuebingen.de