

Press release**Universität Zürich****Melanie Nyfeler**

02/13/2025

<http://idw-online.de/en/news847486>Research results, Transfer of Science or Research
Biology, Medicine, Nutrition / healthcare / nursing, Social studies
transregional, national**Die weltweite Ausbreitung von Geschlechtskrankheiten eindämmen****Weltweit steigen die Fälle von bakteriellen sexuell übertragbaren Infektionen an. Ein internationales Team unter der Leitung der Universität Zürich hat nun eine neue Methode zur Genomsequenzierung entwickelt und damit einen bisher unerkannten Chlamydienstamm entdeckt.**

Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) meldet jedes Jahr weltweit Hunderte Millionen neuer Fälle von bakteriellen Geschlechtskrankheiten. Viele Infektionen bleiben aufgrund ihrer oft unauffälligen Symptome unerkannt, was zu weiteren Übertragungen, Folgekrankheiten, Unfruchtbarkeit und Fehlgeburten führen kann. Angesichts zunehmender Antibiotikaresistenz ist das Verständnis dieser Erreger, die Chlamydien, Gonorrhöe, Syphilis und auch *Mycoplasma genitalium* verursachen, wichtig und im Interesse der öffentlichen Gesundheit.

Die Herausforderung, STIs zu verstehen

Die Erforschung der Bakterien, die zu sexuell übertragbaren Infektionen (STI) führen, ist schwierig. Die Erreger können meist nicht im Labor gezüchtet werden, und klinische Proben enthalten Unmengen von menschlicher DNA, was die Genomsequenzierung bakterieller STIs stark erschwert. Dabei wären die genetischen Informationen wichtig, um herauszufinden, wie diese Bakterien untereinander verwandt sind, wie sie sich verbreiten und wie resistent sie gegen Antibiotika sind.

Forschende unter der Leitung von Helena Seth-Smith von der Universität Zürich (UZH) haben in Zusammenarbeit mit der Universität Buenos Aires in Argentinien nun eine neue Sequenzierungsmethode entwickelt: Mithilfe speziell entwickelter molekularer Sonden «fischten» sie die bakterielle DNA der Geschlechtskrankheiten aus den klinischen Proben und ermöglichten so eine hochauflösende Genomanalyse. «Die neue Methode hilft uns zu verstehen, wie sich Geschlechtskrankheiten ausbreiten und anpassen», sagt Helena Seth-Smith, Co-Leiterin Microbial Genomics und Leiterin Bioinformatik am Institut für medizinische Mikrobiologie.

Entdeckung eines neuen Chlamydienstamms

Das Team entdeckte zudem einen bisher unbekanntem Stamm von *Chlamydia trachomatis* in Argentinien, der vor allem beim ungeschützten Sex über die Schleimhäute weitergegeben wird. Der neue Stamm «ompA-Genotyp L4» weist im Vergleich zu den drei bisher bekannten Stämmen andere genetische Merkmale auf und wurde in Rektalproben von Männern gefunden, die Sex mit Männern hatten. Patienten mit der Abstammungslinie L4 zeigten typischerweise Symptome wie Entzündungen des Enddarms, Schwierigkeiten beim Stuhlgang oder Ausfluss.

«Der Befund unterstreicht die Dynamik der Übertragungs- und Entwicklungswege von STI und eröffnet eine neue Dimension des Verständnisses dieser Krankheiten», erklärt Erstautorin Karina Büttner von der UZH. «Mit diesen Instrumenten können wir die Bemühungen der öffentlichen Gesundheit zur Kontrolle und Prävention von sexuell übertragbaren Infektionen besser unterstützen.»

Ein Weg nach vorn

Eine globale Zusammenarbeit bei der Verfolgung dieser Infektionen ist unerlässlich. Denn Geschlechtskrankheiten betreffen oft auch Bevölkerungsgruppen, die wenig oder keinen Zugang zu medizinischer Versorgung oder Bildung haben. Durch die neuen Methoden und das bessere Verständnis des genetischen Aufbaus der Krankheitserreger können Trends bei der Antibiotikaresistenz erkannt, Diagnosetests verbessert und Behandlungen auf die wachsende Bedrohung durch STIs zuschnitten werden, so die Forschenden.

contact for scientific information:

Kontakt

Dr. Helena Seth-Smith

Institut für medizinische Mikrobiologie

Universität Zürich

hsethsmith@imm.uzh.ch

+41 44 634 26 24

Original publication:

Literatur

Karina Andrea Büttner et al. Chlamydia trachomatis genomes from rectal samples: description of new clade comprising ompA-genotype L4 from Argentina. *Microbial Genomics*, 13 February 2025. Doi:10.1099/mgen.o.001350

Karina Andrea Büttner et al. Evaluating methods for genome sequencing Chlamydia trachomatis and other sexually transmitted bacteria directly from clinical swabs. *Microbial Genomics*, 13 February 2025. Doi:10.1099/mgen.o.001353

URL for press release: <https://www.news.uzh.ch/de/articles/media/2025/Chlamydien.html>