

## Mehr zum Thema Syphilis

Syphilis ist eine bedeutende und häufige Erkrankung des Menschen. Sie wird durch das Bakterium *Treponema pallidum* ssp. *pallidum* verursacht, dessen Ursprung und Ausbreitung kontrovers diskutiert wird. Trotz der engen phylogenetischen Verwandtschaft von *T. pallidum* ssp. *pallidum* zu den anderen ssp. *pertenue* und *endemicum* ist unklar, welche Faktoren zu den vielfältigen klinischen Manifestationen und Übertragungswegen führen. Der Mangel an Wissen wird vor allem durch einen kürzlich beschriebenen simianen Stamm deutlich. Der Stamm verursacht genitale Ulzeration bei Pavianen (*Papio anubis*), ist aber genetisch mit einem humanen Isolat der *pertenue* Klade, dem Erreger der Frambösie, am nächsten verwandt. Der Vergleich von Genomen verschiedener Stämme, in Kombination mit unserem Wissen über die Manifestation und Pathoimmunologie in Mensch und nicht-humanen Primaten (NHP), ergibt möglicherweise weitere Informationen über den Ursprung, die Evolution und Pathogenese der Syphilis. Berichte über experimentelle Inokulationen mit simianen Stämmen zeigen das zoonotische Potential.

Der Nachweis von NHP als Reservoir hätte einen deutlichen Einfluss auf den Erfolg zukünftiger Treponematose-Eradikationsprogramme (z.B. WHO 2012). Es wird vermutet, dass nicht-venerische Stämme mehrfach in der Primatenfamilie dazu geführt haben, dass Syphilis-ähnliche Manifestationen entstanden ODER dass simiane Stämme vor kurzem damit begonnen haben, Syphilis-ähnliche Manifestationen zu verursachen, als Antwort auf Wirtsimmunologie oder Umwelteinflüsse. Es ist fraglich, ob genetische Polymorphismen zu funktionalen Unterschieden zwischen einzelnen *T. pallidum* Stämmen führen und ob diese mit charakteristischen stammspezifischen klinischen und immunologischen Veränderungen einhergehen.

Wir verfolgen den „One Health-Ansatz“ und verstehen die Gesundheit von Mensch und Wildtier als untrennbar. Wissenschaftlich ist einer unsere Hauptaspekte der Vergleich humaner und simianer Treponemenisolate aus Afrika, besonders aus Gebieten, die als Hotspot für Infektionen bei Mensch und NHP bekannt sind.

### Ausgewählte Referenzen:

Harper, K.N.; Fyumagwa, R.D.; Hoare, R.; Wambura, P.N.; Coppenhaver, D.H.; Sapolsky, R.M.; Alberts, S.C.; Tung, J.; Rogers, J.; Kilewo, M.; Batamuzi E.K.; Leendertz, F.H.; Armelagos, G.J.; Knauf, S. (2012): *Treponema pallidum* infection in the wild baboons of East Africa: distribution and genetic characterization of the strains responsible. PLoS One, 7 (12), e50882.

Knauf, S.; Batamuzi, E.K.; Mlengeya, T.; Kilewo, M.; Lejora, I.; Nordhoff, M.; Ehlers, B.; Harper, K.N.; Fyumagwa, R.; Hoare, R.; Failing, K.; Wehrend, A.; Kaup, F.J.; Leendertz, F.H.; Maetz-Rensing, K. (2012): *Treponema* infection associated with genital ulceration in wild baboons. Journal of Veterinary Pathology, 49(2), 292-303.