

Erste historische Syphilis-Genome entziffert

Forscher bergen drei Genome des Bakteriums *Treponema pallidum* aus menschlichen Überresten der Kolonialzeit in Mexiko

[Genetik Infektionsbiologie](#)

Ein internationales Team mit Forschern des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte in Jena hat die bisher ältesten Genome des Bakteriums *Treponema pallidum* entdeckt, das Syphilis verursacht. Zuvor hatte man es für unmöglich gehalten, das Bakterium aus alten Proben zu bergen. Der Fund eröffnet die Möglichkeit, die Herkunft und Evolution der Krankheit, die sich in jüngster Vergangenheit wieder verstärkt verbreitet, direkt zu untersuchen.

Das Bakterium *Treponema pallidum* verursacht weltweit Infektionen bei Menschen, unter anderem ruft es Syphilis und die Tropenkrankheit Frambösie hervor. Vor allem die sexuell übertragene Syphilis breitet sich inzwischen wieder aus, jährlich werden weltweit Millionen von Neuinfektionen gemeldet. Trotz ihrer historischen Bedeutung sind Ursprung und Evolution der Syphilis sowie verwandter Krankheiten nicht gut erforscht.

Die Studie, an der neben dem Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte auch die Universität Tübingen, die National School of Anthropology and History in Mexiko-Stadt sowie die Universität Zürich beteiligt waren, brachte einen wesentlichen Fortschritt: Erstmals konnten die Forscher die beiden Unterarten der Krankheitserreger voneinander trennen, die entweder Syphilis oder Frambösie verursachen. Da die verschiedenen mit Syphilis verwandten Krankheiten ähnliche Spuren an Knochen verursachen, war es zuvor nicht möglich gewesen, historische Syphilisfälle sicher als solche zu identifizieren.

Historisch von Bedeutung ist zudem die Frage, ob die europäische Syphilispandemie im 15. Jahrhundert in der Neuen Welt oder in Europa ihren Anfang genommen hatte.

Molekulare Unterscheidung der Krankheitserreger

Für die aktuelle Studie untersuchten die Forscher die Überreste von meist minderjährigen Individuen, die vor rund 350 Jahren in der Unterstadt von Mexiko-Stadt beerdigt worden waren. Die Skeletteile wiesen charakteristische Zeichen von Krankheiten auf, die durch *Treponema*-Bakterien verursacht werden. Drei Kinder, eins davon wahrscheinlich eine Frühgeburt, wurden positiv auf solche DNA getestet.

Aus den Knochen konnten jeweils gesamte *Treponema*-Genome geborgen werden. Die Forscher identifizierten zwei Genome der Unterart, die Syphilis verursacht, und eines der Unterart, die zu Frambösie führt. Allein aufgrund der äußeren Merkmale der Funde wäre die Trennung zwischen Frambösie und Syphilis nicht möglich gewesen. Nur mit genetischen Methoden ließen sich die Krankheitserreger unterscheiden. „Unsere Arbeit belegt den Wert einer molekularen Identifikation alter Krankheitserreger, vor allem bei den mit Syphilis verwandten Krankheiten, die zu ähnlichen Knochenveränderungen führen“, erklärt Verena Schünemann von der Universität Zürich, die Erstautorin der Studie.

Diskussionen über die Herkunft der Syphilis

Ob Syphilis eine Krankheit der Neuen Welt ist, die in der Kolonialzeit nach Europa eingeschleppt wurde oder ob sie schon vor der Pandemie im 15. Jahrhundert in der europäischen Bevölkerung verbreitet war, konnten die Untersuchungen bisher nicht klären. „Bei früheren Forschungen wurde der Frambösie-Erreger bei Altweltaffen gefunden. Unsere Erkenntnisse legen nahe, dass zwei *Treponema pallidum*-Unterarten in der Vergangenheit ähnliche Veränderungen am Skelett bewirkten. Daraus schließen wir, dass die Evolutionsgeschichte des Bakteriums wohl komplexer ist, als bisher angenommen“, sagt der Mitautor der Studie Alexander Herbig vom Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte.

Die erste Rekonstruktion von *Treponema pallidum*-Genomen aus archäologischem Material eröffnet die Möglichkeit, deren Evolutionsgeschichte zu erforschen, was zuvor nicht machbar schien. „Weitere Untersuchungen von zusätzlichen alten Proben aus aller Welt werden unser Verständnis der Krankheit weiter verfeinern“, gibt sich Mitautor Johannes Krause vom Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte und der Universität Tübingen zuversichtlich.

Originalpublikation

Verena J. Schuenemann, Aditya Kumar Lankapalli, Rodrigo Barquera, Elizabeth A. Nelson, Diana Iraíz Hernández, Víctor Acuña Alonzo, Kirsten I. Bos, Lourdes Márquez Morfín, Alexander Herbig, Johannes Krause

Historic *Treponema pallidum* genomes from Colonial Mexico retrieved from archaeological remains
PLOS Neglected Tropical Diseases (2018)