

Klamydia: Kan ett nytt igenkänningssystem förklara varför vissa personer drabbas av svåra komplikationer, medan andra klarar sig utan?

Linus Christerson

Klamydia är den vanligaste könssjukdomen i Sverige och orsakas av bakterien *Chlamydia trachomatis*. Många som smittas får inga symptom och vet därför inte om att dom är smittade. Men bakterien kan senare ge upphov till komplikationer som inflammation i livmodern och äggstockarna hos kvinnor, samt inflammation i urinröret och bitesticklarna hos män, vilket i slutänden kan leda till sterilitet.

År 2006 dök det i Sverige upp en ny muterad klamydiabakterie vilken inte gick att detektera med två av de tre dominerande testsystemen. Detta belyste behovet av ett mer avancerat igenkänningssystem, varför man på Akademiska sjukhuset i Uppsala tog fram ett nytt system kallat multilokus-sekvenstypning (MLST). Detta system bygger på att man analyserar fem så kallade målregioner, vilka är speciellt utvalda och variationsrika delar av bakteriens DNA, och på så vis kan man få fram ett genetiskt fingeravtryck på den stam av klamydiabakterien man har att göra med.

Målsättningen med detta examensarbete har varit att undersöka om man kan hitta ett samband mellan den nya typen av genetiska fingeravtryck och de olika symptom en patient kan drabbas av, för att på så vis kunna närma sig den molekylära sjukdomsorsaken. Det vill säga, man vill förstå varför vissa patienter får svåra komplikationer, medan andra klarar sig utan. Detta har undersökts genom att med MLST-systemet analysera bakteriestammar från patienter med olika typer av symptom. Målsättningen har även varit att utöka den databas över genetiska fingeravtryck som redan finns. Mer övergripande så har målsättningen varit att underlätta smittspårningsarbete och klamydiaforskning genom att karaktärisera och optimera det fortfarande nya MLST-systemet.

Något samband mellan genotyp och symtombild gick inte att fastställa, vilket dock inte var helt oväntat. Anledningen till att vissa patienter drabbas av svåra komplikationer kan bero helt och hållet på patienten, och inte ha någonting alls att göra med vilken typ av bakteriestam det är. Däremot hittades många nya genetiska fingeravtryck som inte fanns i databasen sedan tidigare. Detta visar på MLST-systemets överlägsna förmåga att särskilja olika stammar av klamydiabakterien vilket gör att man kan utföra smittspårningsarbete med mycket högre noggrannhet än tidigare. Systemet optimerades även genom att en av målregionerna förkortades, vilket kommer att göra att fler prov kan bli fullständigt analyserade, och genom att databasen omorganiserades, vilket gjorde att man hittade felaktigheter som kunde korrigeras.

Att MLST-systemet är användbart i forskning har redan visats, men för att det ska kunna användas rutinmässigt i sjukvården krävs det troligtvis att det förenklas genom att man byter format på systemet. Till exempel genom att lägga det på en sorts mikrochip för DNA, där det genetiska fingeravtrycket kan utläsas direkt av en dator.

Examensarbete i biologi, 30 hp, VT 2008

Institutionen för biologisk grundutbildning, Uppsala Universitet och Sektionen för klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala.

Handledare: Björn Herrmann och Markus Klint