Chlamydia – are they all the same? Analysis of Chlamydia from American high risk populations and comparison with Chlamydia in Sweden.

Background: *Chlamydia trachomatis* is the bacterial species causing most sexually transmitted infections. It is of high importance for the public health since it causes reproductive tract diseases as salpingitis (äggledarinflammation), ectopic pregnancy (utomkvedshavandeskap) and infertility. We have developed a high resolution system for genotyping of C. trachomatis (Klint et al, J Clin Microbiol 2007, 45:1410-4) and have applied it on different settings (Herrmann et al, Emerg Inf Dis 2008, 14:1462-5; Jurstrand et al, Sex Transm Inf 2010, 86:56-60, Christersson, Emerg Inf Dis 2010, 16:1777-9). We are now extending the use and will analyse chlamydia cases in order to increase the knowledge about transmission and epidemiology in sexual networks.

Task: To analyse and compare C. trachomatis genotypes in high risk populations from USA and Argentina.
The work consists of PCR and DNA sequencing technology. Bioinformatics is used for analysis of obtained sequence profiles and comparison with sequences in our data base.

If expected results are achieved you will be coauthor of a publication.

Om du är intresserad kontakta:
Björn Herrmann, Klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, 751 85 Uppsala
Tel: 018-611 39 52; 070 699 39 52. email: bjorn.herrmann@medsci.uu.se

Analys av Chlamydia trachomatis från sexuella nätverk i USA, Argentina och Sverige: Är de olika?

Bakgrund: Chlamydia trachomatis är den bakterie som orsakar flest sexuellt överförbara infektioner. Den har stor betydelse för folkhälsan eftersom den orsakar reproduktionssjukdomar som äggledarinflammation, utomkvedshavandeskap och infertilitet. Vi har utvecklat en högupplösande genotypningssystem för C. trachomatis (Klint et al, J Clin Microbiol 2007, 45:1410-4) och har använt metoden i olika sammanhang (Herrmann et al, Emerg Inf Dis 2008, 14:1462-5; Jurstrand et al, Sex Transm Inf 2010, 86:56-60, Christersson, Emerg Inf Dis 2010, 16:1777-9). Vi utvidgar nu tillämpningen och ska analysera klamydiafall för att öka kunskapen om smittspridning och epidemiologi i sexuella nätverk.

Uppgift: Att analysera och jämföra C. trachomatis genotyper i högrisk-populationer från USA och Argentina. Arbetet består av PCR och DNA sekvenseringsmetoder. Bioinformatik används för att analysera erhållna sekvensprofiler och jämföra med sekvenser i vår databas.

Om förväntade resultat erhålls kommer du att bli medförfattare på en publikation.

Nu söks en intresserad projektstudent. Möjlighet finns till förlängning efter projekt/exjobbsarbetet.
Om du är intresserad kontakta:
Björn Herrmann, Klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, 751 85 Uppsala
Tel: 018-611 39 52; 070 699 39 52. email: bjorn.herrmann@medsci.uu.se