

***Tritrichomonas foetus*: Genetische Unterschiede zwischen bovinen und felinen Isolaten**

Caroline F. Frey¹, Dabrowska J.², Keller I.³, Karamon J.², Kochanowski M.², Gottstein B¹, Cencek T.², Müller N.¹

Institut für Parasitologie, Universität Bern, Schweiz¹; Department of Parasitology and Invasive Diseases, National Veterinary Research Institute, Poland²; Department for BioMedical Research and Swiss Institute of Bioinformatics, University of Bern, Schweiz³

Tritrichomonas foetus ist ein Protozoenparasit, der den Fortpflanzungstrakt von Rindern sowie den Magen-Darm-Trakt von Katzen besiedelt. Rindertritrichomonose ist eine sexuell übertragbare Krankheit, während angenommen wird, dass die katzenartige Tritrichomonose auf fäkal-oralem Weg übertragen wird. Darüber hinaus ist *T. foetus* als ein im Wesentlichen apathogener Bewohner der Nasenhöhle von Schweinen bekannt.

Die Übertragung von *T. foetus* zwischen den verschiedenen Wirten muss als realistisches Szenario betrachtet werden, das wichtige Auswirkungen auf die Epidemiologie von Infektionen und Krankheiten haben kann. In unserer Studie haben wir WGS-Daten (Whole Genome Sequencing) von *T. foetus*-Stämmen von Rindern, Katzen und Schweinen generiert, um die genetischen (Un-)Ähnlichkeiten zwischen diesen verschiedenen Stämmen zu untersuchen. Als Referenz verwendeten wir ein zuvor veröffentlichtes Genom aus dem Rinder-*T. foetus*-Stamm K, der aus einem infizierten Bullen in Brasilien isoliert wurde. Insbesondere identifizierten wir Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) und die Insertions-Deletions-Variationen (Indel) innerhalb der Genome der verschiedenen Stämme. Interessanterweise wurde zwischen den Rinder- und Schweinestämmen nur ein geringer Grad an Polymorphismus (68 SNPs und Indels) gefunden. Umgekehrt wurde jedoch eine 964 mal höhere Anzahl solcher Unterschiede festgestellt, wenn die Katze entweder mit dem Rinderstamm (65'569) oder dem Schweinestamm (65'615) verglichen wurde. Diese Daten zeigten eindeutig eine enge phylogenetische Beziehung zwischen Rinder- und Schweine-*T. foetus*, aber eine bemerkenswerte genetische Unterscheidbarkeit dieser beiden Stämme vom Katzenstamm. Die letztere Beobachtung wurde durch PCR-basierte Sequenzierung von 20 in silico-selektierten Indel-Markern und fünf in silico-selektierten SNP-Markern bestätigt, die einheitlich eine relativ entfernte phylogenetische Beziehung von drei unabhängigen katzenartigen *T. foetus*-Isolaten im Vergleich zu den Rinder- und Schweinestämmen zeigten.

Zusammenfassend lieferte unser vergleichender Ansatz zur Genomsequenzierung weitere Einblicke in die genetische Vielfalt von *T. foetus* in Bezug auf die verschiedenen Wirtsursprünge des Parasiten. Darüber hinaus identifizierte unsere Studie eine grosse Anzahl von SNP- und Indel-haltigen Sequenzen, die nützliche molekulare Marker für zukünftige epidemiologische Studien sein könnten.