

In vivo induced genes of *Tetracapsuloides bryosalmonae*

Abstract

Tetracapsuloides bryosalmonae is an enigmatic endoparasite which causes proliferative kidney disease (PKD) in various species of salmonids in Europe and North America. The economic impacts of the disease make it an important factor for aquaculture. PKD is suspected to contribute to the decline of wild brown trout and salmon populations in Europe. *T. bryosalmonae* completes the life cycle in two hosts, an invertebrate host: bryozoan and vertebrate host: brown trout fish. The proliferation of parasite induces a granulomatous cellular response in the interstitial tissues, which leads to swelling of the kidney and spleen. The virulence mechanisms of *T. bryosalmonae* are not fully understood and nothing is known about the virulence genes of *T. bryosalmonae*, which are induced, expressed and involved in the pathogenicity within the fish host during the course of infection. Our working hypothesis is that virulence genes of *T. bryosalmonae* are induced and expressed *in vivo* during parasite development in fish. These genes may be contributed to virulence or pathogenicity in fish during infection process. We will identify virulence genes of *T. bryosalmonae* that are *in vivo* expressed and cause pathogenicity in the brown trout during the course of infection. In this project, brown trout will be infected with *T. bryosalmonae* spores. Serum and organs from fish will be collected at different time points. cDNA library of *T. bryosalmonae* will be constructed and immunoscreening of cDNA library will be performed using adsorbed fish sera. Positive clones will be identified and validated by quantitative real-time PCR in the infected organs. Additionally, RNA sequencing of *T. bryosalmonae* will be generated for sequence homology analysis. The project will represent the first investigation of virulence genes and antigens of *T. bryosalmonae* expressed *in vivo* in the course of parasite development. The results will provide insights into the mechanism of proliferative kidney disease in salmonids. The novel genes and antigens will be appropriate for consideration for therapeutic and vaccine applications. Additionally, transcriptome profiles of *T. bryosalmonae* will provide fundamental biological information and help us understand the disease mechanisms of this important fish parasite.

In vivo induzierte Gene von *Tetracapsuloides bryosalmonae*

Abstract

Tetracapsuloides bryosalmonae ist ein Endoparasit, der die proliferative Nierenerkrankung (PKD) in verschiedenen Arten von Salmoniden in Europa und Nordamerika verursacht. Die wirtschaftlichen Auswirkungen der Krankheit machen sie zu einem wichtigen Faktor für die Aquakultur. PKD steht im Verdacht zu dem Rückgang der Bachforellen- und Lachspopulationen in Europa beizutragen. *T. bryosalmonae* vervollständigt den Entwicklungszyklus in zwei Wirten, ein wirbelloser Wirt: Bryozoen und ein Wirbeltier: Bachforellen. Die Proliferation der Parasiten induziert eine granulomatöse zelluläre Antwort in den interstitiellen Geweben, die zu einer Schwellung der Niere und der Milz führt. Die Virulenzmechanismen von *T. bryosalmonae* sind nicht vollständig erforscht und über die Virulenzgene, welche während des Infektionsverlaufs im Fischwirt induziert und exprimiert werden und an der Pathogenität beteiligt sind, ist noch nichts bekannt. Unsere Arbeitshypothese ist, dass die Virulenzgene von *T. bryosalmonae* während der Entwicklung der Parasiten in den Fischen induziert und *in vivo* ausgedrückt werden. Diese Gene können zur Virulenz oder Pathogenität für Fische während des Infektionsprozesses beitragen. Wir identifizieren Virulenzgene von *T. bryosalmonae*, die *in vivo* exprimiert werden und die Pathogenität für Bachforellen im Verlauf der Infektion verursachen. In diesem Projekt werden Bachforellen mit Sporen von *T. bryosalmonae* infiziert. Serum und Organe der Fische werden zu verschiedenen Zeitpunkten beprobt. Eine cDNA-Bibliothek von *T. bryosalmonae* wird konstruiert und ein Immunoscreening der cDNA-Bibliothek wird unter Verwendung von adsorbierten Fischseren durchgeführt. Positive Klone werden durch quantitative Echtzeit-PCR in den infizierten Organen identifiziert und validiert. Zusätzlich wird eine RNA-Sequenzierung von *T. bryosalmonae* zur Sequenzhomologieanalyse generiert. Das Projekt stellt die erste Untersuchung von Virulenzgenen und Antigenen von *T. bryosalmonae*, welche *in vivo* im Zuge der Entwicklung der Parasiten exprimiert werden, dar. Die Ergebnisse werden Einblicke in den Mechanismus der proliferativen Nierenerkrankung der Salmoniden geben. Die neuen Gene und Antigene können für Therapie- und Impfstoffanwendungen in Betracht gezogen werden. Darüber hinaus liefern Transkriptomprofile von *T. bryosalmonae* grundlegende biologische Informationen und helfen uns, die Krankheitsmechanismen dieser wichtigen Fischparasiten zu verstehen.