DGP aktuell 1/2019

Inhalt

Editorial – S. 1

Bericht zur DGP–Tagung 2018 in Berlin – S. 2

DGP-Preisträger 2018 – S. 3

DGP-Tagung 2020 in Bonn – S. 4

Vorstandswahlen 2019/20 – S. 4

DFG-Fachkollegiaten – S. 5

Arbeitsgruppen stellen sich vor – ab S. 5
- Kathrin Buchholz (S. 5)
- Markus Ganter (S. 6)
- Nicolai Siegel (S. 7)

Parasit im Fokus – S. 10

Neues aus dem VBIO – S. 11

12th Summer School of Young Parasitologists – S. 12

News – S. 13

Impressum – S- 13

LIEBE PARASITOLOGINNEN UND PARASITOLOGEN

anbei erhalten Sie den ersten Newsletter in 2019.

Wir freuen uns hierin über eine sehr erfolgreiche und gut besuchte DGP Tagung in 2018 berichten zu können (S. 2). Diese Tagung hat deutlich gezeigt, dass die Parasitologie erfreulicherweise viele junge Nachwuchswissenschaftler hat. Dies wird unter anderem sehr durch zwei DFG-Graduiertenkollegs befördert. Das Interesse junger Nachwuchswissenschaftler an der Parasitologie stimmt uns sehr hoffnungsvoll für die Zukunft der Parasitologie! Wir danken Georg von Samson-Himmelstjerna und seinem Team für die Ausrichtung der Tagung.

Gleichzeitig freuen wir uns auf die Tagung im März 2020 in Bonn, ausgerichtet von Achim Hörauf und seinem Team (S. 4).

Im Sommer 2019 findet die 12te Summer School (S. 12) für „Young Parasitologists“ in Hamburg statt, bitte anmelden!

Für die kommende Periode der DFG Fachkollegienwahlen gibt es eine wichtige Neuheit. Die Parasitologie wird durch ein eigenes Fach im Fachkollegium 204 vertreten sein (S. 5).

Im jetzigen Newsletter stellen sich zudem drei junge Arbeitsgruppen mit ihren spannenden parasitologischen Themen vor (S. 5-9).

Wir freuen uns sehr, dass die DFG im März ein neues Schwerpunktprogramm bewilligt hat und gratulieren der Sprecherin Gabriele Pradel zu diesem Erfolg (S. 13).

Einen Bericht zu den vielen Aktivitäten des VBIO findet sich zudem in diesem Newsletter (S. 11).

Der neue DGP Vorstand hat im Januar 2019 seine Arbeit aufgenommen. In diesem Zusammenhang möchten wir Sie/Euch unbedingt bitten uns Neuigkeiten aus den Abteilungen und Instituten zu schicken, die wir gerne in den kommenden Newsletter im Herbst 2019 mit aufnehmen werden!

Es gibt eine neue Rubrik im Newsletter „Parasit im Fokus“. Gerne nehmen wir auch hierzu Beiträge mit auf.

Viele Grüße,
Susanne Hartmann und Christina Strube

28. Tagung der Deutschen Gesellschaft für Parasitologie (DGP) vom 21.-24. März 2018 in Berlin

An der 28. Tagung der Deutschen Gesellschaft für Parasitologie, welche vom 21. bis 24. März 2018 auf dem Campus der Freien Universität in Berlin stattfand, nahmen ca. 400 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 28 Ländern teil. Die Tagung zeigte damit eindrucksvoll, dass die Parasitologie ein sehr lebendiges Feld der Lebenswissenschaften darstellt. Dies äußerte sich auch darin, dass die Teilnehmer zu ca. einem Drittel Doktorandinnen und Doktoranden waren. Parasitologische Fragestellungen gewinnen, u.a. angesichts der zunehmenden Reisetätigkeit und dem Import von Tieren, zunehmend an Bedeutung. Beispielsweise besteht Forschungsbedarf zu der Frage, wie Parasiten mit der Mikrobiota ihrer Wirte interagieren oder auch wie Resistenzen gegen Antiparasitika zukünftig besser vermieden werden können. Ziel der Veranstaltung war es, Teilerkenntnisse aus den vielen einzelnen Forschungsprojekten zu einem Großen zusammenzufügen, um diese Herausforderungen zu lösen und neue Ideen zu entwickeln. In 148 Fachvorträgen und mit 149 Postern präsentierten Immunologen, Zellbiologen und Parasitologen ihre neuesten Forschungsergebnisse zur den folgenden Themen:

- Biochemistry
- Cell Biology and Signaling
- Diagnosis
- Drug Resistance
- Drugs and Drug Development
- Epidemiology and
- Emerging Infections
- Immunology
- Molecular Genetics
- Parasite Ecology
- Parasite-Host Interactions
- Parasite-Microbiota Interaction
- Parasitic Helminths
- Phylogeny and Evolution
- Prevention
- Protozoan Parasites
- Vectors, Entomology and Acarology
- Veterinary Parasitology

Die wissenschaftlichen Beiträge umfassten neben den grundlegenden Untersuchungen zu biologischen Prozessen, auch angewandte Studien über die Behandlung und Kontrolle parasitärer Infektionen und beförderten in besonderer Weise den One Health-Gedanken in der inter- und transdisziplinären Forschung. Dies spiegelte sich u.a. in der Auswahl der eingeladenen Rednerinnen und Redner mit den folgenden Vorträgen wieder:

Prof. Richard Peter Bishop
(Pullman, WA/USA) -

Theileria parva live and subunit vaccines and genomics – an overview

Prof. Dr. Mark Blaxter
(Edinburgh/Großbritannien) -

Symbiosis and parasitism in filarial nematodes and their Wolbachia endobacteria

Dr. Colette Britton
(Glasgow/Großbritannien) –
MicroRNAs in nematode drug resistance and host-parasite interactions

MD, PhD Vladimir Kartashev
(Rostov-na-Donu/Russland) –

Emerging Human dirofilariasis as a medical problem

DVM, PhD, Dipl. EVPC Laura H. Kramer (Parma/Italien) –

Veterinary relevance and potential for spread of dirofilariosis

MD, PhD, DTM&H, Assoc. Prof. Rogelio López-Vélez (Madrid/Spanien) -

Emerging human leishmaniosis in Europe – the need of one health approach

DVM, PhD, Dipl. EVPC Guadalupe Miró Corrales (Madrid/Spanien) –

Clinical management of canine leishmaniosis – towards a One Health approach

Dr. Francis Mutebi (Kampala/Uganda) –

Tunga penetrans infections among animals and humans in East Africa

Assoc. Prof. Scott C. Dawson
(Davis, CA/USA) –

Metabolism and early encystation of high-density Giardia foci in the mouse small intestine

Im Rahmen eines wissenschaftlichen Plenar-Symposiums mit anschließender Podiumsdiskussion wurde die Thematik der ‚Emerging vector-borne parasitic zoonoses' erörtert. Hierzu wurden von Frau Prof. Dr. Laura Kramer, Frau Prof. Dr. Guadalupe Miro, Dr. Vladimir Kartashev und Herrn Dr. Rogelio López-Vélez als ausgewiesene Experten aus dem Bereich der Human- und Veterinärparasitologie Kurzreferate zur Epidemiologie, Klinik und Therapie der Dirofilariose und Leishmaniose gehalten. An der anschließenden Podiumsdiskussion nahmen neben den Vortragenden Vertreter des Robert-Koch-Instituts (Dr. Toni Aebisher), des Friedrich-Löffler-Instituts (Prof. Dr. Cornelia Silaghi, Prof. Dr. Franz Conraths) sowie der Expertenorganization ESCCAP (Prof. Dr. Georg v. Samson-Himmelstjerna) teil.

Die aktive Beteiligung sämtlicher Doktorandinnen und Doktoranden des DFG Graduiertenkollegs 2046 und die Ausrichtung des Workshops „Parasiten-Mikrobiota Interaktion" durch das GRK 2046 DoktoranInnen spiegelte das großes Interesse und Engagement der NachwuchsparasitologInnen wider. Die Tagung fand in den Medien (Tagesspiegel, Deutschlandfunk, RBB) vielfältig positive Resonanz.

Somit danke ich allen Parasitologinnen und Parasitologen für die rege und aktive Teilnahme an der DGP Tagung 2018 in Berlin und freue mich schon auf die Begegnungen und Beiträge auf der Tagung 2020 in Bonn!

Georg von Samson-Himmelstjerna,
Freie Universität Berlin

DGP Preisträger 2018

Rudolf Leuckart-Medaille

Bildquelle: DGP

Prof. Dr. rer. nat. Paul M. Selzer erhielt diesen Preis in Anerkennung seiner Verdienste um die Förderung der deutschen Parasitologie und deren nationaler und internationaler Sichtbarkeit.
Paul Selzer hat die deutsche Parasitologie durch herausragende Forschungsleistungen auf dem Gebiet der antiparasitären Wirkstoffforschung, der Initiierung von Verbünden aus akademischer und industrieller Forschung, sowie der Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses entscheidend vorangetrieben.

Zwei **Carl Asmund Rudolphi-Medaillen** wurden für herausragende wissenschaftliche Leistungen auf dem Gebiet der Parasitologie vergeben an:

Dr. med. vet. Kathrin Buchholz

Bildquelle: DGP

in besonderer Anerkennung ihrer international beachteten und wegweisenden Forschung zur rationalen Medikamenten-entwicklung gegen die Malaria

und an

Dr. rer. nat. Markus Ganter in besonderer Anerkennung seiner international beach-teten und wegweisenden Forschung zur Regulation der Genomreplikation beim Malariaerreger *Plasmodium*.

Zwei **Piekarski Preise** für herausragende Doktorarbeiten auf dem Gebiet der Parasitologie wurden verliehen an:

Dr. Denis Klug für die Doktorarbeit mit dem Titel: „Modification and analysis of proteins involved in gliding motility and invasion of *Plasmodium*“, erstellt an der Universität Heidelberg

und

Dr. Mirko Singer für die Doktorarbeit mit dem Titel: „Timed genome editing and sporozoite formation in *Plasmodium berghei*“, erstellt an der Universität Heidelberg.

Susanne Hartmann, Freie Universität Berlin

DGP Tagung 2020

Die nächste Tagung der DGP findet vom 18.-21. März 2020 in Bonn statt. Konferenzvorsitzender wird Herr Prof. Dr. Achim Hoerauf sein.

Vorstandswahlen Amtsperiode 2019-2020

Die DGP-Mitglieder haben 2018 per Briefwahl einen neuen Vorstand gewählt. Auf der Mitgliederversammlung in Berlin wurde ein Vorschlag des Vorstands vorgestellt mit Susanne Hartmann (Berlin; 1. Vorsitzende), Markus Engstler (Würzburg; 2. Vorsitzender), Klaus Brehm (Würzburg; 1. Schriftführer/Schatzmeister), Georg v. Samson-Himmelstjerna (Berlin; 2. Schriftführer), Tim Gilberger (Hamburg), Andrew Hemphill (Bern), Marc Hübner (Bonn), Markus Meißner (München) und Christina Strube (Hannover) als Beisitzer, dem bei der Versammlung keine weiteren Vorschläge hinzugefügt wurden.

Die Briefwahl wurde im Dezember 2018 ausgezählt mit folgendem Ergebnis:

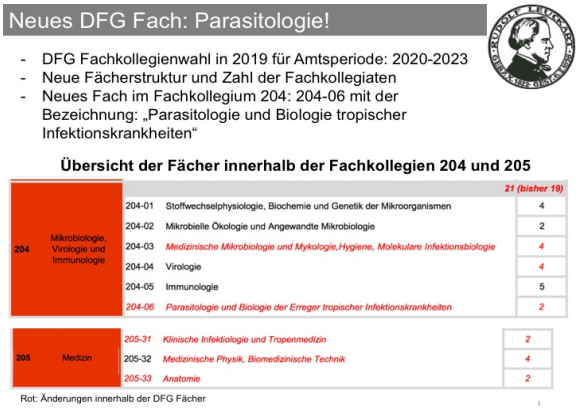
Eingegangene Wahlzettel: 43 (mit 1 neuen Vorschlag für den zweiten Vorsitz), alle gültig.
Abgegebene Stimmen für
1. Vorsitzende(r): Hartmann 41
2. Vorsitzende(r): Engstler 41, Pradel 1
1. Schriftf./Schatzm.: Brehm 41
2. Schriftf.:v. Samson-Himmelstjerna 41
Beisitzer:
Gilberger 36, Hemphill 33, Hübner 33, Meißner 37, Strube 37

Damit setzt sich der Vorstand für 2019/2020 wie folgt zusammen:
1. Vorsitzende: Susanne Hartmann (Berlin)
2. Vorsitzender: Markus Engstler (Würzburg)
1. Schriftf./Schatzmeister: Klaus Brehm (Würzburg)
2. Schriftführer: Georg v. Samson-Himmelstjerna (Berlin)
Beisitzer: Tim Gilberger (Hamburg), Andrew Hemphill (Bern), Marc Hübner (Bonn), Markus Meißner (München), Christina Strube (Hannover)

Klaus Brehm, Universität Würzburg

DFG Fachkollegiaten

Neue Struktur der DFG Fachkollegien



Bildquelle: S. Hartmann

Die Sichtbarkeit des Faches Parasitologie hat sich in der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) noch einmal deutlich erhöht durch die Einrichtung eines neuen eigenes Faches.
Das Fachgebiet Parasitologie wird in den neuen Fachkollegien ab 2020 innerhalb des Fachkollegiums 204 „Mikrobiologie, Virologie und Immunologie“ mit einem eigenen Fach vertreten sein, dem Fach 204-06.

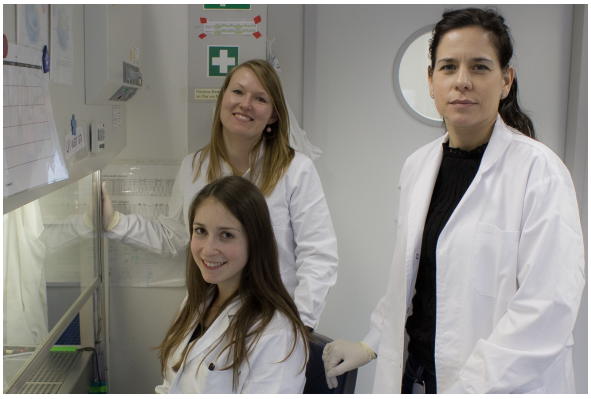
Die Parasitologie wird somit in der Amtsperiode 2020 – 2023 mit dem Fach 204-06 „Parasitologie und Biologie der Erreger tropischer Infektionskrankheiten“ mit 2 zu wählenden Vertretern stärker parasitologische Themen in der DFG stützen und kompetent bewerten können.
Zur Wahl für unser neues Fach 204-06 stellen sich: Prof. Dr. Gabriele Pradel, Prof. Dr. Iris Bruchhaus, Prof. Dr. Achim Hörauf und Prof. Dr. Markus Engstler. Wir danken Ihnen für Ihr Engagement!
Bitte unterstützen Sie unsere Vertreter und wählen Sie Ende 2019 zwei Fachkollegiaten, die unsere Anträge dann ab 2020 im Fachkollegium 204 vertreten werden.

Susanne Hartmann, Freie Universität Berlin

Arbeitsgruppen stellen sich vor

PD Dr. Kathrin Buchholz, Universität Gießen
Die frühe sexuelle Differenzierung von Malaria Gametozyten als Angriffspunkt von Malariamedikamenten

Malaria ist eine der bedeutsamsten



Bildquelle: Kathrin Bucholz

tropischen parasitären Infektionskrankheiten der Welt mit einer hohen Sterblichkeitsrate bei Kleinkindern in Afrika südlich der Sahara. *Plasmodium* Parasiten haben einen komplexen Lebenszyklus, der einen Wechsel zwischen Mensch und der Überträgermücke *Anopheles* beinhaltet. Um die Aufnahme in die Mücke zu ermöglichen, muss sich ein Teil der Parasiten im menschlichen Blut in spezialisierte sexuelle Formen differenzieren, die sogenannten

Gametozyten. Diese Transformation ist ein erstaunlicher, aber bislang noch nicht vollständig verstandener Prozess.
Während ihrer Zeit an der Harvard School of Public Health in Boston (USA) identifizierte Dr. Kathrin Buchholz Stoffwechselwege, die am Beginn der sexuellen Differenzierung hochreguliert sind. Im Rahmen ihrer jetzigen Arbeit konzentriere sich Dr. Kathrin Buchholz auf die interessantesten Targets, die aus einer Anzahl verschiedener Stoffwechselwege stammen, und versucht deren Beteiligung an der frühen sexuellen *Plasmodium* Differenzierung zu verstehen. Zunächst werden in einer systematischen Analyse unter Nutzung von Knockdown Ansätzen die Gene identifiziert, welche eine wichtige Rolle in der Gametozyten Differenzierung einnehmen. Mit diesen Targets werden weiterführende Untersuchungen durchgeführt, um eine Aussage über die molekulare Funktion der zugrundeliegenden Proteine zu erhalten. Weiterhin können die validierten Targets Ansatzpunkte für die Entwicklung von Medikamenten, die gezielt an der Gametozyten Bildung absetzten, liefern. Unterstütz wird Dr. Kathrin Buchholz bei ihrer Arbeiten von ihrer Doktorandin, Frau B.Sc. Melanie Moser, Frau Marie Sorg als technischer Angestellten und zwei Masterstudenten.

Dr. Kathrin Buchholz's Nachwuchs-gruppenleiterstelle ist seit Januar 2018 im LOEWE-Zentrum „Novel Drug Targets against Poverty-Related and Neglected Tropical Infectious Diseases" (DRUID) verankert. Mehr als eine Milliarde Menschen leiden unter vernachlässigten und armuts-assoziierten Infektionskrankheiten wie z.B. Dengue-Fieber, Ebola, Leishmaniose und Schistosomiasis. Im LOEWE-Zentrum (Landes-Offensive zur Entwicklung Wissenschaftlich-ökonomischer Exzellenz des Landes Hessen) kommen über 30 Wissenschaftler der Justus-Liebig-Universität Gießen, der Phillips-Universität Marburg, der Goethe-Universität Frankfurt, dem Paul-Ehrlich-Institut Langen und der Technischen Hochschule Mittelhessen zusammen, um neue Ansatzpunkte bei der Bekämpfung der vernachlässigten Tropenerkrankungen interdisziplinär zu erforschen. Im LOEWE-Zentrum stehen neben der Identifikation neuer Zielmoleküle für die Wirkstoffentwicklung weiterhin die Grundlagenforschung im Vordergrund, insbesondere zur Biologie der Infektionserreger, der Wirtsantwort und der Wechselwirkung mit anderen Infektionen.

Kathrin Buchholz, Universität Gießen

Dr. Markus Ganter, Zentrum für Infektionskrankheiten, Parasitologie, Universität Heidelberg

Die einzigartige Biologie des Malariaerregers *Plasmodium falciparum* (*P. falciparum*) steht im Fokus unserer Forschung. Einige fundamentale Prozesse sind nur unzureichend verstanden und gerade diese unbekannte Biologie birgt das Potential neue Interventionen aufzuzeigen (Przyborski and Ganter, 2018).

Im Lebenszyklus wechseln sich invasive und reproduktive Stadien ab. Da beim Wirtswechsel jeweils nur sehr wenige invasive Stadien übertragen werden, sind große Reproduktionsraten wichtig. Die Art und Weise wie sich *P. falciparum* vermehrt, ist außergewöhnlich. Grob gesagt, vermehren sich die meisten Zellen, indem sie sich in der Mitte teilen und zwei Tochter-zellen produzie-ren. Im klinisch-relevanten Blut-stadium der Infektion kann der Parasit aus einer einzelnen Zelle jedoch ca. 20 Tochterzellen bilden. Zunächst repliziert der Parasit seine DNA und teilt den Zellkern. Allerdings folgt darauf keine Zellteilung, sondern weitere Runden von DNA Replikation und Kernteilung. Erst wenn eine Zahl von ca. 20 Kernen erreicht ist, werden in einem Schritt entsprechend viele Tochterzellen gebildet.

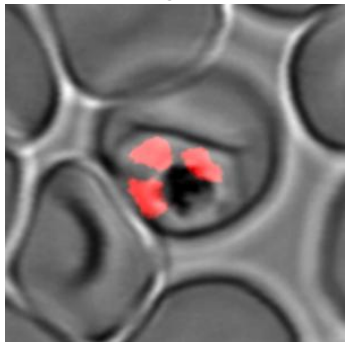


Abb. 1 Mit *P. falciparum* infizierter Erythrozyt. Die drei Zellkerne des Parasiten wurden mit einem rot–fluoreszierenden Protein sichtbar gemacht.

Befinden sich mehrere Zellkerne in einer Zelle, so teilen diese sich üblicherweise synchron, da die regulatorischen Proteine (Cycline und cyclin-abhängige Kinasen) im Cytosol zu finden sind. Als Konsequenz daraus verhalten sich die Kerne ähnlich: aus einem werden zwei, dann vier, dann acht usw. In den Blutstadien von *P. falciparum* sind die einzelnen Zellkerne allerdings autonom und teilen sich asynchron. Das hat zur Folge, dass Parasiten mit einer ungeraden Zahl an Kernen zu finden sind (s. Abbildung 1).

Das Ziel unserer Arbeit ist es, die regulatorischen Mechanismen aufzudecken, die der asynchronen Kernteilung zu Grunde liegen. Als Ausgangspunkt benutzen wir eine *Plasmodium*-spezifische Kinase, CRK4, die wir als zentralen Regulator dieser ungewöhnlichen Art der Vermehrung identifiziert haben (Ganter *et al.*, 2017). CRK4 ist essentiell für die Entwicklung des Parasiten im Blutstadium und initiiert sowohl die erste als auch die nachfolgenden Runden von asynchroner DNA Replikation. Dies lässt vermuten, dass auch die Aktivität von CRK4 lokal, also auf der Ebene des Zellkerns, reguliert wird. Daher suchen wir nun nach diesen regulatorischen Proteinen um die Signalkaskade zu beschreiben, die die asynchrone Kernteilung steuert.

Neben der Regulation sind wir auch an Proteinen interessiert, die an der autonomen Kernteilung beteiligt sind. Die Analyse des Phosphoproteoms von *P. falciparum* mit und ohne CRK4 bestätigte nicht nur, dass diese Kinase die DNA Replikation reguliert, sondern identifizierte auch eine Reihe von unbekannten Proteinen, deren Funktion wir aktuell erforschen.

Darüber hinaus möchten wir verstehen, wie die Vermehrung der Parasiten im Oozysten- und Leberstadium abläuft und wie sie reguliert wird. Dazu kombinieren wir moderne Methoden der Gentechnik, der Mikroskopie und der Proteomik. Ein besseres molekulares Verständnis soll dabei helfen, neue Interventionsstrategien zu finden. Parallel zu dieser Arbeit kollaborieren wir mit einem Biotech-Start-Up, um einen neuen Malaria-Schnelltest zu entwickeln.

Unsere Arbeitsgruppe wurde im Sommer 2016 am Zentrum für Infektiologie, Parasitologie des Universitätsklinikums Heidelberg etabliert. Hier wird unsere Forschung von einem außergewöhnlichen wissenschaftlichen Umfeld unterstützt und gefördert. Am Zentrum für Infektiologie wird die Biologie des Malariaerregers *Plasmodium* in acht Gruppen erforscht. Diese besondere Umgebung ermöglicht einen schnellen und unkomplizierten wissenschaftlichen Austausch und fördert so Synergien, um unsere wissenschaftlichen Ziele zu erreichen.

Gemeinsame Weihnachtsfeier 2018 der AG Julien Guizetti und AG Markus Ganter

Literatur:

Ganter, M., Goldberg, J.M., Dvorin, J.D., Paulo, J.A., King, J.G., Tripathi, A.K., *et al.* (2017) Plasmodium falciparum CRK4 directs continuous rounds of DNA replication during schizogony. *Nature Microbiology* **2**: 17017.

Przyborski, J., and Ganter, M. (2018) Das ungewöhnliche Leben der Malariaparasiten. *Biol Unserer Zeit* **48**: 162–169.

Markus Ganter, Universität Heidelberg

Prof. T. Nicolai Siegel, Ph.D., Molecular Parasitology, Department of Veterinary Sciences, Experimental Parasitology, Ludwig-Maximilians-Universität München

Our group is interested in **genomic diversity** and **cell-to-cell heterogeneity in gene expression**. We study how differences in genome sequence and differences in the packaging of genomes influence the

expression of genes in different unicellular eukaryotes.

One key question of our research is how pathogens regulate **antigenic variation** at the genomic and transcriptional level. As a model we use the protozoan parasite *Trypanosoma brucei*, the causative agent of African sleeping sickness.

Key to our work is the ability to generate **high quality genome assemblies** and to study their organization on a genome-wide scale. To this end we have established numerous system-wide approaches in *T. brucei* and other parasites, including ribosome-profiling (Bifeld et al., 2018; Hassan et al., 2017; Vasquez et al., 2014), high-resolution ChIP-seq (Wedel et al., 2017; Wedel and Siegel, 2017), ATAC-seq (Müller et al., 2018), Hi-C assays (Müller et al., 2018) as well as a mass spectrometry-based approach to quantify levels of histone modifications (ElBashir et al., 2015). Using these techniques, we are able to generate genome assemblies and to investigate how different chromatin structures are established at specific loci along the genome, how they are formed across the nucleus in 3 dimensions and how they affect gene expression. Currently, we are adapting several of these techniques to the **single cell level** (Müller et al., 2018).

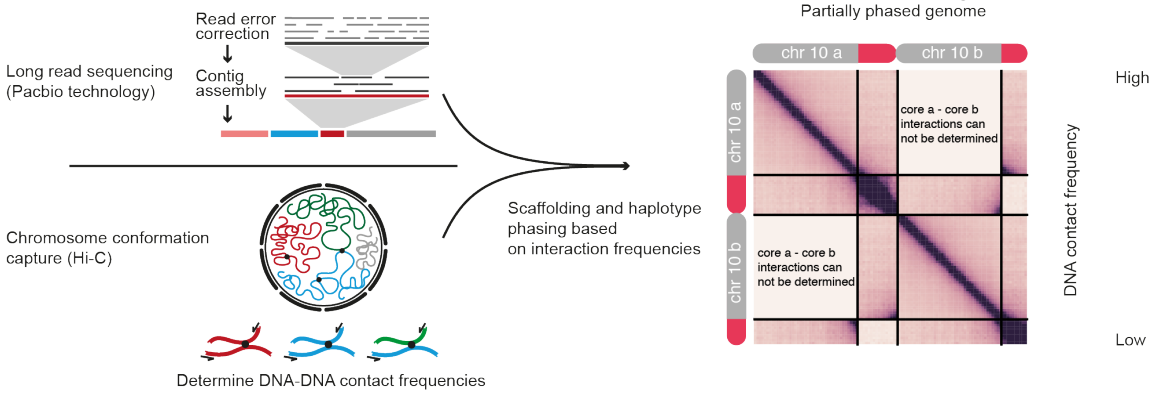


Figure 1 *Genome assembly strategy using H-C and PacBio data.*

Key questions of our research are:

- What ensures that only one antigen is expressed at a time?
  - How does the chromatin structure differ between active and inactive antigen-coding genes?
  - Do changes in 3D genome architecture affect antigen expression?
  - How is the *T. brucei* genome organized in 3-dimensions?
- What ensures the hierarchical activation of antigens?
  - Does spatial proximity in 3D affect the order of antigen activation?
- What ensures partitioning of the genome into 'stable' regions coding for housekeeping genes and in 'unstable' regions allowing the formation of new antigen-encoding genes?
  - Is the genome compartmentalized?
  - If yes, how is this compartmentalization established and maintained?

Why do we study antigenic variation?

Antigenic variation is of high medical relevance and an excellent mechanism to study different aspects of functional genomics.

Viruses, bacteria, and protozoan parasites all face similar challenges when infecting a susceptible host, including the evasion of the host immune response. This common challenge has led to the evolution of remarkably similar survival strategies even among evolutionarily distant pathogens. One of these strategies is antigenic variation. Antigenic variation refers to the capacity of an infecting organism to systematically alter the identity of proteins displayed to the host immune system making it difficult or impossible for the host to eliminate the pathogen. This leads to prolonged infections and enhanced

transmission to a new host. As a consequence, antigenic variation represents a key challenge in the fight against infectious diseases and the ability to interfere with the process would represent a major breakthrough, as it would help hosts to clear the infection and facilitate the development of vaccines.

The general requirements for antigenic variation are very similar among pathogens and include a) mechanisms to evolve large gene families coding for different antigen isoforms, b) the mutually exclusive expression of one or a few antigens from large multigene families and c) the periodic, nonrandom switching between the expression of different antigens. It is important that antigens are not activated at random during the course of an infection as this would lead to heterogeneous pathogen populations in the host and to a rapid exhaustion of available antigens. Despite extensive research and significant findings in different organisms, the underlying mechanisms of antigenic variation are not fully understood in any organism.

Functional genomics: antigenic variation and beyond

The recent, groundbreaking development of high-throughput sequencing technologies and CRISPR-Cas9-based genome editing tools has created unprecedented opportunities to study antigenic variation.

For example, it is now possible to probe chromosome organization by measuring the frequency of physical interactions or proximity of any two genomic loci by combining high-throughput sequencing technologies with chromosome conformation capture assays, an approach referred to as **Hi-C**. Hi-C analyses have revealed the three-dimensional (3D) organization of chromosomes at unparalleled resolution and shown that the spatial organization and compartmentalization of DNA inside the nucleus play critical roles in the regulation of gene expression and the frequency of translocation.

We have adopted Hi-C technology to *T. brucei* not only to study its 3D genome organization and to 'follow' recombination events but also to generate high quality *de novo* genome assemblies. Leading a large collaborative effort with researchers from the US, UK, Israel, Heidelberg, Würzburg and Cologne, we have developed a method for the *de novo* haplotype-specific assembly and scaffolding of repetitive genomic regions using long-read sequencing technology and conserved features of chromosome folding (Müller et al., 2018).

With the impressive advances in short read sequencing technologies over the past 12 years, it has become very affordable to sequence genomes even for small research groups. However, while the drop in sequencing cost has resulted in a strong increase in genome sequencing efforts, the quality of assembled genomes has suffered significantly. Often genome finishing has been abandoned completely and many of these low-quality draft genomes are missing important sequences and remain un-scaffolded. While draft genomes can be very valuable for a number of tasks, high quality genome assemblies are important to fully explore the genomic diversity among closely related organisms. High quality genomes are especially important if genomic diversity arises from recombination events such as genomic rearrangements that are very difficult to identify by traditional short-read-based genome assembly approaches.

Besides Hi-C, **CRISPR-Cas9** technology has had an important impact on our work as it has increased the efficiency of genome editing such that we can edit the genome at nucleotide-resolution without the need to insert selectable markers (Vasquez et al., 2018). Thus, CRISPR-Cas9 technology now enables us to move individual antigen genes to spatially distinct locations in the genome providing a means to elucidate the role of genome architecture in the hierarchical switching of antigen expression. In addition, we can evaluate the functional relevance of SNPs we detect by our genome assembly efforts.

Key recent publications from the Siegel Lab:

Müller, L. S. M. et al. Genome organization and DNA accessibility control antigenic variation in trypanosomes. (2018) ***Nature*** 121-125.

Vasquez, J. J. et al. Exploiting CRISPR-Cas9 technology to investigate individual histone modifications. (2018) **Nucleic Acids Res** e106.

Wedel, C. et al. GT-rich promoters can drive RNA pol II transcription and deposition of H2A.Z in African trypanosomes. (2017) **EMBO J** 2581-2594.

Vasquez, J. J. et al. Exploiting CRISPR-Cas9 technology to investigate individual histone modifications. (2018) **Nucleic Acids Res** e106.

Vasquez, J. J. et al. Comparative ribosome profiling reveals extensive translational complexity in different Trypanosoma brucei life cycle stages. (2014) **Nucleic Acids Res** 3623-3637.

For news from the Siegel Lab follow us on twitter: @siegel_lab
or visit our webpage: http://siegel-lab.de

Nicolai Siegel, LMU München

Parasit im Fokus – *Hyalomma* spp.

Zecken der Gattung *Hyalomma* sind in Afrika, im Nahen Osten, auf dem Balkan sowie im Mittelmeergebiet verbreitet. Insbesondere *Hyalomma marginatum* und *Hyalomma rufipes* sind von human- und verterinärmedizinischer Bedeutung, da sie unter anderem das Krim-Kongo-Fieber-Virus und einen Erreger des Zecken-Fleckfiebers, *Rickettsia aeschlimanii*, sowie verschiedene *Babesia*-Arten (*B. caballi, B. occultans*) übertragen können.

Als zweiwirtige Zecken vollziehen *Hyalomma* spp. die Entwicklung von der Larve zur Nymphe auf dem gleichen Wirt, bevor sie eine Diapause einlegen und als adulte Zecken erneut auf Wirtssuche gehen. Immature Stadien von *H. marginatum* und *H. rufipes* parasitieren unter anderem bei (Zug-)Vögeln und können auf diesem Weg auch in Gegenden außerhalb ihres Verbreitungsgebiets gelangen. Für die Etablierung von *Hyalomma*-Populationen sind relativ warme und trockene klimatische Verhältnisse nötig, wie sie v.a. im Mittelmeerraum vorherrschen [1]. Dennoch kann sie auch deutliche Minus-Temperaturen überleben. Modelle legen nahe, dass sich aufgrund der Klimaerwärmung das Verbreitungsgebiet von *H. marginatum* weiter in den Norden Europas ausdehnen könnte [3].

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 18 adulte, wirtssuchende *Hyalomma*-Exemplare (11 *H. marginatum*, 7 *H. rufipes*) in unterschiedlichen Gegenden Deutschlands aufgefunden [3]. Dies legt nahe, dass die importierten Zecken aufgrund des warmen, trockenen Sommers im vergangenen Jahr die Entwicklung von der Nymphe zum Adultstadium in Deutschland vollziehen konnten. Die auffällig großen Zecken mit den gestreiften Beinen (Abb. 1) wurden besonders häufig bei Schafen und Pferden gefunden. Von den insgesamt 18 Individuen waren neun mit *R. aeschlimanii* infiziert. Es bleibt abzuwarten, ob es einigen *Hyalomma*-Exemplaren gelungen ist, den Winter in Deutschland zu überleben oder sich gar erfolgreich zu reproduzieren – diese Zeckenart wird daher auch in 2019 im Fokus der Wissenschaftler bleiben.

© Institut für Parasitologie, TiHo Hannover

Abb.: Hyalomma rufipes

Literatur:
1. Estrada-Peña A, Martínez Avilés M, Muñoz Reoyo MJ. A population model to describe the distribution and seasonal dynamics of the tick *Hyalomma marginatum* in the Mediterranean Basin. Transboundary and Emerging Diseases. 2011;58:213-23; doi:10.1111/j.1865-1682.2010.01198.x.
2. Estrada-Peña A, Sánchez N, Estrada-Sánchez A. An assessment of the distribution and spread of the tick *Hyalomma marginatum* in the Western Palearctic under different climate scenarios. Vector Borne Zoonotic Dis. 2012;12:758-68; doi:10.1089/vbz.2011.0771.
3. Chitimia-Dobler L, Schaper S, Rieß R, Bitterwolf K, Frangoulidis D, Bestehorn M, Springer A, Oehme R, Drehmann M, Lindau A, Mackenstedt U, Strube C., Dobler G. Imported *Hyalomma* ticks in Germany in 2018. Parasites & Vectors. 2019;12:134; doi:10.1186/s13071-019-3380-4.

Christina Strube, TiHo Hannover

NEUES aus dem

Offener Brief zu Genome Editing online!
Der Offene Brief „Nach dem EuGH-Urteil zu Genome Editing – Die Politik ist am Zug“ von WGG und VBIO wurde mittlerweile von über 300 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern unterzeichnet. Die ergänzte Liste wurde an die Ministerinnen Karliczek und Klöckner weiter geleitet. Den Offenen Brief und die aktualisierte Unterschriftenliste finden Sie hier: https://www.vbio.de/themenspektrum/genome-editing/

Dezember 2018: Neu gewähltes Präsidium
BDV 2018 Die satzungsgemäße Bundesdelegiertenversammlung des VBIO fand in diesem Jahr am 14. Dezember in Berlin statt. Die wichtigsten Ergebnisse auf einen Blick: Der VBIO hat mit Prof. Dr. Gerhard Haszprunar aus München einen neuen Präsidenten. Die finanzielle Situation des VBIO macht eine solidarische Erhöhung aller Mitgliedsbeiträge erforderlich. https://www.vbio.de/aktuelles/vbio/bdv-2018-waehlt-neuen-praesidenten-und-beschliesst-beitragserhoehungen/

Alles Fake in der Wissenschaft?
Immer öfter gerät die Wissenschaft ins Visier von „Fake News“. Zugleich häufen sich Berichte über Fälschungen in der Forschung selbst („Fake Science“) und über pseudowissenschaftliche „Raubjournale“ („Fake Journals“). Dies war Anlass für das BfR, unter dem Motto „Alles Fake? Wissenschaft im Zeitalter der vielen Wahrheiten“ eine Stakeholderkonferenz zu veranstalten. https://www.vbio.de/berlin-brandenburg/news-aus-berlin-brandenburg/berlin/wie-kann-sich-die-wissenschaft-im-zeitalter-von-fake-news-behaupten/

Medizin-Studienplatzvergabe
Die Kultusministerkonferenz hat sich auf den Entwurf eines zwischen den Ländern zu schliessenden Staatsvertrags verständigt. Damit legt sie konkrete Vorschläge für Neuregelungen zur Vergabe von Studienplätzen im Zentralen Vergabeverfahren vor. https://www.vbio.de/aktuelles/hochschule/reform-der-medizinstudienplatzvergabe/

Volksbegehren Artenvielfalt
Der erste Schritt zum Erhalt der Biodiversität ist getan – das Volksbegehren wurde vom Bayerischen Innenministerium zugelassen. Jetzt wird es ernst, vom 31. Januar bis zum 13. Februar 2019 kann in Bayern in den Rathäusern unterschrieben werden. https://www.vbio.de/aktuelles/aktiv-werden/rettet-die-bienen-schmetterlinge-und-voegel-stoppt-das-artensterben-volksbegehren-wurde-zugelassen/

Wissenschaftsfreiheit
Schulterschluss für Wissenschaftsfreiheit und Hochschulautonomie: Die Präsidenten

von zehn europäischen Rektorenkonferenzen betonten die unverzichtbare Bedeutung von akademischer Freiheit, wissenschaftlicher Integrität in Lehre und Forschung sowie der Autonomie der Hochschulen.
https://www.vbio.de/aktuelles/hochschule/europaeische-rektorenkonferenzen-treten-fuer-wissenschaftsfreiheit-und-hochschulautonomie-ein/

Tierversuche
Die Universität Bonn hat gegen das Land Nordrhein-Westfalen geklagt, dessen Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz eine Genehmigung für Tierversuche an Mäusen untersagt hatte. Das Kölner Verwaltungsgericht hat die Klage der Universität abgewiesen und Standardtierversuche an Mäusen zu Ausbildungszwecken untersagt.
https://www.vbio.de/nordrhein-westfalen/news-aus-nordrhein-westfalen/hochschule/koelner-verwaltungsgericht-untersagt-standardtierversuche-an-der-universitaet-bonn/

Gentechniksicherheitsverordnung
Zum Entwurf einer "Verordnung zur Neuordnung des Rechts über die Sicherheitsstufen und Sicherheitsmaßnahmen bei gentechnischen Arbeiten in gentechnischen Anlagen" hat der VBIO unter Einbeziehung von Rückmeldungen aus der Community eine Stellungnahme verfasst.
https://www.vbio.de/aktuelles/vbio/gentechniksicherheitsverordnung-auf-den-weg-gebracht/

DEAL und Elsevier
„Die überhöhten Forderungen des Verlags Elsevier haben uns gezwungen, die Verhandlungen des Projekts DEAL der Allianz der Wissenschaftsorganisationen mit dem Verlag zu unterbrechen.“ Das berichtete der Verhandlungsführer und Sprecher des DEAL-Lenkungsausschusses, Prof. Dr. Horst Hippler, Präsident der Hochschulrektorenkonferenz.
https://www.vbio.de/schleswig-holstein/news-aus-schleswig-holstein/wissenschaft/verhandlungen-von-deal-und-elsevier-elsevier-forderungen-sind-fuer-die-wissenschaft-inakzeptabel/

Brexit
Die britische Regierung hat das Whitepaper "The Future Relationship Between the United Kingdom and the European Union", in dem sie ihre Position zu den anstehenden BrexitVerhandlungen mit der EU darlegt vorgelegt. Darin strebt sie auch die Beteiligung an europäischen Forschungsförderprogrammen sowie Austauschprogramme für Studierende und Forschende an.
https://www.vbio.de/aktuelles/politik-gesellschaft/brexit-whitepaper-zusammenarbeit-und-austausch-in-wissenschaft-und-forschung-fortfuehren/

Sabine Specht; dndi, Genf, Schweiz

12th Summer School for Young Parasitologists

Bitte verbreiten Sie die Nachricht über die Summer School in Ihren Einrichtungen und regen Kandidaten an sich zu bewerben.

NEWS

Bewilligung des DFG Schwerpunktprogramm „Wirtszellaustritt intrazellulärer Pathogene“. Sprecherin: Prof. Dr. Gabriele Pradel.

http://www.zai.rwth-aachen.de/cms/ZAI/Das-Lehr-und-Forschungsgebiet/Aktuelle-Meldungen/~xnms/Bewilligung-des-DFG-Schwerpunktprogramms/

Wir gratulieren herzlich!

02.04.2019

Frau Prof. Gabriele Pradel hat das DFG-Schwerpunktprogramm mit dem Thema „Wirtszellaustritt intrazellulärer Pathogene“ bewilligt bekommen.

Mit Bekanntgabe der Deutschen Forschungsgesellschaft am 01. April 2019 wurde das Schwerpunktprogramm Exit Strategies: "Wirtszellaustritt intrazellulärer Pathogene" mit einem beantragten Fördervolumen von 6 Mio. Euro bewilligt.

Die Koordination des Schwerpunktprogramms erfolgt von Frau Prof. Pradel in Zusammenarbeit mit Prof. Mathias Hornef von der Uniklinik der RWTH Aachen sowie Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern von 15 weiteren Forschungsstandorten in Deutschland.

Bildquelle: RWTH Aachen

IMPRESSUM

Deutsche Gesellschaft für Parasitologie e.V.

Vorstand 2017-2018

1. Vorsitzende	Susanne Hartmann, Berlin
2. Vorsitzender	Markus Engstler, Würzburg
1. Schriftführer/ Schatzmeister	Klaus Brehm, Würzburg
2. Schriftführer	Georg v. Samson-Himmelstjerna, Berlin
Beirat	Tim Gilberger, Hamburg
	Andrew Hemphill, Bern
	Marc Hübner, Bonn
	Markus Meissner, München
	Christina Strube, Hannover

Homepage
www.dgparasitologie.de

Kontakt

Büro Berlin
Prof. Dr. Susanne Hartmann
Institut für Immunologie
Robert-von-Ostertag-Straße 7-13
14163 Berlin
Tel.: +49 (030) 838 51834
Email: immunologie@vetmed.fu-berlin.de

Büro Würzburg
Prof. Dr. Klaus Brehm
Institut für Hygiene und Mikrobiologie
Josef-Schneider-Straße 2
97080 Würzburg
Tel.: +49 (0931) 3146 168
Fax: +49 (0931) 3146 445
Email: sekretariat@dgparasitologie.de

Bankverbindung
Sparkasse Mainfranken
IBAN: DE40 7905 0000 0047 8433 13
BIC: BYLADEM1SWU