

The 19th international conference of the World Association for the Advancement in Veterinary Parasitology (WAAVP). Gehouden van 10 tot 14 augustus 2003 in New Orleans, USA. Onder het motto “Old dreams New visions: Veterinary Parasitology in the 21st Century”

Een samenvatting schrijven van het WAAVP congres is vrij moeilijk omdat binnen de veterinaire parasitologie er een enorme verscheidenheid van vakgebieden waarbinnen onderzoek gedaan wordt naar parasitaire infecties zoals immunologie, epidemiology, diagnose, behandeling, etc. Daarnaast bestaan nog de uiteenlopende gastheren, van vissen tot varkens, die deze onderwerpen nog verder. Tijdens het congres was er ook een gigantisch aanbod van presentaties (>400), en vanwege de vele parallele sessies heb ik nog niet de helft kunnen bijwonen. Ik ben voornamelijk bij die presentaties geweest die enigzins aansluiten bij mijn eigen onderzoek. Het betrof voornamelijk de moleculaire getinte presentaties binnen gastheer-parasiet interacties en genetica.

Veel van die onderzoeken zijn erop gericht te kunnen ingrijpen in de levenscyclus van de parasiet met als doel de bestrijding van de parasiet. Dat er andere bestrijdings methoden nodig zijn komt doordat bij de parasitaire wormen, zoals bv *Haemonchus contortus*, steeds vaker anthelmintica resistentie wordt waargenomen. Het ligt voor de hand dat men het liefst een vaccin zou ontwikkelen vandaar dat ook de meest gepresenteerde onderzoeken dit als uiteindelijk doel hadden. De aanpak voor onderzoek is verschillend, zo wordt er steeds vaker gebruik gemaakt van ESTs. Deze ‘expressed sequence tags’ zijn een snelle en efficiënte manier om de genen te identificeren die tot expressie komen. Ook het toepassen van de RNAi techniek, geschikt voor het verkrijgen van inzicht in specifieke en essentiële genen voor het functioneren van de parasiet, is een onderwerp in opkomst. Nog steeds wordt er ook nog veel gebruik gemaakt van gen expressie profielen waarmee ontwikkelings stadium gebonden genen geïdentificeerd kunnen worden. Die zoals alle voorafgaande technieken kunnen dienen als een eventueel target voor de ontwikkeling van een vaccin.

Zelf heb ik een presentatie gegeven over de genetische variatie van *Cooperia oncophora* nadat deze 9 generaties in immune dieren was gepasseerd. Dit onderzoek is gedaan om inzicht te krijgen of de wormen zich kunnen aanpassen wanneer ze resistente gastheren zullen aantreffen (door bv vaccinatie of het fokken van genetisch resistente gastheren). Omdat tijdens het schrijven van het abstract de resultaten nog niet bekend waren zal ik deze (heel) kort weergeven. Tijdens de passage van *Cooperia* door de immune dieren werd er een stijging in de ei-uitscheiding waargenomen. Deze stijging was significant en duidt op een aanpassing van de parasiet aan de immune dieren. Na de analyse, zoals hieronder in het abstract beschreven, konden we echter geen verandering in de genetische complexiteit van de gepasseerde populatie aantonen. De heterogeniteit van de gepasseerde populatie was dus gelijk gebleven. Gezien we met mitochondriale SNPs werkten kan het zijn dat er nucleaire genotypen zijn geselecteerd maar om dat te bewijzen is verder onderzoek nodig.

Single Nucleotide Polymorphism analysis of the parasitic nematode *Cooperia oncophora*. Margreet van der Veer* and Erik de Vries, Division of Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Utrecht University, Utrecht, The Netherlands. (M.vanderVeer@vet.uu.nl)

Cooperia oncophora is a common intestinal parasitic nematode of cattle in temperate climates. Control of *C. oncophora* infections depends mainly on grazing management and the use of anthelmintics. The infection causes considerable production losses in the dairy and beef industries. *C. oncophora* belongs to the superfamily of Trichostrongyloidea. Extensive genetic variation detected within different trichostrongylid nematode populations is an important parameter in the ability of a population to respond to selective pressure and the changing conditions that are often met by parasitic nematodes. To study the genetic variation within *C. oncophora* populations the complete mitochondrial (mt) genome of *C. oncophora* was cloned and sequenced (13636 bp). The mt clones were derived from overlapping nucleotide sequences from different individuals allowing identification of 426 single nucleotide polymorphisms (SNPs). C/T and G/A transitions were most frequently observed. A laboratory population, maintained over 30 years, was submitted to a serial challenge passage experiment (9 generations) after which 50 individuals from both populations were screened by sequence analysis of six regions located within different regions of the mt genome covering a total of 1065 bp comprising coding, non-coding and ribosomal sequences of the mt genome. Based on the found SNPs both populations were haplotyped and compared for their genetic structure.