

Abschließender Sachbericht
zur geförderten Leibniz-Graduate School (LGS)

**International Multidisciplinary Parasitology and Vector Biology
(IMPact-Vector)**

Leibniz-Einrichtung: Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung (SGN)

Aktenzeichen: SAW-2014-SGN-3

Projektlaufzeit: 01.01.2014–31.12.2016, 36 Monate; kostenneutrale Laufzeitverlängerung bis zum 31.12.2017

Ansprechpartner: Prof. Dr. Sven Klimpel

Executive Summary

Der Einfluss des Klimawandels auf die Vielfalt, Verbreitung und Häufigkeit von Organismen, welche Krankheiten verursachen, übertragen oder Krankheitserreger beherbergen, hat direkte und indirekte Auswirkungen für die Gesundheit von Mensch und Tier. Diese können dramatische humanitäre, ökologische und wirtschaftliche Folgen haben. Es ist daher essentiell, u.a. die Artenvielfalt und die genetische Vielfalt medizinisch relevanter Organismen sowie deren Areal- und Populationsdynamik, Ökologie, Lebenszyklen und Übertragungsmechanismen in aquatischen und terrestrischen Ökosystemen zu untersuchen. Je nach Tiergruppe sowie geographischer Region und Ökosystem ist der gegenwärtige Stand der Kenntnis über die globale Diversität medizinisch wichtiger Organismen sehr unterschiedlich. Hämatophage Arthropoda beispielsweise sind biologische und mechanische Überträger (sog. Vektoren) einer Vielzahl von durch Viren, Bakterien, Protozoen oder Parasiten ausgelösten Infektionskrankheiten. Im Zusammenhang mit Klima- und Umweltveränderungen stehen sie als ernstzunehmende Bedrohung der öffentlichen Gesundheit im Fokus. Auch das jüngste Auftreten von Ebola und Zika hat gezeigt, dass sich Europa auf einige seltene, aber besonders gefährliche Erreger besser vorbereiten muss. Neu- oder wiederauftretende Infektionskrankheiten sowie durch Vektoren übertragene Krankheiten spielen im globalen und auch regionalen Kontext eine immer größere Rolle. Insbesondere Stechmücken gelten weltweit als die wichtigsten Überträger vektor-assoziiertes Infektionserreger, dicht gefolgt von Nagern und Fledertieren. Sowohl klimatische als auch ökologische Veränderungen können dabei die Verbreitung und das Verhalten von derartigen Vektoren beeinflussen und somit vielen Arten neue Lebensräume eröffnen.

Hintergrund der Nachwuchsförderung ist das schleichende Schwinden der Fachgebiete Medizinische Entomologie, Vektorbiologie, Infektionsmedizin und Parasitologie und dem damit verbundenen Verlust an wissenschaftlicher Expertise auf diesen Gebieten. Aufgrund dieser Vernachlässigung wird die Anzahl an exzellent ausgebildeten WissenschaftlerInnen/ExpertInnen, die in der Lage sind z.B. medizinisch relevante Arthropoden und Erreger eindeutig zu bestimmen, in den kommenden Jahren dramatisch zurückgehen. Dies hat langfristig zur Folge, dass oftmals die für das Auftreten von Infektionskrankheiten, Epidemien, parasitären Erkrankungen etc. verantwortlichen Organismen und die damit verbundenen potentiellen Krankheitsüberträger nicht mehr adäquat determiniert werden können. Ferner können dadurch falsche bzw. nur teilweise richtige, gesundheitspolitische Informationen über Aspekte der Prävention, Kontrolle, Diagnose und Therapie von Erkrankungen, Parasiten und anderer Pathogene bereitgestellt werden.

Die jeweiligen Projekte der Nachwuchsförderung konzentrierten sich daher auch auf die Bearbeitung von Infektionsprozessen durch die Einbindung von Vektoren und Zwischenwirten in unterschiedlichen Öko- und Modell-Systemen. Ziele der Graduiertenschule waren:

- i. eine zielorientierte Durchführung von wissenschaftlichen Fragestellungen im Themenkomplex,
- ii. der Erwerb spezieller Kenntnisse über parasitologische, entomologische, molekulare und epidemiologische Aspekte vektorassoziiertes Infektionskrankheiten und Parasitosen und
- iii. darauf aufbauend - durch eine strukturierten DoktorandInnen-Ausbildung einen Promotionsabschluss (Dr., PhD) innerhalb der Förderperiode zu erlangen,
- iv. mit dem Ziel junge, hochqualifizierte und exzellent ausgebildete WissenschaftlerInnen/ExpertInnen zu generieren.

Besonderes Gewicht wurde auf eine institutsübergreifende, gemeinsame Ausbildung in Arbeitstechniken und Auswertungsmethoden gelegt. Durch gegenseitige Institutsbesuche und die Abhaltung von regelmäßigen Meetings der KandidatInnen und BetreuerInnen wurde eine möglichst genauen Kenntnis der teilnehmenden Institute und ihrer Forschungen vermittelt. Mit der innovativen Nachwuchsförderung konnte die Leibniz-Gemeinschaft ein besonderes Gewicht im oben beschriebenen Themenkomplex erlangen und mittlerweile auf exzellent ausgebildete WissenschaftlerInnen zurückgreifen.

Inhaltsverzeichnis

1. Allgemeine Angaben	2
1.1 Projektleiter + wissenschaftliche Koordination	2
1.2 Institut/ Lehrstuhl	2
1.3 Förderlinie + Thema des Projektes + Internetpräsenz	2
1.4 Berichtszeitraum, Förderzeitraum insgesamt	2
1.5 Beteiligte Institutionen	2
1.6 Leitende WissenschaftlerInnen je Forschungseinrichtung	2
2. Arbeits- und Ergebnisbericht	2
2.1 Hintergrund	2
2.2 Zielsetzungen des Projektes	4
2.3 Ablauf und Zeitplan	4
2.4 Stellungnahme über die Entwicklung der durchgeführten Arbeiten und daraus resultierender zukünftiger Projekte	6
2.5 Darstellung der erreichten Ergebnisse und Ziele der Promotionsarbeiten	6
2.6 Stellungnahme, ob Ergebnisse der Vorhaben wirtschaftlich verwertbar sind und ob eine solche Verwertung erfolgt oder zu erwarten ist	18
2.7 Wer hat zu den Ergebnissen des Projektes beigetragen	18
2.8 Qualifikationsarbeiten des wissenschaftlichen Nachwuchses im Zusammenhang mit dem Projekt	18
3. Liste ausgewählter Pressemitteilungen	19
4. Literaturangaben	20
Zusammenfassung	21

1. Allgemeine Angaben

1.1 Projektleiter + wissenschaftliche Koordination

Prof. Dr. Sven Klimpel, Dr. Judith Kochmann

1.2 Institut/ Lehrstuhl

Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung

Integrative Parasitologie und Tierphysiologie

Goethe-Universität

Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt/Main

Tel.: 069 7542 1898, 069-798-42237, E-Mail: sven.klimpel@senckenberg.de

1.3 Förderlinie + Thema des Projektes + Internetpräsenz

Nachwuchsförderung, International Multidisciplinary Parasitology and Vector Biology (IMPact-Vector), www.impact-vector.de

1.4 Berichtszeitraum, Förderzeitraum insgesamt

01.01.2014–31.12.2016, 36 Monate; kostenneutrale Laufzeitverlängerung bis zum 31.12.2017

1.5 Beteiligte Institutionen

Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung (SGN)/ Goethe-Universität (GU), Frankfurt/Main

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM), Hamburg

Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB), Berlin

Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW), Berlin

1.6 Leitende WissenschaftlerInnen je Forschungseinrichtung

SGN: Prof. Dr. Sven Klimpel, Dr. Judith Kochmann, Dr. Antje Steinbrink, Dr. Thomas Kuhn, Dr. Christian Melaun, Dr. Sarah Cunze, Dr. Raphael Frank

BNITM: Prof. Dr. Egbert Tannich, Prof. Dr. Jonas Schmidt-Chanasit

IGB: PD Dr. Klaus Knopf, PD Dr. Sabine Hilt, Dr. Michael T. Monaghan

IZW: Dr. Oliver Krone, Prof. Dr. Alex Greenwood, Dr. Gábor-Árpád Czirják

2. Arbeits- und Ergebnisbericht

2.1 Hintergrund

Der Einfluss des Klimawandels auf die Vielfalt, Verbreitung und Häufigkeit von Organismen, welche Krankheiten verursachen, übertragen oder Krankheitserreger beherbergen, hat direkte und indirekte Auswirkungen für die Gesundheit von Mensch und Tier. Diese können dramatische humanitäre, ökologische und wirtschaftliche Folgen haben. Es ist daher essentiell, u.a. die Artenvielfalt und die genetische Vielfalt medizinisch relevanter Organismen sowie deren Areal- und Populationsdynamik, Ökologie, Lebenszyklen und Übertragungsmechanismen in aquatischen und terrestrischen Ökosystemen zu untersuchen. Je nach Tiergruppe sowie geographischer Region und Ökosystem ist der gegenwärtige Stand der Kenntnis über die globale Diversität medizinisch wichtiger Organismen sehr unterschiedlich. Eine der wichtigsten Gruppen im Themenkomplex stellen blutsaugende Arthropoden (u.a. Stechmücken (Culicidae)) dar. Durch die Aufnahme von Blutmahlzeiten können die Weibchen eine Vielzahl von Viren, Bakterien und Parasiten aufnehmen und übertragen. Dazu zählen zum einen virusbedingte Infektionen verursacht durch Dengue-, West-Nil- oder Chikungunya-Viren

und zum anderen durch protozoische (einzellige) Parasiten (*Plasmodium* spp.) hervorgerufene Erkrankungen wie die Malaria (WHO 2016). Zudem können Filarien (z.B. *Dirofilaria* spp.) oder Bakterien (z.B. *Francisella tularensis*) übertragen werden (Cancrini et al. 2007, Becker et al. 2010). Derzeit leben ca. 45% der europäischen Bevölkerung in Gebieten, in denen invasive Stechmücken vorkommen (Petrić et al. 2014). Weltweit sind ca. 3.500 Stechmückenarten beschrieben, von denen mittlerweile etwa 50 Arten in Deutschland nachgewiesen sind (Becker et al. 2014a, b). Die absehbar bedeutendste Rolle in Europa spielen invasive Arten wie die Asiatische Tigermücke (*Aedes albopictus*), die Asiatische Buschmücke (*Ae. japonicus*) sowie die Gelbfiebermücke (*Ae. aegypti*) (Schaffner et al. 2013). *Aedes albopictus* gilt als die invasivste Stechmückenart weltweit. Ursprünglich stammt sie aus den tropischen Wäldern Südostasiens und hat sich in den letzten Jahrzehnten rasant verbreitet (Buhagiar 2009). Nicht zuletzt durch den enorm gestiegenen Güter- und Personentransport, der die Ausbreitung neben dem Klimawandel begünstigte (Schaffner et al. 2013). Verschiedene Studien belegen zudem ein Vektorpotenzial für mind. 25 Viren (Koch et al. 2016). Auch in *Ae. japonicus* konnten eine Vielzahl an Erregern festgestellt werden, allerdings ist hier bei vielen noch unklar, ob diese Stechmückenart die Erreger auch übertragen kann (Schaffner et al. 2011, 2013). Invasive Stechmückenarten werden sich, ohne gezielte Überwachung und Kontrolle, im Zuge des Klimawandels weiter in Europa ausbreiten.

Aufgrund zunehmender Globalisierung und militärischer/ humanitärer Einsätze in Endemiegebieten zeichnet sich auch ein Anstieg importierter menschlicher Erkrankungsfälle in bisher krankheitsfreien Regionen ab. Um die potentiellen Ausbreitungsszenarien zu charakterisieren, müssen grundlegende Kenntnislücken in den Bereichen Verbreitung, Taxonomie, genetische Vielfalt, Ökologie, Vektor-Kompetenz und -Kapazität von Arthropoden geklärt werden. Der Klimawandel hat nachweislich auch Auswirkungen auf die einheimische Stechmückenfauna und ihr Potential zur Übertragung von Pathogenen, denn z.B. höhere Temperaturen führen zu einer schnelleren Larvalentwicklung und höheren Generationszahlen pro Aktivitätsperiode. Auch durch Änderungen in den Niederschlägen sind Auswirkungen auf Stechmücken zu erwarten. Hier ist neben der Häufigkeit und Dauer der Verfügbarkeit von Brutgewässern und die Prädation durch Räuber (z.B. Fische) auch das Massenaufreten von Arten, die in Überflutungsflächen brüten, von Bedeutung. Hinsichtlich der Nischen-Konkurrenz verschiedener Stechmückenarten untereinander ist mittelfristig mit einer stärkeren Verbreitung und/ oder Häufigkeit invasiver Arten zu rechnen. Eine weitere wichtige Rolle könnten die mit den Stechmücken assoziierten Mikrobiota spielen. Aus diversen Studien ist bekannt, dass Mikrobiota einen enormen Einfluss auf ihren Wirt ausüben können. Bei Stechmücken können sie unter anderem die Reproduktivität sowie die Fitness und Vektorkompetenz beeinflussen (Werren 1997, Zilber-Rosenberg & Rosenberg 2008, Boissière et al. 2012). Die in diesem Projekt aufgestellte Hypothese geht davon aus, dass die rapide Ausbreitung invasiver Stechmücken auf deren Adaptionenvermögen an sich verändernde Umweltbedingungen beruht, wobei den Mikrobiota eine bedeutende Rolle zugeschrieben wird.

Der Biodiversitätsverlust und die Anzahl etablierter, gebietsfremder Arten sind mittlerweile auch im Süßwasser besonders hoch, da zahlreiche Parasitenarten aufgrund ihrer Entwicklungszyklen auf den aquatischen Lebensraum angewiesen sind. Oftmals leben die Larvenstadien von Parasiten terrestrischer Endwirte im Wasser oder in wasserlebenden Zwischenwirten (insbesondere Arthropoden), oder die Zwischenwirte (Vektoren) verbringen zumindest Teile ihrer Entwicklungszyklen im Wasser. Parasiten sind nicht nur numerisch wichtige Bestandteile der biologischen Vielfalt, sondern sie können auch eine, die Lebensgemeinschaft strukturierende Rolle spielen. Trotz der negativen Auswirkungen auf das Individuum können Parasiten über ihren Einfluss auf interspezifische Konkurrenz, Artbildungsprozesse und Ökosystemstabilität einen positiven Einfluss auf die Lebensgemeinschaft haben (Hatcher et al. 2012). Es gibt allerdings nur wenige empirische Studien zum Einfluss von Parasiten auf den Energiefluss in Nahrungsnetzen. Die Erarbeitung solcher quantitativer Daten ist ein anspruchsvoller, aber notwendiger Schritt zur Beschreibung der Funktion von Parasiten in Öko-

systemen (Lafferty et al. 2008). Parasit/ Pathogen-Wirt-Beziehungen sind oft sehr spezifisch, so dass bei neuen ökologischen Konditionen auch neue Parasit/Pathogen-Wirt-Kombinationen, u.a. durch Neozoen, auftreten können. Ein epidemiologisch gut dokumentiertes Beispiel für einen eingeschleppten Fischparasiten ist die Nematodenart *Anguillicola (Anguillicoloides) crassus*, der in der Schwimmblase von Aalen parasitiert. Es ist anzunehmen, dass *A. crassus* für den dramatischen Rückgang des Europäischen Aals mit verantwortlich ist. Experimentelle Daten und Felddaten zeigen, dass der Japanische Aal als ursprünglicher, koevoluierter Wirt eine geringe Empfänglichkeit für den Parasiten aufweist als der nicht angepasste Europäische Aal. Die kürzlich publizierten Genome beider Aal-Arten bieten eine gute Grundlage, um an diesem Wirt-Parasit-System die für Resistenz bzw. Empfänglichkeit gegenüber dem Nematoden entscheidenden immunologischen Mechanismen mittels Transkriptomanalysen zu untersuchen. Trotz der offensichtlichen Relevanz evolutionärer Dynamik von Parasit/ Pathogen-Wirt-Systemen, ist die Erforschung der kausalen, evolutionären Mechanismen der gegenseitigen Anpassung und Mechanismen von Wirten und Parasiten/ Pathogenen bislang wenig entwickelt. Die durchgeführten Arbeiten im Rahmen der Graduiertenschule lieferten neue Erklärungsansätze für die beobachtete Dynamik von Parasit/ Pathogen-Wirt/ Vektor-Interaktionen, in aquatischen und terrestrischen Ökosystemen.

2.2 Zielsetzungen des Projektes

Hintergrund der durchgeführten Nachwuchsförderung ist das schleichende Schwinden der Fachgebiete Medizinische Entomologie und Parasitologie und dem damit verbundenen Verlust an wissenschaftlicher Expertise auf diesen Gebieten. Aufgrund dieser Vernachlässigung wird die Anzahl an exzellent ausgebildeten WissenschaftlerInnen/ ExpertInnen, die in der Lage sind z.B. medizinisch relevante Arthropoden und Erreger eindeutig zu bestimmen, in den kommenden Jahren dramatisch zurückgehen. Dies hat langfristig zur Folge, dass oftmals die für das Auftreten von Infektionskrankheiten, Epidemien, parasitären Erkrankungen etc. verantwortlichen Organismen und die damit verbundenen potentiellen Krankheitsüberträger nicht mehr adäquat determiniert werden können. Ferner können dadurch falsche bzw. nur teilweise richtige, gesundheitspolitische Informationen über Aspekte der Prävention, Kontrolle, Diagnose und Therapie von Erkrankungen, Parasiten und anderer Pathogene bereitgestellt werden. Die jeweiligen Projekte der Nachwuchsförderung konzentrierten sich daher auch auf die Bearbeitung von Infektionsprozessen durch die Einbindung von Vektoren und Zwischenwirten in unterschiedlichen Öko- und Modell-Systemen. Ziele der Graduiertenschule waren:

- i. eine zielorientierte Durchführung von wissenschaftlichen Fragestellungen im Themenkomplex,
- ii. der Erwerb spezieller Kenntnisse über parasitologische, entomologische, molekulare und epidemiologische Aspekte vektorassoziierter Infektionskrankheiten und Parasitosen und
- iii. darauf aufbauend - durch eine strukturierten DoktorandInnen-Ausbildung einen Promotionsabschluss (Dr., PhD) innerhalb der Förderperiode zu erlangen,
- iv. mit dem Ziel junge, hochqualifizierte und exzellent ausgebildete WissenschaftlerInnen/ ExpertInnen zu generieren.

Besonderes Gewicht wurde auf eine institutsübergreifende, gemeinsame Ausbildung in Arbeitstechniken und Auswertungsmethoden gelegt. Durch gegenseitige Institutsbesuche und die Abhaltung von regelmäßigen Meetings der KandidatInnen und BetreuerInnen wurde die Möglichkeit einer möglichst genauen Kenntnis der teilnehmenden Institute und ihrer Forschungen vermittelt.

2.3 Ablauf und Zeitplan

Auswahlverfahren: Insgesamt konnten durch die Förderung acht Promotionsarbeiten vergeben werden, wovon zwei auf jeden Kooperationspartner entfielen. Die acht ausgewählten

BewerberInnen konnten aus mindestens 16 angebotenen Themenfeldern ihr favorisiertes Forschungsthema auswählen, welches im Laufe der Arbeiten noch modifiziert werden konnte.

Nach Ausschreibung (Zeitraum 1-2 Monate) der Stellen wurde das im Antrag beschriebene Auswahlverfahren durchgeführt und die eingegangenen Bewerbungen wurden nach einem vereinheitlichten Auswahlformular begutachtet und eine Auswahl von geeigneten KandidatInnen vorgenommen. Diese wurden zu einer Vorstellungsrunde an die jeweiligen Partnerinstitute (BNITM, IZW, IGB) unter Beteiligung der federführenden Leibniz-Einrichtung Senckenberg eingeladen. Während der Auswahlrunden hielten die potentiellen KandidatInnen einen Kurzvortrag in englischer Sprache über ihre Diplom-/ Masterarbeit (20 min). Anschließend sollten die KandidatInnen einen ihnen vorab zugesandte Veröffentlichung (ISI-Publikation) in einem 10-minütigen Vortrag zusammenfassen, präsentieren und mit der Auswahlkommission diskutieren. Es schlossen sich Institutionsspezifisch, strukturierte Einzelgespräche an. Anhand der Bewerbungsrunden und den Vorstellungsrunden kristallisierten sich aus dem Bewerberumfeld die folgenden KandidatInnen heraus:

- SGN: Lisa Koch, Dorian Dörge
- BNITM: Mayke Leggewie, Nariman Shahosseini
- IZW: Manuela Merling de Chapa, Hanna Prüter
- IGB: Seraina Emilia Barcamonte, Jenny Carolina Vivas Munoz

IMPact-Vector Meetings: Regelmäßig wurden mit den DoktorandInnen Klausurtagungen durchgeführt. Diese wurden in Absprache mit den Partnerinstituten abwechselnd an den Standorten durchgeführt und zeitlich determiniert. Somit wurde gewährleistet, dass die Standorte nacheinander kennengelernt werden konnten. Auf diesen Treffen wurden die bisherigen Arbeiten in einem ca. 20-minütigen Vorträgen vorgestellt und anschließend gemeinsam diskutiert. Auf dieser Basis wurden die bis dato erzielten Forschungsergebnisse aber auch eventuell auftretenden Probleme (die während der Labor-, Feldarbeiten aufgetreten sind) zusammengefasst dargestellt und zielorientiert besprochen. Die kontinuierliche Betreuung der KandidatInnen wurde durch die jeweiligen BetreuerInnen vor Ort sichergestellt.

Termine der Klausurtagungen: 13./14.10.2014 SGN Frankfurt/Main, 26./27.02.2015 BNITM Hamburg, 21./22.09.2015 SGN Frankfurt/Main, 24./25.04.2016 Bayer Monheim, 29./30.11.2016 IZW Berlin, 12./13.12.2018 SGN Frankfurt/Main

Besuchte Kurse + Weiterbildungen:

- a. Souverän vortragen und überzeugend diskutieren: Präsentationstraining für Promovierende, GRADE, Frankfurt/ Main 18.05.2018
- b. Erfolgreiche Mitarbeiterführung: Nützliches Know-How für die erste Führungsposition in Wissenschaft und Wirtschaft, GRADE, Frankfurt/ Main 15.05.-16.05.2018
- c. Get Finished Workshop, GRADE, Frankfurt/ Main 11.07.-12.07.2017
- d. Bayer Animal Health GmbH 'Introduction to Research and Development at Bayer Animal Health', Monheim 24.-27.04.2016
- e. Career Talk – Sicherheit in Medizin, Forschung und Industrie, GRADE, Frankfurt/ Main 03.02.2016
- f. Sustain Lecture Series: Climate Change and Health, GRADE, Frankfurt/ Main 02.02.2016
- g. Universität Mainz 'Sicherheit in der Gentechnik', Mainz 22.-23.09.2015
- h. IZW Statistikkurs „Introductory course: solving problems in biostatistical analysis and experimental design in the life sciences“, Berlin 12.-16.01.2015

Forschungsreisen nach Bolivien (05.11.–03.12.2015):

Die ökologische Forschungsstation Chiquitos in Bolivien (San Sebastián), die im östlichen Tiefland von Bolivien liegt und vom Antragsteller wissenschaftlich von Deutschland aus

verwaltet wird, diente im Projekt u.a. als eine zentrale Ausbildungs- und Forschungsstelle. Mehr als die Hälfte des Gebietes der Hacienda ist staatlich anerkanntes Naturreservat, welches von sog. Chiquitano-Trockenwald bedeckt ist. Dieser weltweit einzigartige Primärwald befindet sich in einer klimatischen und biogeographischen Übergangszone zwischen dem Amazonas-Regenwald, dem Trockenwald des Gran Chaco-, und den Cerrado-Baumsavannen Brasiliens. Er ist deshalb besonders artenreich und von großer Bedeutung für den Erhalt und die Erforschung der Biodiversität dieses "megadiversen" Landes im Herzen Südamerikas. Wie in der gesamten Region, genannt Chiquitania, befindet sich auch auf dem Gelände der Hacienda ein Mosaik verschiedener Lebensräume. Neben den Waldflächen gibt es offene Bereiche mit ursprünglichen Cerrado-Savannen, strukturierte Weiden für extensive Rinderzucht, sowie zahlreiche Rindertränken und natürliche Feuchtgebiete.

Die Forschungsreise nach Bolivien wurde zu Beginn der Projektförderung und in zwei Gruppen (s. bitte unten) durchgeführt. Während der Auslandsexkursion wurden die DoktorandInnen u.a. in Feld-planung, randomisierte Probenahmen, Probenkonservierung geschult und sie lernten zudem das Land und die Bevölkerung kennen. Die spezifischen Arbeiten in Bolivien umfassten die Auswahl der Fanggebiete, den Fang von larvalen und adulten hämatophagen Arthropoden mit unterschiedlichen Fanggeräten sowie die morphologische Vor-Determinierung und Konservierung der Exemplare für eine genetische Weiterverarbeitung in den Heimatinstituten.

1. Exkursionsgruppe: Dorian Dörge (SGN), Lisa Koch (SGN), Mayke Leggewie (BNITM), Nariman Shahhosseini (BNITM)

2. Exkursionsgruppe: Seraina Emilia Bracamonte (IGB), Jenny Carolina Vivas Muñoz (IGB), Manuela Merling de Chapa (IZW), Hanna Prüter (IZW), Oliver Krone (IZW)

Zusammengefasster Reiseverlauf: Santa Cruz (Forschungs-Planungen, Besuch Museo Noel Kempff Mercado, Besuch CENETROP (Centro de Enfermedades Tropicales) inkl. Zuchtstation für *Aedes aegypti*); Feldarbeit, Probengewinnung/ -Konservierung, Fallenaufstellung, etc. auf der Forschungsstation Chiquitos und im Refugio los Volcanes

Anmerkung: Reise-Blog (http://www.senckenberg.de/root/index.php?page_id=5201&id=34)

2.4 Stellungnahme über die Entwicklung der durchgeführten Arbeiten und daraus resultierender zukünftiger Projekte

In der geförderten Graduiertenschule wurden die im Rahmen des Arbeitsplanes aufgeführten wissenschaftlichen Aufgaben und Ausbildungsziele fast vollständig durchgeführt und erreicht. Auf Wunsch der Mitglieder der Graduiertenschule und in Einvernehmen mit den Partnerinstituten entfielen die Exkursionen nach Lyon und Höchst. Diese Zeit benötigten die DoktorandInnen für intensive Labor- und Feldarbeiten um ihre Dissertationen im angestrebten Zeitfenster fertigstellen zu können. Aufgrund der Förderung unserer Graduiertenschule wurde u.a. ein Grundstein für die Generierung von zwei, auf die Bundesrepublik fokussierte Projekte, gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) gelegt. Teilaspekte unseres geförderten Projektes werden daher in diesen Projekten (CuliMo, CuliFo) weitergeführt und thematisch ausgebaut. Derzeit laufen die Vorbereitung zu einem Fachbereichs-/ Instituts-übergreifenden internationalen Master-Studiengang 'Infektionsbiologie und -Medizin' an der Goethe-Universität Frankfurt am Main

2.5 Darstellung der erreichten Ergebnisse und Ziele der Promotionsarbeiten

Im Folgenden werden die NachwuchswissenschaftlerInnen der Leibniz-Graduiertenschule und die jeweiligen Arbeiten zusammenfassend dargestellt. Es werden die wichtigsten Ergebnisse

und Erfolge der Arbeiten zusammengestellt und die daraus resultierenden Publikationen und weiteren Veröffentlichungen aufgelistet.

SGN 1 – Titel der Dissertation: Modellierung der klimatischen Habitateignung verschiedener krankheitsübertragender Vektorarten

Doktorandin: Dr. Lisa Koch

Status der Doktorarbeit: abgeschlossen

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftliche Mitarbeiterin an der Goethe-Universität Frankfurt am Main

Zusammenfassung der Arbeit: Der Klimawandel hat einen starken Einfluss auf die Verbreitungsgebiete von Arten. Infolgedessen kann sich das Verbreitungsgebiet von Arten verschieben, einschränken oder ausweiten. Bei thermophilen Arten wird vermutet, dass sie von den klimatischen Änderungen profitieren und sie sich wahrscheinlich ausbreiten werden. Eine solche Ausbreitung, wozu auch die Einwanderung von gebietsfremden Arten zählt, hätte nicht nur zahlreiche Konsequenzen für diese Ökosysteme, sondern könnte sich auch zu einem ernststen Gesundheitsrisiko entwickeln, wenn es sich bei den einwandernden Neobiota um Vektorarten handelt. Stechmücken (Culicidae) und Sandmücken (Phlebotominae), als blut-saugende Insekten, zählen zu den bekanntesten Vektorarten. Sie sind in der Lage, eine Vielzahl von Infektionskrankheiten, wie das Denguefieber oder das Gelbfieber, aber auch protozoische Parasiten wie Leishmania-Arten zu übertragen. Als thermophile Arten sind viele dieser Vektoren aktuell in ihrer geographischen Verbreitung weitgehend auf tropische und subtropische Gebiete beschränkt. Eine Einwanderung in gemäßigttere Gebiete kann zu einer Einschleppung der durch sie übertragenden Erreger führen und damit zum Ausbruch von Infektionskrankheiten. Aufgrund der medizinischen Relevanz dieser Arten ist es essentiell, die räumliche Verbreitung, sowie die abiotischen Ansprüche der Vektorarten zu kennen, um deren mögliche Ausbreitung nachzuvollziehen. Vor diesem Hintergrund beschäftigte sich die kumulative Dissertation von Frau Koch mit den klimawandelinduzierten Änderungen der Habitateignung verschiedener medizinisch relevanter Vektorarten. Dabei wurden die zwei invasiven Stechmückenarten *Aedes albopictus* und *Ae. japonicus*, sowie zehn in Europa bereits vorkommende Sandmückenarten der Gattung *Phlebotomus*, untersucht.

Unter Verwendung ökologischer Nischenmodellierung wurden (klimatisch) geeignete Gebiete unter aktuellen und zukünftigen Klimabedingungen bestimmt. Um dabei sowohl räumliche als auch zeitliche Aspekte zu berücksichtigen, wurden mehrere räumliche Skalen (Deutschland und Europa), sowie Zeitperioden (2030, 2050 und 2070) betrachtet. Des Weiteren wurden verschiedene Ansätze (einzelne Algorithmen und Ensemble-Modelle) zur Modellierung der Habitateignung verwendet. Die Ergebnisse der Dissertation von Frau Koch zeigen eine zukünftige klimawandelbedingte Ausweitung der geeigneten Gebiete für viele der betrachteten Vektorarten. So konnte gezeigt werden, dass die Habitateignung für *Ae. albopictus* in Deutschland und in Europa zukünftig deutlich zunimmt. Auch für die Sandmückenarten *Phlebotomus alexandri*, *Ph. neglectus*, *Ph. papatasi*, *Ph. perfiliewi* und *Ph. tobbi* konnte Frau Koch eine deutliche Zunahme der klimatisch geeigneten Gebieten projizieren. Lediglich Arten, wie die Asiatische Buschmücke *Ae. japonicus* und auch kältetolerantere Sandmücken, wie *Ph. ariasi* und *Ph. mascittii* scheinen weniger von diesen klimatischen Veränderungen zu profitieren und könnten in Zukunft sogar aktuell geeignete Gebiete verlieren (klimawandel-induzierte Arealverkleinerung). Bei *Ae. japonicus* konnte dies auf eine engere Nische mit einem Optimum bei vergleichsweise niedrigen Temperaturen zurückgeführt werden. Am Beispiel von *Ae. albopictus* wurden ferner Umweltfaktoren identifiziert, die die Verbreitung der Art limitieren. Als wärmeliebende Art spielen bei *Ae. albopictus* in Mitteleuropa insbesondere die niedrigen Temperaturen eine Rolle, während in Zukunft die Sommertrockenheit in Südeuropa zunehmend eine Rolle spielen könnte. Nischenmodellierung stellt trotz ihrer vereinfachenden Annahmen und Unsicherheiten, eine hilfreiche Methode zur Untersuchung

klimawandelinduzierter Arealverschiebungen dar. Mit Hilfe der Modellierungsergebnisse konnten durch Frau Koch Gebiete mit einem hohen Etablierungsrisiko für die Vektorarten identifiziert werden, welche daher im Fokus künftiger Überwachungsprogramme stehen sollten. In Zukunft könnten mehr Vektorarten geeignete Bedingungen in Mitteleuropa finden, wodurch die Vektordiversität zunehmen wird. Dadurch könnte auch das Risiko für einen Ausbruch der durch die Vektoren übertragenen Krankheiten steigen.

SGN 2 – Titel der Dissertation: Populationsbiologie und Arealodynamik von hämatophagen Arthropoden

Doktorand: Dorian D. Dörge

Status der Doktorarbeit: Dissertationsabgabe und Verteidigung Oktober 2018

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Goethe-Universität Frankfurt am Main

Zusammenfassung der Arbeit: In Deutschland gibt es eine große Stechmücken-Diversität und bisher wurden 51 verschiedene Arten als etabliert nachgewiesen. Innerhalb der Gattung *Culex* gibt es einen zusammengefassten Artenkomplex von morphologisch sehr ähnlichen Arten, den *Culex pipiens* Komplex (CPC). Dieser Komplex beinhaltet, je nach Autor, 5-7 Stechmückenarten, die in großen Teilen der Welt verbreitet sind und oft als potentielle und reelle Vektoren für diverse virale Krankheiten angesehen werden. In Deutschland sind bisher drei dieser Arten zu finden: *Culex pipiens pipiens*, die Unterart *Cx. pipiens molestus* und *Cx. torrentium*. Hinzu kommt, dass z.B. *Cx. torrentium* und *Cx. p. pipiens* potentielle Vektoren von West Nil-, Sindbis- und Usutuviren sind. Da allerdings die meisten Arboviren (Arthropod-borne Virus) empfindlich gegenüber Temperaturen unter dem Gefrierpunkt sind, verschwinden mit den sterbenden Mosquitos die meisten Viren im den Winter. Deshalb und da viele Stechmückenarten als Ei oder Larve überwintern, können sie keine Viren übertragen, die nicht innerhalb derselben Vermehrungsphase aufgenommen werden. Die Vertreter des CPC haben sich u.a. darauf spezialisiert, in Höhlen und anderen unterirdischen Hohlräumen wie Minen oder alten Kellern zu überwintern. Dies betrifft zu 99% Weibchen, die bereits befruchtet. Durch die konstanten Temperaturen um die 4°C und die hohe Luftfeuchtigkeit in den Höhlen haben Stechmücken eine hohe Überlebenswahrscheinlichkeit und können im Frühjahr bei steigenden Temperaturen schnell ihre Eier ablegen. Dies allerdings birgt auch das Risiko, aufgenommene Viren ins nächste Jahr zu transportieren. Die kumulative Dissertation von Herrn Dörge beschäftigte sich deshalb mit den unterirdischen Populationen und der Artendynamik der drei in Deutschland vorkommenden Mitglieder des CPC. Hierbei wurde auf eine große Probenanzahl zurückgegriffen, die vom Hessischen Höhlenkataster gesammelt und zur Verfügung gestellt wurden, die durch weitere Impulsfänge komplementiert wurden. Es wurden Populationsanalysen durchgeführt und mit Hilfe einer qPCR die Artenzusammensetzungen in 53 unterirdischen Arealen innerhalb von Hessen untersucht und nach Hybridisierungen gesucht. Durch die generelle Präferenz von *Cx. p. pipiens*, an Vögeln Blut zu saugen und die Unterart *Cx. p. molestus*, welche Säugetiere bevorzugt, bergen Hybride dieser beiden Unterarten die Gefahr, Viren von Vögeln auf Säugetiere wie den Menschen zu übertragen. Die Ergebnisse der Arbeiten von Herrn Dörge zeigen, dass die Struktur der Populationen innerhalb der unterirdischen Überwinterungsstätten der auf der Oberfläche entspricht. Damit wird ebenfalls aufgezeigt, dass vermutete permanente unterirdische Populationen von Stechmücken in Deutschland sehr unwahrscheinlich sind. Es wurden ebenfalls 2 Hybridisationsfälle aufgedeckt, die weitgehend der Häufigkeit entsprechen, die oberirdisch nachgewiesen wurden. Ein weiteres Projekt bearbeitet die Verbreitung von verschiedenen Bremsen (Tabaniden) und deren Mikrobiota-Fauna. Die Analyse der Bakterienfauna der Tabaniden ist ein weiterer Schwerpunkt dieses Projektes, hierbei geht es darum, für Mensch und Tier potentiell gefährliche Erreger (z.B. Borrelien, Milzbrand) aufzuzeigen und deren potentiellen Übertragungsweg durch Bremsen nachzuvollziehen. Ebenfalls sollen die Mikrobiota, die in

Bremsen die unter anderem beim Blutverdau unterstützend wirken erkannt werden, was in Zukunft bei der lokalen Bekämpfung von Bremsen in der Viehwirtschaft oder auf Pferdehöfen genutzt werden könnte. Basierend auf dem Mangel an Informationen über diese Tiergruppe in Deutschland ist ebenfalls angestrebt einen Katalog über die Vorkommen und den potentiellen Bedrohungsstatus dieser Tiere zu erstellen.

Liste von wissenschaftlichen Publikationen aus beiden Projekten:

a) in ISI-Journals

Cunze S., Kochmann J., Koch L.K., Klimpel S. (2018) Niche conservatism of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* - two mosquito species with different invasion histories. *Scientific Reports* 8: 7733

Koch L.K., Kochmann J., Klimpel S., Cunze S. (2017) Modeling the climatic suitability of leishmaniasis vector species in Europe. *Scientific Reports* 7: 13325

Koch L.K., Cunze S., Werblow A., Kochmann J., Dörge D.D., Mehlhorn H., Klimpel S. (2016) Modeling the habitat suitability for the arbovirus vector *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Germany. *Parasitology Research* 115: 957-964

Werblow A., Flechl E., Klimpel S., Zित्रa C., Lebl K., Kieser K., Laciny A., Silbermayr K., Melaun C., Fuehrer H.P. (2016) Direct PCR of indigenous and invasive mosquito species: a time and cost effective technique of mosquito barcoding. *Medical and Veterinary Entomology* 30: 8-13

Melaun C., Zotzmann S., Santaella V.G., Werblow A., Zumkowski-Xylander H., Kraiczky P., Klimpel S. (2016) Distribution of Lyme disease spirochaetes in different genera of mosquitoes (Culicidae) in Central Europe. *Ticks and Tick-Borne Diseases* 7:256-263

Werblow A., Martin P., Dörge D.D., Koch L.K., Mehlhorn H., Melaun C., Klimpel S. (2015) Hyperparasitism of mosquitoes by water mite larvae. *Parasitology Research* 114: 2757-2765

Melaun C., Werblow A., Cunze S., Zotzmann S., Koch L.K., Mehlhorn H., Dörge D.D., Huber K., Tackenberg O., Klimpel S. (2015) Modeling of the putative distribution of the arbovirus vector *Ochlerotatus japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) in Germany. *Parasitology Research* 114: 1051-1061

b) Boock chapter

Melaun C., Werblow A., Busch M.W., Liston A., Klimpel S. (2014) Macroparasites of Microchiroptera: Bat Ectoparasites of Central and South America. *Parasitology Research Monographs* 5, pp. 87-130

Frank R., Münster J., Schulze J., Liston A., Klimpel S. (2014) Bats as Potential Reservoir Hosts for Vector-Borne Diseases. *Parasitology Research Monographs* 5, pp. 25-61

Steinbrink A., Cunze S., Koch L.K., Dörge D.D., Zotzmann S., Kochmann J., Klimpel S. (2018) Mosquitoes and the risk of pathogen transmission in Europe. *Parasitology Research Monographs* (in press)

c) Besuchte Konferenzen/ Poster auf Konferenzen/ Vorträge, etc.

2016: 27th Annual Meeting of the German Society for Parasitology (DGP), 09.-12.03.2016, Göttingen; Poster: Range expansion of the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus*

2015: German Society of General and Applied Entomology Congress (DGaaE), 02.-05.03.2015, Frankfurt/ Main; Poster: Record of Lyme disease spirochaete in German mosquitoes

2015: 7th European Mosquito Control Association (EMCA) Workshop, 23.-26.02.2015, Valencia; Poster: Identification of indigenous and invasive mosquito species using direct PCR – 3rd price 'Young Research Award' für die Präsentation des Posters

BNITM 1 – Titel der Dissertation: Susceptibility of *Culex* species native to Germany for West Nile virus and the role of *Wolbachia* in virus-vector interaction

Doktorandin: Dr. Mayke Leggewie

Status der Doktorarbeit: abgeschlossen

derzeitiges Arbeitsverhältnis: Post-Doc, wissenschaftliche Mitarbeiterin am BNITM Hamburg

Zusammenfassung der Arbeit: Das West-Nil-Virus (WNV) ist ein Arbovirus und der Erreger des West-Nil-Fiebers. Der enzootische Übertragungszyklus des WNV umfasst Mücken und Vögel. Säugetiere wie Pferde und Menschen können jedoch als Nebenwirte fungieren und klinische Symptome entwickeln. Einige der Stechmückenarten, die als Vektoren für WNV dienen, sind in der Gattung *Culex* zusammengefasst. Die häufigsten der in Deutschland heimischen Arten dieser Gattung sind *Cx. torrentium*, *Cx. pipiens* Biotyp *pipiens*, *Cx. pipiens* Biotyp *molestus* und Hybridformen der beiden letztgenannten. Das Vorhandensein potenzieller Vektorarten und anhaltende WNV-Fallberichte aus verschiedenen europäischen Ländern deuten auf ein Infektionsrisiko für Deutschland hin. Die Anfälligkeit dieser potenziellen Vektoren für eine WNV-Infektion und deren Rolle bei der Etablierung eines enzootischen Übertragungszyklus in Deutschland ist jedoch bisher unbekannt.

Zur Beurteilung der vektoriellen Kapazität von Mückenarten ist es notwendig, einige der wichtigsten Einflussfaktoren zu untersuchen. In der Arbeit von Frau Leggewie wurden daher die Verteilung der vermeintlichen Vektoren sowie die Bedingungen für deren Anfälligkeit für WNV-Infektionen untersucht. Dabei wurde der Einfluss von Temperatur, Herkunft der Mückenpopulation, Zeitpunkt der Probennahme und Co-Infektion mit *Wolbachia* genauer analysiert. Der Schwerpunkt lag auf den vor Ort gesammelten *Cx. torrentium* und *Cx. pipiens* Biotyp *pipiens* Stechmücken aus Gebieten im Norden und Süden Deutschlands. Zur Nachahmung der natürlichen Infektionsroute wurde ein bereits etablierter Blutzuckertest durchgeführt. Generell wurde festgestellt, dass sowohl *Cx. torrentium* als auch *Cx. pipiens* Biotyp *pipiens* bei 25°C als auch bei 18°C anfällig für WNV sind, unabhängig von der Herkunft der Stechmückenpopulation oder vom Zeitpunkt der Probennahme. Dennoch wurden einige geringe artspezifische Abweichungen festgestellt: Die in Norddeutschland häufiger vorkommenden *Cx. torrentium* Stechmücken wiesen die höchsten Gesamtinfektionsraten auf. Obwohl die Infektionsraten bei niedrigerer Temperatur im Vergleich zur Inkubationstemperatur von 25°C um 7 Tage zurücklagen, neigten *Cx. torrentium* aus dem Norden zu einer erhöhten Anfälligkeit für WNV bei 18°C. Im Gegensatz dazu zeigte *Cx. pipiens* Biotyp *pipiens*, die im Süden Deutschlands generell häufiger vorkommt, eine höhere Infektionsrate bei Populationen aus dem Süden Deutschlands, unabhängig von der Inkubationstemperatur.

Interessanterweise könnte die Resistenz gegen eine WNV-Infektion und eine Änderung des Ernährungsverhaltens mit der Dichte und dem Ort der *Wolbachia*-Co-Infektion in den Zellen des Moskitodarms bzw. des Nervensystems zusammenhängen. Diese Hypothese basiert insbesondere auf den Ergebnissen, die mit *Cx. pipiens* Biotyp *molestus* Labor-Stämmen erzielt wurden, welche aber in dieser Arbeit von Frau Leggewie nicht bestätigt werden konnten. Daher sollten weitere Experimente mit dem Schwerpunkt auf natürlich vorkommenden *Culex*-Populationen durchgeführt werden. Die hohe Anfälligkeit für WNV sowohl bei niedrigen als auch bei hohen Temperaturen zeigt, dass die Populationen der europäischen *Cx. torrentium* und *Cx. pipiens* Biotyps *pipiens* realistische WNV-Vektorkandidaten sind, die weiter untersucht werden sollten. Die erzielte Erkenntnisse über die Wirkung von *Wolbachia* könnten weitere Forschungsfelder eröffnen, die sich möglicherweise auf Maßnahmen zur Bekämpfung von Arboviren richten.

BNITM 2 – Titel der Dissertation: Mosquito-borne Rhabdoviruses in Germany - virus ecology and impact on human and animal health

Doktorand: Dr. Nariman Shahosseini

Status der Doktorarbeit: abgeschlossen

derzeitiges Arbeitsverhältnis: Post-Doc, wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Laval University, Faculty of Medicine, Centre de Recherche en Infectiologie, Kanada

Zusammenfassung der Arbeit: Als Rhabdoviren bezeichnet man die Viren der Familie der Rhabdoviridae. Vertreter dieser Familie (zu denen u.a. auch die Lyssaviren gehören) nutzen Wirbeltiere, Insekten oder Pflanzen als Wirt. Sequenzanalysen von Herrn Shahosseini ergaben, dass das *Ohlsdorfvirus* (OHS DV) eine ähnliche Genomorganisation und Eigenschaften wie andere mückenassoziierte Rhabdoviren, Riverside Virus, Tongilchon Virus und North Creek Virus, aufweist. Die vollständige L-Protein-basierte Phylogenie ergab, dass alle vier Viren einen gemeinsamen Vorfahren haben und eine tief verwurzelte und divergente monophyletische Gruppe innerhalb der Dimarhabdovirus-Phylogenie bilden. Hinzu kommt, dass eine neue Gattung von Herrn Shahosseini definiert wurde, die vorläufig *Ohlsdorfvirus* genannt wurde. Obwohl die *Ohlsdorfvirus*-Klade innerhalb der Dimarhabdovirus-Supergruppe zu den bekanntesten Gattungen von arthropoden-übertragenden Rhabdoviren gehört, die Wirbeltiere infizieren, bleibt unbekannt, ob die Übertragung durch Vektoren überhaupt ein gemeinsames Merkmal der Viren in der vorgeschlagenen neuen Gattung ist. Die beobachtete räumlich-zeitliche Verteilung bei Mücken deutet darauf hin, dass Mitglieder der vorgeschlagenen Gattung *Ohlsdorfvirus* geografisch eingeschränkt/getrennt sein können. Diese Erkenntnisse erweitern das aktuelle Wissen über die genetische Vielfalt, Klassifizierung und Evolution dieser Virusfamilie.

Als einen weiteren Schwerpunkt bearbeitete Herr Shahosseini das Wirts-Fraßmuster von Stechmückenarten im Iran. In den Jahren 2015 und 2016 wurden an 13 Fangplätzen an der Küste des Kaspischen Meeres im Norden Irans und an einem weiteren Fangplatz im Osten blutsaugende Mücken gefangen. Die Wirtsarten für 548 blutsaugende Mückenindividuen aus 20 verschiedenen Taxa wurden bestimmt, was zur Identifizierung von 13 verschiedenen Wirtsarten führte (9 Säugetiere, darunter Menschen, 3 Vögel und 1 Reptil). Fünf Stechmückenarten repräsentierten mehr als 85,8% aller gesammelten Blutproben: *Culex pipiens* form *pipiens* (55,7%), *Cx. theileri* (10,9%), *Cx. sitiens* (9,3%), *Cx. perexiguus* (5,3%) und *Anopheles superpictus* (4,6%). Ein großer Anteil (40%) aller analysierten Stechmückentaxa ernährte sich von drei oder sogar vier verschiedenen Wirtsgruppen (Menschen, nicht-menschliche Säugetiere, Vögel, Reptilien). Am häufigsten wurden Menschen (40,9%), Rinder (31,2%) und Enten (13,7%) als Wirte nachgewiesen.

Zu diesen Untersuchungen wurde das Vorkommen von West-Nil-Virus-Linie-2 in *Culex*-Arten aus dem Iran untersucht. Die Analysen basierten auf Probennahmen aus den Jahren 2015 und 2016, bei denen insgesamt 32.317 Mücken an 16 Standorten in fünf Provinzen des Iran gesammelt wurden. Es wurde ein RT-PCR zum Nachweis von Flaviviren durchgeführt. Die PCR-Amplikons wurden für die Sanger-Sequenzierung verwendet. Insgesamt wurden bei den 32.317 Mückenproben insgesamt 25 verschiedenen Arten bestimmt. Dabei war die Stechmückenart *Culex pipiens* s.l. mit einem Anteil von 56% an der Gesamtproben am häufigsten vertreten. Ein Mückenpool (0,08%), der 46 ungenährten *Cx. pipiens* Form *pipiens* enthielt, war positiv auf Flavivirus-RNA. Nachfolgende Sequenzierungen und phylogenetische Analysen ergaben, dass der nachgewiesene iranische WNV-Stamm zur Linie 2 gehört und sich zusammen mit einem kürzlich beim Menschen nachgewiesenen Stamm anhäuft. In den Mückenproben wurden keine anderen Arboviren als WNV nachgewiesen. Herr Shahosseini konnte zeigen, dass *Cx. pipiens pipiens* ein geeigneter Vektor für WNV im Iran sein kann. Auch die Verbreitung des Cyclovirus CyCV-VN ist nicht auf Vietnam beschränkt und erstreckt sich bis nach Afrika. Cycloviren, kleine ssDNA-Viren aus der Familie der Circoviridae, wurden im Liquor von symptomatischen menschlichen Patienten identifiziert. Eine dieser Arten, Cyclovirus-Vietnam (CyCV-VN), war nachweislich auf das Untersuchungsgebiet Zentral- und

Südvietnam beschränkt. In der Arbeit wiesen die KollegInnen um Herrn Shahosseini CyCV-VN-Arten in Stuhlproben von Schweinen und Menschen aus Afrika, weit über ihre vermeintlich begrenzte geographische Verbreitung hinaus erstmals nach.

Liste von wissenschaftlichen Publikationen aus beiden Projekten:

a) in ISI-Journals

Heitmann A., Jansen S., Lühken R., Leggewie M., Badusche M., Pluskota B., Becker N., Vapalahti O., Schmidt-Chanasit J., Tannich E. (2017) Experimental transmission of Zika virus by mosquitoes from central Europe. *Eurosurveillance* 22(2): 30437

Shahhosseini N., Lühken R., Jöst H., Jansen S., Börstler J., Rieger T., Krüger A., Yadouleton A., de Mendonça Campos R., Cesar Cirne-Santos C., Fernandes Ferreira D., Garms R., Becker N., Tannich E., Cadar D., Schmidt-Chanasit J. (2017) Detection and characterization of a novel rhabdovirus in *Aedes cantans* mosquitoes and evidence for a mosquito-associated new genus in the family Rhabdoviridae. *Infection, Genetics and Evolution* 55: 260–268

Leggewie M., Krumkamp R., Badusche M., Heitmann A., Jansen S., Schmidt-Chanasit J., Tannich E., Becker S.C. (2017) *Culex torrentium* mosquitoes from Germany are negative for *Wolbachia*. *Medical and Veterinary Entomology* 32: 115-120

Shahhosseini N., Chinikar S., Moosa-Kazemi S.H., Sedaghat M.M., Kayedi M., Lühken R., Schmidt-Chanasit J. (2017) West Nile Virus lineage-2 in *Culex* specimens from Iran. *Tropical Medicine & International Health* 22(10): 1343-1349

Leggewie M., Badusche M., Rudolf M., Jansen S., Jessica B., Krumkamp R., Huber K., Krüger A., Schmidt-Chanasit J., Tannich E., Becker S.C. (2016) *Culex pipiens* and *Culex torrentium* populations from Central Europe are susceptible to West Nile infection. *One Health* 2: 88-94

Lühken R., Czajka C., Steinke S., Jöst H., Schmidt-Chanasit J., Pfitzner W., Becker N., Kiel E., Krüger A., Tannich E. (2016) Distribution of individual members of the mosquito *Anopheles maculipennis* complex in Germany identified by newly developed real-time PCR assays. *Medical and Veterinary Entomology* 30: 144-154

Börstler J., Jöst H., Garms R., Krüger A., Tannich E., Becker N., Schmidt-Chanasit J., Lühken R. (2016) Host-feeding patterns of mosquito species in Germany. *Parasites & Vectors* 9: 318

Lühken R., Steinke S., Leggewie M., Tannich E., Krüger A., Becker S., Kiel E. (2015) Physico-chemical characteristics of *Culex pipiens* sensu lato and *Culex torrentium* (Diptera: Culicidae) breeding sites in Germany. *Journal of Medical Entomology* 52(2): 932-936

b) Besuchte Konferenzen/ Poster/ Vorträge, etc.

2017: Gemeinsame Jahrestagung DGI/DZIF, 28.09.-20.09.2017, Hamburg; Poster: Viral Infection dynamics of the *Culex* Y virus and the immune response elicited in insect cells

2017: 20th Annual Meeting of European Society for Clinical Virology, 13.09.-16.09.2017, Stresa, Konferenzteilnahme

2017: 2nd International Meeting on Arboviruses and their Vectors, 07.09.-08.09.2017, Glasgow; Poster: *Culex torrentium* mosquitoes from Germany are not infected with *Wolbachia*

2017: 6th Euro-Global Conference on Infectious Diseases, Paris, 07.09.-09.09.2017; Vortrag: Genetic analysis of Crimean Congo haemorrhagic fever virus in Iran,

2016: 6th European Congress of Virology, Hamburg, 19.10.-22.10.2016, Konferenzteilnahme

2016: National Symposium on Zoonoses Research, 13.10.-14.10.2016, Berlin; Vortrag: German *Culex* mosquitoes as vectors for West Nile virus

2016: 6th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance (IMED), Wien, 03.11.-07.11.2016; Poster: Phylogenetic analysis on emerging Arboviruses in Iran

2016: 26th European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID), Amsterdam, 09.04.-12.04.2016; Poster: Crimean-Congo haemorrhagic fever virus clades IV, V and VI (Asia-1, Europe and Greece) in northern Iran

2016: 27th Annual Meeting of the German Society for Parasitology, 09.03.-12.03.2016, Göttingen; Poster: *Culex pipiens* and *Culex torrentium* mosquitoes from Germany are susceptible to West Nile virus infection

2015: 25th Annual Meeting of the Society for Virology, 18.03-21.03.2015, Bochum; Poster: *Culex pipiens* and *Culex torrentium* mosquitoes from Germany are susceptible to infection with West Nile virus

2015: National Symposium on Zoonoses Research, Berlin, 15.10.-16.10.2016, Konferenzteilnahme

2015: XIII Spanish National Congress of Virology, 07.06.-10.06.2015, Madrid, Konferenzteilnahme

2015: Arthropod-borne infectious diseases and arthropods as disease agents in human and animal health, Berlin, 01.03-03.10.2015, Konferenzteilnahme

2014: National Symposium on Zoonoses Research, Berlin, 16.10.-17.10.2014; Vortrag: German *Culex* mosquitoes as vectors for West Nile virus

IZW 1 – Titel der Dissertation: Transmission of pathogens in an urban predator prey system

Doktorandin: Manuela Merling de Chapa

Status der Doktorarbeit: in Progress, geplante Abgabe 2018

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftliche Mitarbeiterin am IZW

Zusammenfassung der Arbeit: Habichte (*Accipiter gentilis*) als typische europäische Greifvögel haben sich vor einigen Jahrzehnten in städtischen Gebieten niedergelassen. In diesem Projekt versuchte Frau de Chapa herauszufinden, wie sich Habichte an diese neue Umgebung anpassen und ob städtische Gebiete qualitativ niedrige oder hochwertige Lebensräume für Habichte darstellen. Sind Städte eine Falle für die Art, in der die Population nur durch die Zuwanderung von außen existieren kann oder sind Populationen unabhängig und können sich selbst erhalten? Um dies zu untersuchen, verglichen die KollegInnen verschiedene ökologische und Verhaltensparameter zwischen städtischen (Hamburg, Köln, Berlin) und ländlichen Gebieten (Barnim (Brandenburg), Schleswig (Schleswig-Holstein), Kleve und Bielefeld (Nordrhein-Westfalen)). Zusätzlich konzentrieren sich die Arbeiten auch auf den Gesundheitszustand der Habichte. Neben möglichen Nachteilen in dem stressreichen urbanen Lebensraum, könnten Parasiteninfektionen ein unterrepräsentiertes Risiko für städtische Habichte sein. Daher untersuchte Frau de Chapa die Infektionsraten mit dem Erreger der häufigsten Vogelkrankheit Trichomoniasis, dem Flagellaten *Trichomonas gallinae*, und nahm Sektionen vor, um Todesursachen und mögliche Sterblichkeitsraten zu ermitteln. Um die möglichen Kosten und Nutzen des Lebens in städtischen Gebieten genauer zu erforschen sowie unsichtbare Kosten zu kontrollieren, wurde der Immunstatus von städtischen und ländlichen Habichten untersucht, um Aufschluss über eine mögliche Parasiten-Host-Koevolution zwischen städtischen Habichten und dem jeweiligen Parasiten aufzeigen zu können. Zusätzlich wurden Habichtnestlinge mit GPS-Loggern markiert, um detailliertere Informationen über ihre Lebensgeschichte zu erhalten, nachdem sie ihre Nester in städtischen und ländlichen Gebieten verlassen haben.

Im Vergleich zu vielen anderen Vogelarten scheinen Städte ein hochwertiger Lebensraum für Habichte zu sein; dort herrscht ein früherer Brutbeginn und höher Zuchterfolg, eine hohe Toleranz gegenüber menschlichen Störungen, und wahrscheinlich eine hohe Futterfülle (hoher Anteil an leicht zugänglichen Tauben, geringe Artenvielfalt). Habichte in städtischen Gebieten zeigten eine signifikant höhere Prävalenz mit dem Parasiten *T. gallinae*, der mit der Anzahl der Tauben in der Nahrung korreliert. Es traten leichte Unterschiede in der Parasitenstamm-Konstellation an städtischen und ländlichen Standorten auf, jedoch keine Unterschiede in den klinischen Symptomen der Krankheit. Sektionen der städtischen Vögel zeigten jedoch, dass

nach Trauma als Haupttodesursache, Trichomoniasis die zweithäufigste Todesursache ist. Frau de Chapa geht daher davon aus, dass unsichtbare Kosten für Habichte im städtischen Lebensraum existieren. Ergebnisse der mit GPS-/GSM-Loggern ausgestatteten Habichte zeigten hingegen, dass Habichte in der Stadt erfolgreich sind. Städtische Habichte bleiben länger in dem Territorium ihrer Eltern (hohe Nahrungsverfügbarkeit), wandern weniger weit ab und weisen keine höhere Sterblichkeitsrate auf als ihre ländlichen Artgenossen. Vor allem städtische Habichte bleiben in der Stadt und scheinen in der Lage zu sein, die Populationsgröße aus eigener Kraft (source) ohne Einwanderung aus ländlichen Gebieten (sink) zu vergrößern. Zusammenfassend geht Frau de Chapa davon aus, dass städtische Habichtpopulationen erfolgreicher sind als ländliche und Städte geeignete Lebensräume für diese Art zu sein scheinen.

IZW 2 – Titel der Dissertation: Comparative study on the health status of water birds on German wetlands with focus on vector biology and biodiversity of endoparasites

Doktorandin: Hanna Prüter

Status der Doktorarbeit: in Progress, geplante Abgabe 2018

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftliche Mitarbeiterin am IZW

Zusammenfassung der Arbeit: Wasservögel können als Vektoren für Krankheitserreger fungieren, die für Wildtiere und Menschen relevant sind. Erregerübertragung und Krankheiten sind eng mit der Immunkompetenz von Wirbeltieren verbunden. Die Immunkompetenz von Wasservögeln kann durch äußere Einflüsse geprägt sein und sich je nach Art und Population unterscheiden. Beispielsweise können Schadstoffe die Immunkompetenz schwächen und damit der Gesundheit der Tiere schaden. Im Gegensatz dazu haben nicht-heimische Populationen aufgrund ihrer im Vergleich zu einheimischen Populationen z.T. besonders hohen Immunkompetenz möglicherweise Vorteile, die dazu führen, dass neozoische Arten sich erfolgreich ausbreiten können. Die beiden genannten Szenarien können somit die Wechselwirkungen zwischen Wirt und Erreger beeinflussen und die Artengemeinschaften in den Gewässern der Wirte und ihrer Parasiten verändern. Beide Themen wurden in diesem Projekt behandelt. Blei als Schadstoff, der aus der Jagdnutzung stammt, ist für Wasser-ökosysteme problematisch und hat bekanntlich Auswirkungen auf die Gesundheit und Immunität von Wasservögeln. Der Einfluss der Bleibelastung auf den Artenreichtum und die Infektionsintensität von Darmhelminthen wurde an Stockenten (*Anas platyrhynchos*) aus deutschen Gewässern untersucht. Von Jägern geschossene Stockenten wurden mit dem Schwerpunkt auf Infektionen mit Darmhelminthen untersucht. Zusätzlich wurden Bleigehalte in Knochen und Leber der Tiere gemessen. Für das zweite Kapitel wurden dieselben Stockenten auf Infektionen mit nasalen Vogelschistosomen untersucht, die beim Menschen Juckreiz verursachen können. Die Art *Bilharziella polonica*, ein Vogelschistosom, wurde erstmals im Nervensystem der Vögel beschrieben. Des Weiteren wurde das Immunsystem und die Erreger der Nilgans (*Alopochen aegyptiacus*), einer nicht-heimischen Wasservogelart, die sich derzeit in Europa ausbreitet und deren Populationsgröße dramatisch zunimmt, untersucht. Phänotypische Plastizität von Immunmarkern und Erregerprävalenz ausgewählter, für Wasservögel relevanter Infektionserreger wurden bei Nilgänsen aus Deutschland (nicht-heimische Population) und Namibia (einheimische Population) untersucht und zwischen den beiden Populationen verglichen. Zusätzlich wurden zwei weitere einheimische Arten (*A. platyrhynchos*, *Cygnus olor*) im selben Verbreitungsgebiet untersucht, um diese mit den Nilgänsen zu vergleichen. Insgesamt wurden 10 Immunmarker gemessen, um ein umfassendes Bild des angeborenen als auch des adaptiven Immunsystems zu erhalten.

Liste von wissenschaftlichen Publikationen aus beiden Projekten:

a) in ISI-Journals

Prüter H., Czirják G.A., Twietmeyer S., Harder T., Grund C., Mühldorfer K., Lüscho D. (under review) Sane and sound - A serologic and genetic survey for selected infectious agents in neozootic Egyptian geese (*Alopochen aegyptiacus*) in Germany

Prüter H., Franz M., Auls S., Czirják G.A., Greben O., Greenwood A.D., Lisitsyna O., Syrota Y., Sitko J., Krone O. (under review) Chronic lead intoxication decreases intestinal helminth species richness in mallards (*Anas platyrhynchos*)

Prüter H., Sitko J., Krone O. (2017): Having bird schistosomes in mind- The first detection of *Bilharziella polonica* (Kowalewski 1895) in the bird neural system. *Parasitology Research* 116: 865-870

b) Besuchte Konferenzen/ Poster/ Vorträge, etc.

2016: 149. Jahresversammlung der Deutsche Ornithologen-Gesellschaft (DO-G), 28.09.-03.10.2016, Stralsund; Poster: Beutepräferenz beim Habicht (*Accipiter gentilis*) - Ein Vergleich der Nahrungsspektren urbaner und ruraler Populationen

2016: 12th Conference of the European Wildlife Disease Association (EWDA), 27.-31.08.2016, Berlin; Vortrag: *Trichomonas gallinae* in northern goshawks (*Accipiter gentilis*) – Does the habitat influence the risk to get infected?

2016: Hessian Society for Ornithology and Conservation, 21.03.2016, Gießen; Vortrag: Kosten vom Leben in der Stadt - Ein Vergleich des Befalls mit *Trichomonas gallinae* zwischen urbanen und ruralen Habichtpopulationen (*Accipiter gentilis*)

2015: AG Greifvögel der Nordrhein-Westfälischen Ornithologengesellschaft e.V., 12.11.2015, Halberstadt; Poster: Kosten vom Leben in der Stadt - Ein Vergleich des Befalls mit *Trichomonas gallinae* zwischen urbanen und ruralen Habichtpopulationen (*Accipiter gentilis*)

2015: 148. Jahresversammlung der Deutsche Ornithologen-Gesellschaft (DO-G), 30.09.-05.10.2015, Konstanz; Vortrag: Endoparasitenfauna und Immunfunktion bei heimischen und invasiven Wasservögeln im Vergleich – **3rd price of young scientist talk**, Vortrag: Kosten des Lebens in der Stadt - Ein Vergleich des Befalles mit *Trichomonas gallinae* zwischen urbanen und ruralen Habichtpopulationen (*Accipiter gentilis*) - **1st price Jungreferenten Wettbewerb**

2015: 10th International Conference on Behaviour, Physiology and Genetics of Wildlife, 28.09.-01.10.2015, Berlin; Poster: Endoparasites and immunity of native and invasive waterfowl in Germany

2015: 3rd Leibniz PhD Symposium “Keep it simple - science communication”, 29.09.2015, Berlin; Vortrag: Costs of living in the city - comparing the evolutionary adaptation of urban and rural goshawks (*Accipiter gentilis*) to parasites

2015: 10th International Conference on Behaviour, Physiology and Genetics of Wildlife, 28.09.2015, Berlin; Poster: Costs of living in the city - comparing the evolutionary adaptation of urban and rural goshawks (*Accipiter gentilis*) to parasites

2015: 6th European Wildlife Disease Association Student Workshop, 26.03.-29.03.2015, Veyrier du Lac; Vortrag und Poster: Impact of invasive bird species on ecosystems in Europe and its human drivers, Poster: Endoparasites and immunity of native and invasive waterfowl in Germany

2014: AG Greifvögel der Nordrhein-Westfälischen Ornithologengesellschaft e.V., 02.11.2014, Halberstadt; Poster: Kosten vom Leben in der Stadt - Ein Vergleich des Befalls mit *Trichomonas gallinae* zwischen urbanen und ruralen Habichtpopulationen (*Accipiter gentilis*)

IGB 1 – Titel der Dissertation: Impact of trematodes on top-down periphyton control in lakes
Doktorandin: Jenny Carolina Vivas Munoz

Status der Doktorarbeit: in Progress, geplante Abgabe 2018

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftliche Mitarbeiterin am IGB

Zusammenfassung der Arbeit: Es gibt Hinweise darauf, dass Parasiten einen Einfluss auf die Wirtsökologie haben und eine wichtige Rolle in der Struktur von Tiergemeinschaften und

Nahrungsnetzen spielen. Die Bedeutung von Parasiten in Nahrungsnetzen wird seit vielen Jahren diskutiert. Während des letzten Jahrzehnts wurde von unterschiedlichen Parasitologen vorgeschlagen, dass eine ganzheitliche Nahrungsnetz-Theorie auch Parasiten mit einschließen muss. In diesem Projekt wurde der Einfluss von Trematodenparasiten auf zwei trophische Ebenen untersucht: i) der Einfluss der Parasiten auf die Weideaktivität von Schnecken (Primärkonsumenten) und ii) der Einfluss des Augenegels *Tylodelphys clavata* auf das Fressverhalten und die Präferenzen des europäischen Barsches (Sekundärkonsumenten). Bei Fütterungsexperimenten in verschiedenen Schnecken-Trematoden-Systemen wurde beobachtet, dass die Konsumrate infizierter Individuen ansteigen, abnehmen oder sogar ähnlich sein kann im Vergleich zu der von nicht infizierten Artgenossen. Die Variation zwischen den untersuchten Systemen kann das Ergebnis unterschiedlicher Prozesse sein, wie z.B. physiologische und verhaltensbedingte Auswirkungen auf den Wirt sowie die Nutzung der Wirtsressourcen durch den Parasiten. In Anbetracht der Rolle der Schnecken bei der Strukturierung von Süßwasser-Periphyton- und Makrophyten-Gemeinschaften durch ihre Weidetätigkeit und durch die Modulation der Periphyton-Fütterungsraten, könnten Trematoden indirekt die Primärproduktion beeinflussen, mit größeren Auswirkungen auf benthische Gemeinschaften.

In Bezug auf Sekundärkonsumenten deutete eine Beprobung von +0 Barschen aus dem Müggelsee darauf hin, dass die Parasitenart *T. clavata* einen Einfluss auf die Ernährungspräferenzen von Jungfischen (young-of-the-year, YOY) hat. Die Analyse des Mageninhalts zeigte, dass Individuen mit der höchsten Anzahl an Metacercarien in den Augen weniger Zooplankton konsumierten als ihre weniger befallenen Artgenossen. Da Jungbarsche in der Wildnis in der Regel noch mit anderen Parasiten infiziert sind, hat Frau Munoz parasitenfreie Individuen im Labor herangezogen. Anschließend wurden einige Fische künstlich infiziert und Fütterungsversuche durchgeführt. Frau Munoz konnte beobachten, dass infizierte Fische im Vergleich zu den nicht infizierten Individuen eine Verringerung in der Reaktionsdistanz aufwiesen. Außerdem konnte Frau Munoz bei einem Fütterungsexperiment, bei dem zwei verschiedene Nahrungsbestandteile angeboten wurden (*Daphnia* sp. (klein, pelagisch) und *Asellus aquaticus* (groß, benthisch)), keine deutlichen Unterschiede in den Beutepräferenzen zwischen infizierten und nicht infizierten Individuen nachweisen. Möglicherweise hatten andere Faktoren wie Dominanz einen starken Einfluss auf das Experiment. Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass der Augenegel *T. clavata* durch die Beeinträchtigung der Sehleistung einen Einfluss auf das Fressverhalten von befallenen Barschen hat.

IGB 2 – Titel der Dissertation: Einfluss der Koevolution auf die Anfälligkeit und Resistenz gegen den Schwimmblassennematoden *Anguillicola crassus* in Aalen

Doktorandin: Seraina Bracamonte

Status der Doktorarbeit: in Progress, geplante Abgabe 2018

derzeitiges Arbeitsverhältnis: wissenschaftliche Mitarbeiterin am IGB

Zusammenfassung der Arbeit: Der Bestand des Europäischen Aals (*Anguilla anguilla*) ist in den letzten Jahrzehnten zurückgegangen und scheint sich nicht zu erholen. Die unbeabsichtigte Einführung des parasitären Schwimmblassennematoden *Anguillicola crassus* ist ein Faktor, der vermutlich zum Rückgang beigetragen hat. Infizierte Europäische Aale leiden unter verminderter Stressresistenz, gestörtem „silvering“, höheren Energiekosten beim Langstreckenschwimmen und veränderter Schwimmblassenfunktion. Für den Japanischen Aal (*A. japonica*) wurden keine derartigen Effekte beschrieben. Darüber hinaus zeigt der Europäische Aal eine hohe Variabilität der Immunreaktionen wie Entzündung, Antikörperproduktion oder Verkapselung von *A. crassus*. Im Japanischen Aal scheinen Verkapselung und Antikörperreaktion viel effizienter zu sein. Die molekulare Basis der Immunantwort ist nicht gut verstanden und das Projekt von Frau Bracamonte beinhaltete i) die Genexpression von zwei Immunorganen, der Milz und der Kopfniere, nach einer experimentellen Infektion mit *A. crassus* zu vergleichen und ii) Unterschiede in der Reaktion der Kopfniere zwischen den beiden Aalarten zu identifizieren. Frau Bracamonte hat dafür RNA-Sequenzierung genutzt, um Genexpressionsprofile während der Migrationsphase von *A. crassus* (3 Tage nach der Infektion (dpi = days post-infection)) und während des Übergangs zu einem weniger mobilen

Stadium (23 dpi) zu untersuchen. Milz und Kopfnieren wurden für den Europäischen Aal nur nach 3 dpi verglichen. Die Milz und die Kopfnieren des Europäischen Aals unterschieden sich deutlich in ihrem Genexpressionsprofil nach 3 dpi. Die Kopfnieren reagierte viel stärker als die Milz sowohl in der Anzahl der unterschiedlich exprimierten Gene (67 vs. 257) als auch in der Vielfalt der Prozesse, an denen diese Gene beteiligt waren. Die Beteiligung an Immunprozessen einer Mehrheit der differentiell exprimierten Gene in der Milz war bisher von anderen Wirbeltieren bekannt. Wenige unterschiedlich exprimierte Gene waren am Stoffwechsel beteiligt. Zu den Prozessen in der Kopfnieren, die unterschiedlich reguliert wurden, gehörten Immunität, Zellmigration, Osmoregulation und parazellulärer Fluss, wobei die beiden letzteren für die Nierenfunktion und -integrität wichtig sind. Der japanische Aal wies Veränderungen in der Genexpression auf, die weit unter denen des europäischen Aals lagen. Nach 3 dpi wurden 64 Gene in der Kopfnieren von Japanischen Aalen unterschiedlich exprimiert. Sie waren hauptsächlich am Aminosäure-stoffwechsel, der Immunantwort und der Erythropoietin-Signalisierung beteiligt. Bei beiden Aalarten wurden deutlich weniger Gene nach 23 dpi exprimiert (23 für *A. japonica*, 53 für *A. anguilla*) als bei 3 dpi, was darauf hindeutet, dass die durch die Migration von Parasitenlarven verursachten Gewebeschäden den Wirt stärker betreffen als das Vorhandensein von Larven in der Schwimmblase. In diesem späteren Stadium der Infektion wurden die Prozesse der Zellatmung im Europäischen Aal herunterreguliert, während die Immunantwort und die meiotischen Prozesse meist hochreguliert waren. Für den Japanischen Aal wurden nur 3 unterschiedlich exprimierte Gene zugewiesen, von denen eines mit der Muskelkontraktion und die anderen beiden mit der DNA-Struktur zusammenhängen.

Liste von wissenschaftlichen Publikationen aus beiden Projekten:

a) in ISI-Journals

Vivas Munoz J.C., Hilt S., Horák P., Knopf K. (under review) Impact of trematode infections on periphyton grazing rates of freshwater snails.

Bracamonte S.E., Johnston P.R., Knopf K., Monaghan M.T. (under review) Experimental infection with *Anguillicola crassus* alters immune gene expression in the European eel (*Anguilla anguilla*).

Vivas Munoz J.C., Staaks G., Knopf K. (2017) The eye fluke *Tylodelphys clavata* affects prey detection and intraspecific competition of European perch (*Perca fluviatilis*). *Parasitology Research* 116: 2561-2567

b) Book chapter

Vivas Munoz J.C., Löffler L., Staaks G., Sabine H., Knopf K. (2018) Effekte von *Tylodelphis clavata* auf Beutesuchverhalten, Beutezusammensetzung und intraspezifische Konkurrenz beim Flussbarsch (*Perca fluviatilis*). In: Licek E., Hochwartner O. (Hrsg.) Aquakultur - eine Herausforderung für Fischzüchter und Tierärzte (in press)

c) Besuchte Konferenzen/ Poster/ Vorträge, etc.

2017: 16th Congress of the European Society for Evolutionary Biology, 20.-25.08.2017, Groningen; Poster: *Anguillicola crassus* infections alter gene expression more strongly in its new host compared to its native host

2017: 33. Ichtyoparasitologisches Symposium, 02.-03.06.2017, Oer-Erkenschwick; Vortrag: Effect of *T. clavata* on sight and food preferences in experimentally infected perch under intraspecific competition, Vortrag: *Anguillicola crassus* infection alters gene expression of eels

2016: 4th Annual BeGenDiv Genomics Symposium, Berlin, 16.11.2016; Vortrag: The swim bladder nematode *Anguillicola crassus* modulates immune gene expression in the European eel

2016: 32. 16th Joint meeting of the German, Austrian and Swiss branches of the EAFP, 04.-07.10.2016, Graz; Vortrag: Effekte von *Tyloodelphis clavata* auf Beutesuchverhalten, Beutezusammensetzung und intraspezifische Konkurrenz beim Flussbarsch (*Perca fluviatilis*)

2016: 32. Ichtyoparasitologisches Symposium, 10.06.2016, Oer-Erkenschwick; Vortrag: Impact of trematode infection on the snails' feeding rate

2015: 21st European Meeting of PhD students in Evolutionary Biology, 08.-12.09.2015, Stirling; Vortrag: Differential expression in *Anguillicola crassus*-infected European eels

2015: 9th International Symposium on Fish Parasites, 31.08.-04.09.2015, Valencia; Vortrag: Effect of the eye fluke *Tyloodelphis clavata* on the feeding behaviour of European perch (*Perca fluviatilis*) under intraspecific competition

2015: 15th Congress of the European Society for Evolutionary Biology, 09.-14.08.2015, Lausanne; Poster: Differentially expressed genes in European eels infected with *Anguillicola crassus*

2015: 31. Ichtyoparasitologisches Symposium, 30.05.2015, Boiensdorf; Vortrag: Does *Tyloodelphis clavata* affect the prey preference of perch (*Perca fluviatilis*)?

2014: 2nd Annual BeGenDiv Genomics Symposium, Berlin, 23.09.2014, Konferenzteilnahme

2.6 Stellungnahme, ob Ergebnisse der Vorhaben wirtschaftlich verwertbar sind und ob eine solche Verwertung erfolgt oder zu erwarten ist

Derzeit erarbeiten und erproben wir mit großem Nachdruck die Nutzung extrazellulärer DNA (eDNA) aus Umweltproben (in unserem Fall Stechmücken), welche über genomische Chips quantitativ erfasst wird. Um dieses Ziel zu erreichen, setzen wir auf sogenannte microfluidic arrays, auf denen zahlreiche artspezifische Assays oder „Single Nucleotide Polymorphism“ (SNPs \triangleq Einzelnukleotid-Polymorphismus) parallel laufen und die sich nach den Ergebnissen einer Pilotstudie hervorragend für eine verlässliche Genotypisierung auf Basis von sehr geringen DNA-Mengen eignen. Derzeit planen wir einen sog. CuliChip, mit dem sich alle in unserem Breiten vorkommenden Stechmückenarten aus Fallenfängen und Wasserproben semiquantitativ detektieren lassen. Dieses Produkt soll sobald möglich in die Anwendung gehen. Wir wissen durch unsere zahlreichen Kooperationen, dass von Naturschutz-, Umwelt- und Bundesbehörden ein enormes Interesse an derartigen Biomonitoring-Methoden besteht.

2.7 Wer hat zu den Ergebnissen des Projektes beigetragen

Für die zielorientierte Bearbeitung des Verbundprojektes und der Teilprojekte haben die DoktorandInnen und die dazugehörigen jeweiligen PI's in enger Kooperation beigetragen. Für die Gesamtkoordination des Projektes konnte die Wissenschaftlerin Dr. Judith Kochmann gewonnen werden, die im Projektzeitraum die Koordination der Graduiertenschule durchführte.

2.8 Qualifikationsarbeiten des wissenschaftlichen Nachwuchses im Zusammenhang mit dem Projekt

Die Forschungsschwerpunkte des Projektes wurden/ werden von den Studierenden in den Bachelor- und Master-Studiengängen Biowissenschaften, Umweltwissenschaften und Biophysik der Goethe-Universität stark nachgefragt. Insgesamt wurden im Förderzeitraum Doktor-, Master- und Bachelorarbeiten in Themenkomplex der Graduiertenschule zusätzlich angefertigt und erfolgreich abgeschlossen.

Doktorarbeiten

Antje Werblow (2015) Genetische Charakterisierung und Verbreitung von Stechmücken (Diptera: Culicidae) in Deutschland: Träger humanpathogener Krankheitserreger (Doktor rer. nat., SGN/GU)

Masterarbeiten

Manuela Späth (2017): Kulturunabhängiger und kulturabhängiger Nachweis von Mikrobiota in Simuliidae (Kriebelmücken) (Master Ökologie und Evolution, SGN/GU)

Christiane Hahn (2016): Entwicklung einer Applikation für mobile Endgeräte zur Bestimmung von in Deutschland vorkommenden Stechmücken als Citizen-Science-Projekt (Master Umweltwissenschaften, SGN/GU)

Henrick Schleifenbaum (2016) Examining the distribution of species from the *Culex pipiens* complex in Hessian caves, employing multiplex PCR (Master Ökologie und Evolution, SGN/GU)

Saida Ibrahimli (2016) Cibarialer Apparat als Unterscheidungsmerkmal bei Stechmücken (Culicidae) (Master Ökologie und Evolution, SGN/GU)

Kathrin Schleich (2015) Nachweis der Mikrobiota in einheimischen Stechmücken (Diptera: Culicidae) der Gattung *Culex* (Master Ökologie und Evolution, SGN/GU)

Sina Zotzmann (2014) Lokale Verbreitung und Befallshäufigkeit von *Borrelia burgdorferi* sensu lato in Stechmücken (Culicidae) (Master Ökologie und Evolution, SGN/GU)

Bachelorarbeiten

Elisa Genthner (2017): Geographische Verbreitung des Zika-Virus und dessen Hauptvektoren *Aedes aegypti* und *Aedes albopictus* in Südamerika (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Korbinian Hasselmann (2017): Ökologische Nischenmodellierung von Vektorarten, Pathogenen und Krankheitsfällen am Beispiel der Leishmaniose (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Wiebke Pfohl (2017): Insektenspezifische Nematoden in Stechmücken (Culicidae) Zentraleuropas (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Caroline Sellerberg (2017): Molekularbiologische Untersuchung und Kultivierung der Mikrobiota-Diversität von *Ochlerotatus cantans* und *Ochlerothathus communis* (Diptera: Culicidae) (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Vu Thu Thuy Nguyen (2017): Kulturabhängiger und kulturunabhängiger Nachweis der bakteriellen Diversität von *Ochlerotatus cantans* und *Ochlerotatus communis* (Bachelor Physik, SGN/GU)

Kilian Schnelle (2017): Molekularbiologische Analyse der Mikrobiota ausgewählter Culicidae der Gattung *Ochlerotatus* (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Natascha Hofmann (2016): A multigene-analysis of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus*, in Europe (Bachelor Biophysik, SGN/GU)

Chinhda Xoumpholphakdy (2016) Molekulare Klonierung eines 16S-Genfragments zur Erfassung der Bakterien-Diversität in *Ochlerotatus japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Marc Engler (2016) Diet analysis of urban and rural goshawks (Bachelor thesis, IZW)

Gina Kirchner (2015) Multigen-Analyse etablierter Populationen der invasiven Stechmückenart *Ochlerotatus japonicus japonicus* (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Manuela Spaeth (2015) Molekularbiologische Untersuchung der Bakteriendiversität von *Ochlerotatus japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Felix Frantzmann (2015) Mikrobiota-Diversität der invasiven Stechmückenart *Ochlerotatus japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Vanesa Santaella (2014) Befallshäufigkeit bayerischer und hessischer Stechmücken mit *Borrelia burgdorferi* sensu lato (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

Jonas Kujawa (2014) Molekularbiologische Untersuchung der Nahrungspräferenzen von Culicidae in Deutschland (Bachelor Biowissenschaften, SGN/GU)

3. Liste ausgewählter Pressemitteilungen

- Mücken: Eine kommt, die andere geht. Pressemeldung der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung/Goethe-Universität vom 10.04.2017

- Berliner Morgenpost Nr. 3, S. 2-3, 21.01.2017 – Karriere: Perspektiven jenseits der Kleintierpraxis
- Kölner Stadt-Anzeiger – Der Hüter der Kölner Habichte, 28.07.2016
- Borreliose: Übertragung durch Mückenstich? Pressemeldung der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung/Goethe-Universität vom 22.03.2016
- Asiatische Buschmücke auf dem Vormarsch. Pressemeldung der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung/Goethe-Universität vom 02.04.2015
- BBC Wildlife Magazine – Das Goshawk Kapital, 01/2015
- Erstmals Sandmücke in Hessen entdeckt. Pressemeldung der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung/Goethe-Universität vom 25.07.2014
- Zukunftsthema Infektionskrankheiten – zwei neue Forschungsprojekte im Bereich Medizinische Biodiversität und Parasitologie. Pressemeldung der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung/Goethe-Universität vom 12.02.2014

4. Literaturangaben

- Becker N., Petric D., Boase C., Lane J., Zgomba M., Dahl C., Kaiser A. (2010) Mosquitoes and Their Control. Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York, 577pp
- Becker N., Krüger A., Kuhn C., Plenge-Bönig A., Thomas S.M., Schmidt-Chansit J., Tannich E. (2014a) Stechmücken als Überträger exotischer Krankheitserreger in Deutschland. Bundesgesundheitsblatt 57: 531-540
- Becker N., Jöst A., Storch V. (2014b) Die Invasion der Stechmücken. Biologie in unserer Zeit 44: 400-408
- Boissière A., Tchioffo M.T., Bachar D., Abate L., Marie A., Nsango S.E., Shahbazkia H.R., Awono-Ambene P.H., Levashina E.A., Christen R., Morlais I. (2012) Midgut microbiota of the malaria vector *Anopheles gambiae* and interactions with *Plasmodium falciparum* infection. PLoS Pathogens 8(5): 1-12
- Buhagiar J.A. (2009) A second record of *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Diptera: Culicidae) in Malta. European Mosquito Bulletin 27: 65-67
- Cancrini G., Scaramozzino P., Gabrielli S., Di Paolo M., Toma L., Romi R. (2007) *Aedes albopictus* and *Culex pipiens* implicated as natural vectors of *Dirofilaria repens* in Central Italy. Journal of Medical Entomology 44: 1064-1066
- Hatcher M.J., Dick J.T.A., Dunn A.M. (2012) Diverse effects of parasites in ecosystems: linking independent processes. Frontiers in Ecology and the Environment 10: 186-194
- Koch L.K., Cunze S., Werblow A., Kochmann J., Dörge D.D., Mehlhorn H., Klimpel S. (2016) Modeling the habitat suitability for the arbovirus vector *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Germany. Parasitology Research 115: 957-964
- Lafferty K.D., Allesina S., Arim M., Briggs C.J., De Leo G., et. al. (2008) Parasites in food webs: the ultimate missing links. Ecology Letters 11: 533-546
- Petrić D., Bellini R., Scholte E.J., Rakotoarivony L.M., Schaffner F. (2014) Monitoring population and environmental parameters of invasive mosquito species in Europe. Parasites & Vectors 7: 187
- Schaffner F., Vazeille M., Kaufmann C., Failloux A.B., Mathis A. (2011) Vector competence of *Aedes japonicus* for chikungunya and dengue viruses. European Mosquito Bulletin 29: 141-142
- Schaffner F., Medlock J.M., van Bortel W. (2013) Public health significance of invasive mosquitoes in Europe. Clinical Microbiology and Infection 19: 685-692
- Werren J.H. (1997) Biology of *Wolbachia*. Annual Review of Entomology 42:587-609
- WHO (2018) Vector-borne diseases. Internet: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs387/en/> (aufgerufen am 22.06.2018)
- Zilber-Rosenberg I., Rosenberg E. (2008) Role of microorganisms in the evolution of animals and plants: the hologenome theory of evolution. FEMS Microbiology Reviews 32: 723-735