



MASTERARBEIT

„Virusdiversität in Mosquitos“

Alina Domdey

Elitestudiengang „Global Change Ecology“

Universität Bayreuth, 2023

Virusdiversität in Mosquitos

Alina Domdey hat im Elitestudiengang „Global Change Ecology“ an der Universität Bayreuth studiert. In ihrer Masterarbeit untersuchte sie globale Daten zu Mosquito-assoziierten Viren, Datenlücken, Einflussfaktoren auf den Virus-Artenreichtum, sowie dessen Modellierung.

Mückenassoziierte Viren als globale Herausforderung

Etwa 70% der menschlichen Krankheitserreger stammen ursprünglich von Tieren, und über 90% der durch Gliederfüßer übertragenen Viren werden von Mücken verbreitet. Im Zuge des Klimawandels und der Globalisierung rücken mückenübertragene Krankheiten zunehmend in den Fokus, da sich sowohl Erreger als auch ihre Vektoren in neue Regionen ausbreiten.

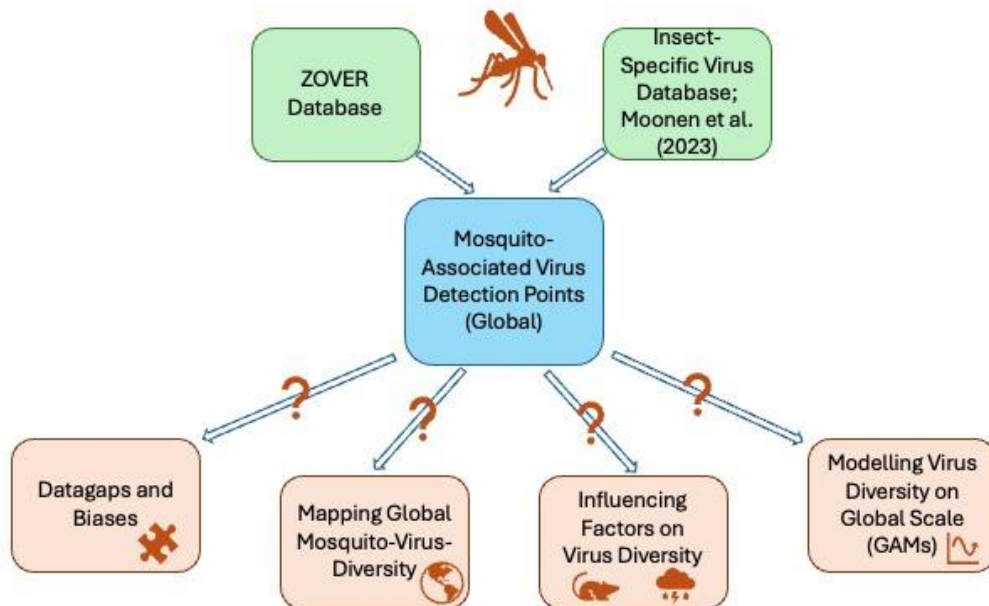
Die globale Vielfalt mückenassoziierter Viren (MAV) ist bislang nur unzureichend erforscht. Während mückenübertragene Viren (MBV) sowohl Insekten als auch Wirbeltiere infizieren können, sind mückenspezifische Viren auf Mücken beschränkt. Dennoch bringen auch letztere potenzielle gesundheitliche Risiken und Vorteile mit sich. Sie gelten einerseits als mögliche Vorläufer von MBVs und könnten durch Mutation oder Wirtssprung pathogen für Wirbeltiere werden, andererseits können sie die Übertragung anderer MBVs beeinflussen oder sogar symbiotische Beziehungen mit ihren Wirten eingehen.

Aus diesen Gründen ist ein umfassendes Verständnis der Diversität mückenassoziierter Viren, welches auch solche einschließt, die aktuell nicht auf Wirbeltiere, bzw. Menschen übertragen werden können, essenziell.

Große Datenlücken und Hotspots des Artenreichtums mückenassoziierter Viren identifiziert

In Bayreuth am Lehrstuhl Biogeographie wird intensiv zu mückenassozierten Themen geforscht, beispielsweise zur Verbreitung der Asiatischen Tigermücke und zu West-Nil-Virus. Alina Domdey gibt in ihrer Masterarbeit einen Überblick über die globalen Diversitätsmuster von Mücken-assoziierten Viren, sie untersucht potenziellen Korrelationen mit bioklimatischen Faktoren und der Diversität der Wirte. Dazu nutzt sie öffentlich zugängliche Daten zu Virusdetektionen aus der ZOVER-Datenbank und einer insektenspezifischen Virusdatenbank von Moonen et al. (2023), um die globale Artenvielfalt von MAVs zu kartieren. Dabei wurden erhebliche geografische Datenlücken, sowie Verzerrungen bei der Datenverfügbarkeit festgestellt.

Bioklimatische Variablen und die Artenvielfalt der Wirte wurden als Einflussfaktoren für die MAV-Diversität analysiert. Zudem konnten generalisierte additive Modelle für die Vorhersage der globalen MAV-Artenvielfalt in Regionen mit Datenlücken und die Identifikation von Hotspot-Gebieten verwendet werden. Die Arbeit betont die Notwendigkeit einer standardisierten Forschung zu Mückenviren in identifizierten Hotspots, um die Faktoren, die die MAV-Vielfalt beeinflussen, sowie die damit verbundenen Risiken und Vorteile für die menschliche Gesundheit besser zu verstehen.



Graphische Zusammenfassung der zentralen Forschungsfragen und Herangehensweisen der Masterarbeit mit dem Titel „Global, spatial analysis of mosquito-associated virus diversity and its potential drivers“ am Lehrstuhl Biogeographie der Universität Bayreuth, Elitestudiengang „*Global Change Ecology*“ von Alina Domdey.

Rechte: © Alina Domdey

Mehr zum Elitestudiengang:

🔗 www.elitenetzwerk.bayern.de

🔗 www.bayceer.uni-bayreuth.de/gce