

## CeratoVir

# Gnitzen (Ceratopogonidae) als Vektoren von Viren in Deutschland unter Berücksichtigung sich ändernder klimatischer Bedingungen

Sarah Groschupp<sup>1</sup>, Franziska Sick<sup>2</sup>, Oliver Dähn<sup>2</sup>, Kerstin Wernike<sup>2</sup>, Doreen Werner<sup>1</sup>, Martin Beer<sup>2</sup>, Helge Kampen<sup>2</sup>

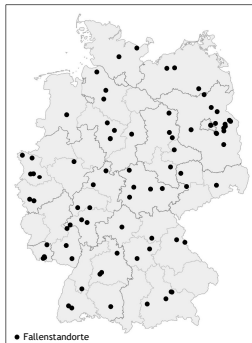
<sup>1</sup> Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung e.V., Müncheberg

<sup>2</sup> Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Greifswald - Insel Riems

Im Rahmen eines Monitorings zum räumlich-zeitlichen Auftreten von Gnitzen in Deutschland werden Landschafts- und Habitatbindungen potenzieller Vektorspezies erfasst. Gefangene Gnitzen werden einer Artidentifizierung unterzogen und auf Infektionen mit dem Blauzungenvirus (BTV) und dem Schmallenberg-Virus (SBV) getestet. Methoden zur genetischen Identifizierung morphologisch ähnlicher oder identischer Gnitzenarten werden entwickelt und Infektionsversuche unter variablen Klimabedingungen durchgeführt, wobei mittels reverser Genetik Infektionsmechanismen des SBV im Detail analysiert werden.

### Monitoring

Zur Erfassung des Vorkommens und der Biodiversität von Gnitzen werden bundesweit und z.T. ganzjährig UV-Lichtfallen auf landwirtschaftlichen Betrieben eingesetzt. Die Auswertung von Proben ausgewählter Standorte aus den Monaten Januar–April 2019 und Oktober 2019–Januar 2020 erlaubten die Definition einer ‚vektorarmer Zeit‘ für die Periode Dezember–März, in der das Risiko einer Virusübertragung als vernachlässigbar eingestuft wird.

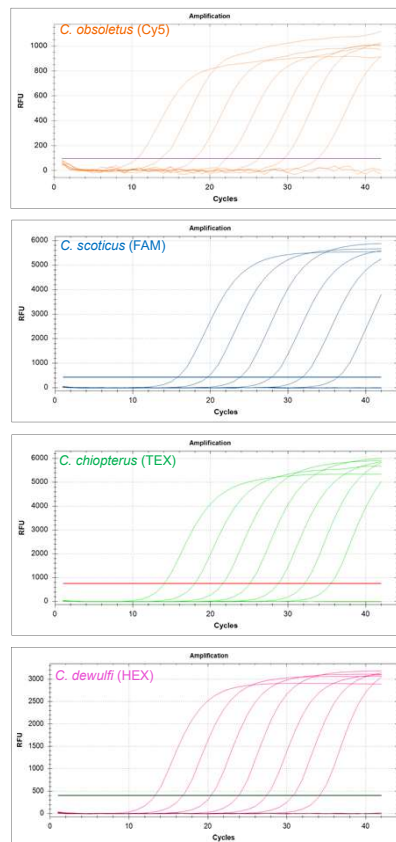


Fallenstandorte, an denen 2019 (und bis Januar 2020) die Untersuchungen zur Gnitzen-diversität und vektorarmen Zeit durchgeführt wurden.

Des Weiteren produzierten die Sammlungen über 740 Proben mit mehr als 86000 Individuen der Gattung *Culicoides* (Stand: 31.07.2020), die über 40 Spezies repräsentieren, darunter zwei für Deutschland neue Arten. Arten der Obsoletus- und Pulicaris-Komplexe waren stark dominierend. Die wöchentlichen Nachweise der Arten und deren Anzahl variierten stark und scheinen neben den Wetterbedingungen von Standortfaktoren abhängig zu sein. Alle Monitoringdaten werden in einer neu erarbeiteten Datenbank erfasst, die die Basis für künftige Risikoanalysen zu Gnitzen-assoziierten Viruserkrankungen sowie Modellierungsszenarien legt.

### Genetische Gnitzenidentifizierung

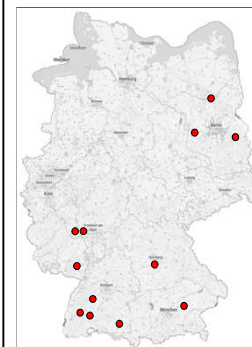
Die Speziesidentifizierung innerhalb der Obsoletus- und Pulicaris-Artenkomplexe erfolgt mit Hilfe molekularbiologischer Methoden. Vor Jahren entwickelte PCR-Tests sollen aufgrund neuer Erkenntnisse zur Gnitzensystematik und entsprechend methodischer Fortschritte angepasst und vereinfacht werden.



In der Entwicklung befindliche real-time PCR zur Differenzierung der Obsoletus-Komplexarten *C. obsoletus*, *C. scoticus* und *C. chiopterus* sowie der nahverwandten und früher dem Komplex zugeordneten Art *C. dewulfi*.

### Virusdiagnostik

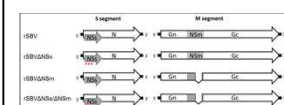
Die im Monitoring gesammelten Gnitzen werden mittels real-time RT-PCR auf das Vorkommen von BTV und SBV untersucht. Proben mit hohen Viruslasten werden weiter charakterisiert.



Nachweise des SBV in Gnitzen, die im Jahr 2019 in Deutschland gefangen wurden (Daten unvollständig). Die Virusnachweise erfolgten vorwiegend in Süd- und Ostdeutschland. BTV wurde bisher in keiner der analysierten Proben detektiert. (© GeoBasis-DE / BKG 2019)

### SBV-Infektionsversuche *in vitro* und *in vivo*

In Infektionsversuchen mit Gnitzenzellen (*in vitro*) und Gnitzen einer *Culicoides sonorensis*-Laborkolonie (*in vivo*) werden die Funktionen der beiden viralen Nichtstrukturproteine NSs und NSm näher untersucht. Hierzu werden rekombinant hergestellte Deletionsmutanten verwendet, denen entweder NSs oder NSm oder beide in Kombination fehlen. Mittels vergleichender Transkriptomanalysen können die zelluläre Antwort auf die Virusinfektion untersucht und Rückschlüsse auf die Funktion der Proteine gezogen werden.



Deletionsmutanten des SBV, die für die *in vitro* und *in vivo* Studien verwendet werden (Quelle: Kraatz et al. 2015, J Virol 89, 1825-1837).



Lichtmikroskopische Aufnahme von *Culicoides sonorensis*-Zellen

Die Ergebnisse werden im Rahmen der Prävention von Tierkrankheiten verwertet. Sie sollen der Analyse des Risikos von Gnitzen-assoziierten Viruserkrankungen von Wiederkäuern in Deutschland sowie der Entwicklung von Strategien und Maßnahmen zu ihrer Vermeidung dienen.