

Immunologie in Wildpopulationen – genetische Variation und Immunkompetenz in der Stockente (*Anas platyrhynchos*)

Elinor Jax

Jax E 2020: Immunology going wild: genetic variation and immunocompetence in the mallard (*Anas platyrhynchos*). Vogelwarte 58: 321-322.

Kurzfassung der Dissertation „Immunology going wild: genetic variation and immunocompetence in the mallard (*Anas platyrhynchos*)“, vorgelegt an der Universität Konstanz, betreut von Prof. Dr. Martin Wikelski, Dr. Inge Müller und Dr. Robert H.S. Kraus (Max Planck Institut für Verhaltensbiologie, Radolfzell)

✉ EJ: 1. Abteilung Tierwanderungen, Max Planck Institut für Verhaltensbiologie, Radolfzell; 2. Fachbereich Biologie, Universität Konstanz. Email: ejax@ab.mpg.de

Neu und vermehrt auftretende Infektionskrankheiten (engl.: *emerging infectious diseases*, EID) nehmen in den letzten Jahrzehnten weltweit in ihrer Häufigkeit zu und werden meist durch zoonotische Erreger hervorgerufen, die auf natürlichem Wege zwischen Tier und Mensch übertragen werden können (Aguirre 2017; Han et al. 2016). Eine Ursache für das verstärkte Auftreten der EID ist der enger werdende Kontakt zwischen Mensch und Tier, der aus der Fragmentierung des Lebensraumes, einer stark intensivierten Landwirtschaft und der globalen Erwärmung resultiert. Die aviäre Influenza (AI) ist ein Beispiel für eine gut bekannte Viruserkrankung, die nach Erweiterung des Wirtsspektrums über die Artgrenzen hinweg neuerdings neben Wildvögeln und Hausgeflügel auch den Menschen infiziert (Olsen et al. 2006; Webster 2002). Obwohl Wildvögel, insbesondere Wasservögel, das natürliche Reservoir der AI bilden (Munster et al. 2007; Webster et al. 1992), wissen wir nur wenig über die Epidemiologie der Krankheit in diesem Wirtssystem (Huang et al. 2019). Der wichtigste natürliche Wirt der AI ist die Stockente Linnaeus, 1758 (*Anas platyrhynchos*) und die Untersuchung des Immunsystems dieser Vogelart ist Schwerpunkt der vorliegenden Doktorarbeit. Neben der Immunkompetenz der Stockente habe ich auch die genetische Variation und evolutionäre Muster im Immunsystem von Wasservögeln untersucht.

Im Rahmen meines Dissertationsvorhabens habe ich durchgängig die Methode der Sequenzierung der nächsten Generation (engl.: *next generation sequencing*, NGS) genutzt (Metzker 2010). Diese Methode hat die Biowissenschaften revolutioniert und zeichnet sich dadurch aus, dass sie die Sequenzierung ganzer Genome und Transkriptome ohne vorherige genetische Information bezüglich der untersuchten Spezies ermöglicht

(Jax et al. 2018b; Kraus and Wink 2015). Damit wird ein Studiendesign ohne vorausgehende Annahmen ermöglicht und neuartige Gene, die für das zu untersuchende Phänomen von Bedeutung sind, können identifiziert werden. Das erste Kapitel besteht aus einer Übersichtsarbeit, die beschreibt, wie Transkriptomanalysen dazu genutzt werden können, Antworten auf seit langem anstehende Fragen der traditionellen Ornithologie zu finden, die mit den herkömmlichen molekularen Methoden oder anhand von Feldstudien bislang nicht gelöst werden konnten (Jax et al. 2018b).

Im zweiten Kapitel meiner Arbeit untersuche ich die Auswirkungen einer Behandlung mit exogenen Pyrogenen auf Physiologie und Verhalten von Stockenten (Jax et al. *in prep.*). Eine natürliche bakterielle (mit abgetöteten *Staphylococcus aureus* oder Lipopolysacchariden, LPS) oder virale Infektion (durch Polyinosinische:polycytidyliche Säure, Poly I:C) wurde in gehaltenen Stockenten simuliert (vgl. Marais et al. 2011) und während der Immunantwort wurde zum einen eine genomweite Transkriptionsanalyse durchgeführt und zum anderen mittels modernen Biologger Veränderungen von physiologischem Status und Verhalten untersucht (Kays et al. 2015). Veränderungen der Körpertemperatur, der Herzfrequenz und des weißen Blutbildes konnten als gute Indikatoren für eine Immunantwort bestätigt werden. Durch die Genexpressionsanalysen ließ sich die durch die exogenen Pyrogene ausgelöste, pathogenspezifische Immunantwort bis auf die molekulare Ebene nachvollziehen. Insbesondere die Simulation einer viralen Infektion führte zu einer stark ausgeprägten Immunantwort, die eine natürliche Virusinfektion sehr gut imitierte und damit vielversprechend für zukünftige immunökologische Untersuchungen in Stockenten ist.

Das dritte Kapitel meiner Arbeit befasst sich mit dem angeborenen Immunsystem von wildem Wassergeflügel (Jax et al. 2018a). Mit dem Ziel, den Selektionsdruck auf diesen Teil des Immunsystems zu untersuchen, habe ich 120 Gene des angeborenen Immunsystems in Proben aus Stockenten vier unterschiedlicher Populationen und aus kleineren Stichproben nah verwandter Entenarten mittels maßgeschneiderter DNA-Oligonucleotidköder (engl.: *customised DNA oligonucleotide baits*) und NGS sequenziert. Für die Stockenten von verschiedenen Kontinenten konnte keine generelle koevolutive Anpassung an lokale Populationen von Krankheitserregern festgestellt werden; ein Muster das der Verteilung der Diversität neutraler genetischer Marker in Stockenten entspricht (Kraus et al. 2016; Kraus et al. 2013). Mit dem Ziel eines weitergehenden Vergleiches zwischen verschiedenen Vogelarten wurden sämtliche bereits publizierte Genomsequenzdaten von Gänsearten (Ottenburghs et al. 2016) in die Studie einbezogen. Die Analysen zeigten, dass Gene, die für unterschiedliche Funktionen der Immunantwort (Erkennung von Krankheitserregern, Signal- und Effektormoleküle) kodieren, im Laufe der Evolution unterschiedlichem Selektionsdruck ausgesetzt waren. Interessanterweise weisen Gene, die für Moleküle der Pathogenerkennung kodieren, insgesamt am wenigsten Polymorphismen der funktionalen Gruppen im Molekül auf. Codon-spezifische Selektionsanalysen ergaben jedoch, dass diese Gene einem gerichteten Selektionsdruck ausgesetzt waren, der sehr spezifisch auf bestimmte Codons innerhalb der Pathogen-bindenden Regionen wirkte. Daraus lässt sich schließen, dass sich Rezeptoren des unspezifischen Immunsystems mit den Krankheitserregern koevolutiv entwickeln, ähnlich, wie dies für den MHC-Komplex des adaptiven Immunsystems bekannt ist (Sutton et al. 2011). Einzigartig an meiner Arbeit ist der Ansatz, die genetische Diversität und die evolutiven Muster in Immungenen durchgängig für ganze Kaskaden des angeborenen Immunsystems zu untersuchen und damit Immungene herauszustellen, die für die Unterschiede in der Empfänglichkeit oder Resistenz einzelner Vogelarten für Krankheitserreger von Bedeutung sein können.

Literatur:

- Aguirre AA (2017) Changing Patterns of Emerging Zoonotic Diseases in Wildlife, Domestic Animals, and Humans Linked to Biodiversity Loss and Globalization. *ILAR Journal* 58:315-318 doi:10.1093/ilar/ilx035
- Brown JD, Stallknecht DE, Swayne DE (2008) Experimental infection of swans and geese with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) of Asian lineage. *Emerging Infectious Diseases* 14:136-142
- Han BA, Kramer AM, Drake JM (2016) Global Patterns of Zoonotic Disease in Mammals. *Trends in Parasitology* 32:565-577 doi:10.1016/j.pt.2016.04.007
- Hiono T et al. (2016) Experimental infection of highly and low pathogenic avian influenza viruses to chickens, ducks, tree sparrows, jungle crows, and black rats for the evaluation of their roles in virus transmission. *Veterinary Microbiology* 182:108-115 doi:https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.11.009
- Huang ZYX et al. (2019) Contrasting effects of host species and phylogenetic diversity on the occurrence of HPAI H5N1 in European wild birds. *Journal of Animal Ecology* *in press* doi:10.1111/1365-2656.12997
- Jax E et al. (2018a) Population genetics and evolution patterns of innate immune genes in waterfowl. In: Jax E (ed) *Immunology going wild: genetic variation and immunocompetence in the mallard (Anas platyrhynchos)*, PhD thesis. Faculty of Biology, Konstanz University, Konstanz, Germany, Jax E et al. (*in prep.*) Remotely monitored bioparameters correlate with the innate immune response and gene expression in wild birds.
- Jax E, Wink M, Kraus RHS (2018b) Avian transcriptomics: opportunities and challenges. *Journal of Ornithology* 159:599-629 doi:10.1007/s10336-018-1532-5
- Kays R, Crofoot MC, Jetz W, Wikelski M (2015) Terrestrial animal tracking as an eye on life and planet. *Science* 348:aaa2478 doi:10.1126/science.aaa2478
- Kraus RHS, Figuerola J, Klug K (2016) No genetic structure in a mixed flock of migratory and non-migratory Mallards. *Journal of Ornithology* 157:919-922 doi:10.1007/s10336-016-1354-2
- Kraus RHS, Van Hooft P, Megens H-J, Tsvey A, Fokin SY, Ydenberg RC, Prins HHT (2013) Global lack of flyway structure in a cosmopolitan bird revealed by a genome wide survey of single nucleotide polymorphisms. *Molecular Ecology* 22:41-55 doi:10.1111/mec.12098
- Kraus RHS, Wink M (2015) Avian Genomics – Fledging into the Wild! *Journal of Ornithology* 156:851-865 doi:10.1007/s10336-015-1253-y
- Marais M, Gugushe N, Maloney SK, Gray DA (2011) Body temperature responses of Pekin ducks (*Anas platyrhynchos domesticus*) exposed to different pathogens. *Poultry Science* 90:1234-1238 doi:10.3382/ps.2011-01389
- Metzker ML (2010) Sequencing technologies - the next generation. *Nature Reviews Genetics* 11:31-46
- Munster VJ et al. (2007) Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza A viruses in wild migratory birds. *PLoS Pathogens* 3:e61
- Olsen B, Munster VJ, Wallensten A, Waldenström J, Osterhaus ADME, Fouchier RAM (2006) Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* 312:384-388
- Ottenburghs J et al. (2016) A tree of geese: A phylogenomic perspective on the evolutionary history of True Geese. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 101:303-313 doi:10.1016/j.ympev.2016.05.021
- Pschera A (2016) Das Internet der Tiere: Natur 4.0 und die *conditio humana*. *Zeitschrift für Medien- und Kulturforschung* 2016:111-124
- Sutton JT, Nakagawa S, Robertson BC, Jamieson IG (2011) Disentangling the roles of natural selection and genetic drift in shaping variation at MHC immunity genes. *Molecular Ecology* 20:4408-4420
- Webster RG (2002) The importance of animal influenza for human disease. *Vaccine* 20:S16-S20
- Webster RG, Bean WJ, Gorman OT, Chambers TM, Kawaoaka Y (1992) Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews* 56:152-179

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde](#)

Jahr/Year: 2020

Band/Volume: [58_2020](#)

Autor(en)/Author(s): Jax Elinor

Artikel/Article: [Immunologie in Wildpopulationen – genetische Variation und Immunkompetenz in der Stockente \(*Anas platyrhynchos*\) 321-322](#)