

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung des Bombali ebolavirus (BOMV) als Spender- oder Empfängerorganismus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Das Bombali ebolavirus (BOMV) gehört zur Familie der *Filoviridae* (Genus *Ebolavirus*). Das Genom von BOMV besteht aus einer unsegmentierten ssRNA negativer Polarität mit einer Gesamtlänge von ca. 19 kb [1].

BOMV wurde 2016 in Sierra Leone mithilfe einer Filovirus-Konsensus-PCR in oralen und rektalen Abstrichen von Bulldoggfledermäusen entdeckt [1]. Die phylogenetische Analyse des viralen Genoms ergab eine Nukleotidsequenzidentität von 55 – 59 % (Aminosäuresequenzidentität 64 – 72 %) zu den anderen Vertretern des Genus *Ebolavirus*.

Die identifizierten BOMV-positiven Tiere gehören zu den Spezies Kleine Bulldoggfledermaus (*Chaerephon pumilus*) und Angola-Bulldoggfledermaus (*Mops condylurus*). Dabei handelt es sich um insektenfressende Fledermäuse, die gern menschliche Behausungen als Schlafplätze nutzen. Beide Spezies überleben experimentelle Ebolavirus-Infektionen ohne Anzeichen einer Erkrankung [2]. Insbesondere die Angola-Bulldoggfledermaus wird zudem als Ansteckungsquelle für den Indexpatienten der Ebolavirus-Epidemie in Westafrika in den Jahren 2014 - 2016 diskutiert [3].

Um abschätzen zu können, ob BOMV auch den Menschen infizieren kann, wurden *in vitro*-Infektionsversuche durchgeführt. Dabei konnte ein rekombinantes *Indiana vesiculovirus*, dessen Glykoproteingen durch das von BOMV ersetzt worden war, humane Osteosarkomzellen (U2OS) infizieren [1]. Die Bindung an die Wirtszelle erfolgte vermutlich über den universellen Filovirusrezeptor NPC1.

Aufgrund der Lebensweise der Bulldoggfledermäuse ist denkbar, dass der Mensch bereits in Kontakt mit BOMV gekommen ist. Einen Hinweis auf eine Humanpathogenität des Virus gibt es bislang jedoch nicht.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das Bombali ebolavirus (BOMV) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 4** zugeordnet.

Begründung

Das Bombali ebolavirus (BOMV) kann neben Bulldoggfledermäusen möglicherweise auch den Menschen infizieren. Konkrete Hinweise auf ein humanpathogenes Potenzial des Virus gibt es bislang zwar nicht; aufgrund der Verwandtschaft zu den anderen Ebolaviren, die alle der Risikogruppe 4 zugeordnet sind, ist jedoch nicht auszuschließen, dass BOMV ein vergleichbares humanpathogenes Potenzial besitzt.

Literatur

1. Goldstein T, Anthony SJ, Gbakima A, Bird BH, Bangura J, Tremeau-Bravard A, Belaganahalli MN, Wells HL, Dhanota JK, Liang E, Grodus M, Jangra RK, DeJesus VA, Lasso G, Smith BR, Jambai A, Kamara BO, Kamara S, Bangura W, Monagin C, Shapira S, Johnson CK, Saylor K, Rubin EM, Chandran K, Lipkin WI, and Mazet JAK. (2018). The discovery of Bombali virus adds further support for bats as hosts of ebolavirus. *Nat Microbiol* **3**(10):1084-9.
2. Swanepoel R, Leman PA, Burt FJ, Zachariades NA, Braack LE, Ksiazek TG, Rollin PE, Zaki SR, and Peters CJ. (1996). Experimental inoculation of plants and animals with Ebola virus. *Emerg Infect Dis* **2**(4):321-5.
3. Lo TQ, Marston BJ, Dahl BA, and De Cock KM. (2017). Ebola: anatomy of an epidemic. *Annu Rev Med* **14**(68):359-70.