



**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung des  
*Cetacean morbillivirus (CeMV)*  
als Spender- oder Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten  
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Das *Cetacean morbillivirus (CeMV)* gehört innerhalb der Familie der *Paramyxoviridae* zum Genus *Morbillivirus*. Das Genom von CeMV besteht aus einer einzelsträngigen RNA negativer Polarität mit einer Gesamtlänge von ca. 15,7 kb [1].

CeMV wurde erstmalig 1988 bzw. 1990 aus Gewebeproben von gestrandeten Schweinswalen und Delfinen isoliert [2,3]. Zunächst ging man davon aus, dass es sich um zwei verschiedene Spezies handelt (veraltet: Porpoise morbillivirus [PMV], Dolphin morbillivirus [DMV]); mittlerweile sind jedoch beide Viren zusammen mit weiteren Isolaten als Stämme der Spezies CeMV klassifiziert. Serologische und phylogenetische Analysen ergaben, dass CeMV innerhalb des Genus *Morbillivirus* am nächsten mit dem *Rinderpest virus (RPV)* und dem *Peste-des-petits-ruminants virus (PPRV)* verwandt ist [4-6].

CeMV ist weltweit verbreitet [7,8] und führt bei den infizierten Tieren vermutlich zu einer Erkrankung, die mit Pneumonien sowie Enzephalitiden assoziiert ist und tödlich verlaufen kann [9]. So wird CeMV als Ursache für wiederholte Epizootien bei Delfinen und Schweinswalen mit einer Letalität von bis zu 50 % angesehen [9]. Es gibt jedoch auch Hinweise auf asymptomatische Infektionen [10]. Studien zur Seroprävalenz ergaben, dass CeMV bei Grindwalen und Borneodelfinen enzootisch zu sein scheint, während das Virus bei anderen Spezies wie z. B. dem Gemeinen Delfin und dem Gewöhnlichen Schweinswal weitaus weniger verbreitet ist [8]. Möglicherweise wird das Virus immer wieder aus Populationen, in denen es enzootisch vorliegt, in immunologisch naive Populationen eingeführt, wodurch neue Epizootien ausgelöst werden [8].

CeMV infiziert vor allem Vertreter der Ordnung *Cetacea* (Wale), es ist jedoch auch ein CeMV-Ausbruch bei Mittelmeer-Mönchsrobben (Ordnung *Carnivora*) beschrieben [11]. Experimentell können auch Hunde, Schafe, Ziegen und Rinder infiziert werden; abgesehen von einer transienten Leukopenie verläuft die Infektion jedoch asymptomatisch [5].

Informationen zur Übertragung von CeMV liegen bislang nicht vor.

Sowohl die Berufsgenossenschaft Rohstoffe und chemische Industrie (BG RCI) als auch das *Institut Scientifique de Santé Publique (WIV-ISP, Belgien)* stufen CeMV in die Risikogruppe 2 ein.

### **Empfehlung**

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das *Cetacean morbillivirus (CeMV)* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

## Begründung

Das *Cetacean morbillivirus* (CeMV) besitzt ein breites Wirtsspektrum, welches neben Walen, Delfinen und Robben möglicherweise auch terrestrische Säugetiere umfasst. Es gibt bislang keine Hinweise darauf, dass auch der Mensch im Wirtsbereich von CeMV liegt. Die Infektion kann bei den infizierten Tieren eine schwere Erkrankung auslösen, die häufig mit dem Tod endet.

## Literatur

- [1] Rima, B.K., Collin, A.M., and Earle, J.A. (2005). Completion of the sequence of a cetacean morbillivirus and comparative analysis of the complete genome sequences of four morbilliviruses. *Virus Genes* **30**:113-119.
- [2] McCullough, S.J., McNeilly, F., Allan, G.M., Kennedy, S., Smyth, J.A., Cosby, S.L., McQuaid, S., and Rima, B.K. (1991). Isolation and characterisation of a porpoise morbillivirus. *Arch Virol* **118**:247-252.
- [3] Domingo, M., Ferrer, L., Pumarola, M., Marco, A., Plana, J., Kennedy, S., McAliskey, M., and Rima, B.K. (1990). Morbillivirus in dolphins. *Nature* **348**:21.
- [4] Taubenberger, J.K., Tsai, M.M., Atkin, T.J., Fanning, T.G., Krafft, A.E., Moeller, R.B., Kodosi, S.E., Mense, M.G., and Lipscomb, T.P. (2000). Molecular genetic evidence of a novel morbillivirus in a long-finned pilot whale (*Globicephalus melas*). *Emerg Infect Dis* **6**:42-45.
- [5] Visser, I.K., van Bresseem, M.F., de Swart, R.L., van de Bildt, M.W., Vos, H.W., van der Heijden, R.W., Saliki, J.T., Orvell, C., Kitching, P., Kuiken, T., Barrett, T., and Osterhaus, A.D. (1993). Characterization of morbilliviruses isolated from dolphins and porpoises in Europe. *J Gen Virol* **74**:631-641.
- [6] Bellière, E.N., Esperón, F., and Sánchez-Vizcaíno, J.M. (2011). Genetic comparison among dolphin morbillivirus in the 1990-1992 and 2006-2008 Mediterranean outbreaks. *Infect Genet Evol* **11**:1913-1920.
- [7] van de Bildt, M.W., Kuiken, T., and Osterhaus, A.D. (2005). Cetacean morbilliviruses are phylogenetically divergent. *Arch Virol* **150**:577-583.
- [8] van Bresseem, M., Waerebeek, K.V., Jepson, P.D., Raga, J.A., Duignan, P.J., Nielsen, O., Di Benedetto, A.P., Siciliano, S., Ramos, R., Kant, W., Peddemors, V., Kinoshita, R., Ross, P.S., López-Fernandez, A., Evans, K., Crespo, E., and Barrett, T. (2001). An insight into the epidemiology of dolphin morbillivirus worldwide. *Vet Microbiol* **81**:287-304.
- [9] Di Guardo, G., Marruchella, G., Agrimi, U., and Kennedy, S. (2005). Morbillivirus infections in aquatic mammals: a brief overview. *J Vet Med* **52**:88-93.
- [10] Bossart, G.D., Reif, J.S., Schaefer, A.M., Goldstein, J., Fair, P.A., and Saliki, J.T. (2010). Morbillivirus infection in free-ranging Atlantic bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) from the Southeastern United States: seroepidemiologic and pathologic evidence of subclinical infection. *Vet Microbiol* **143**:160-166.
- [11] Osterhaus, A., Groen, J., Niesters, H., van de Bildt, M., Martina, B., Vedder, L., Vos, J., van Egmond, H., Abou-Sidi, B., and Barham, M.E. (1997). Morbillivirus in monk seal mass mortality. *Nature* **388**:838-839.