



Empfehlung der ZKBS

zur Risikobewertung des Dugbe-Virus als Spender- oder Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Dugbe-Virus

Das Dugbe-Virus (DUGV) gehört zur Familie der Bunyaviridae (Genus *Nairovirus*). Wie alle Bunyaviren besitzt auch DUGV eine Virushülle sowie ein segmentiertes ssRNA-Genom negativer Polarität. Mit ca. 19 kb ist das Genom von DUGV größer als das anderer Bunyaviren.

DUGV wurde erstmalig 1964 in Ibadan, Nigeria aus Schildzecken (*Amblyomma variegatum*) isoliert [1]. Die Verbreitung von DUGV beschränkt sich auf Afrika. Hauptüberträger sind Schildzecken der Gattungen *Amblyomma*, *Boophilus* und *Hyalomma*. Darüber hinaus konnte das Virus auch aus Stechmücken, Rindern und dem Menschen isoliert werden [2]. Eine Erkrankung infizierter Tiere ist nicht beschrieben [3]. Die experimentelle Infektion von Mäusen manifestiert sich bei intrazerebraler Verabreichung vor allem in Neuronen und führt zum Tod der Tiere [4]. *In vitro* sind Affenzellen (BSC-1, LLC-MK2) und Schweinezellen (PS) produktiv mit DUGV infizierbar [2].

DUGV ist eng mit dem Nairobi Sheep Disease-Virus verwandt, einem Erreger von hämorrhagischer Gastroenteritis bei Schafen. Über das größte humanpathogene Potenzial innerhalb des Genus *Nairovirus* verfügt das Crimean-Congo hemorrhagic fever-Virus, welches hämorrhagisches Fieber mit einer Letalität von 10-50% auslösen kann [5].

DUGV-Infektionen beim Menschen sind sehr selten. In Ibadan, Nigeria, wo DUGV weit verbreitet unter Rindern ist, konnte das Virus im Zeitraum von 1964 bis 1970 lediglich in 4 von 10500 Fällen aus dem Blut von Patienten mit fiebrigen Erkrankungen unbekannter Ursache isoliert werden [6]. Das DUGV-assoziierte Krankheitsbild beinhaltet neben Fieber, Übelkeit und Schüttelfrost in Einzelfällen auch Thrombozytopenie [7].

Die Centers for Disease Control and Prevention (USA) und das Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft (Schweiz) stufen DUGV in die Risikogruppe 3 ein.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das Dugbe-Virus (DUGV) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 3** zugeordnet.

Begründung

Das human- und zoopathogene Potenzial des Dugbe-Virus (DUGV) ist noch nicht vollständig geklärt. Die Übertragung vom infizierten Tier auf andere Tiere oder den Menschen erfolgt durch Schildzecken. Erkrankungen infizierter Tiere sind nicht bekannt. Beim Menschen kann es zu fiebrigen Erkrankungen kommen; schwere Krankheitsverläufe können nicht ausgeschlossen



werden. Die ZKBS schließt sich daher der Einstufung der Centers for Disease Control and Prevention (USA) und des Bundesamts für Umwelt, Wald und Landschaft (Schweiz) an.

Literatur

1. Causey, O.R. (1970). In Supplement to the Catalogue of Arthropod-borne viruses, No. 226. *Am J Trop Med Hyg* **19**:1123-1124.
2. David-West, T.A., and Porterfield, J.S. (1974). Dugbe virus: a tick-borne arbovirus from Nigeria. *J Gen Virol* **23**:297-307.
3. Steele, G.M., and Nuttall, P.A. (1989). Difference in vector competence of two species of sympatric ticks, *Amblyomma variegatum* and *Rhipicephalus appendiculatus*, for Dugbe virus (*Nairovirus*, Bunyaviridae). *Virus Res* **14**:73-84.
4. Boyd, A., Fazakerley, J.K., and Bridgen, A. (2006). Pathogenesis of Dugbe virus infection in wild-type and interferon-deficient mice. *J Gen Virol* **87**:2005-2009.
5. Swanepoel, R., Shepherd, A.J., Leman, P.A., Shepherd, S.P., McGillivray, G.M., Erasmus, M.J., Searle, L.A., and Gill, D.E. (1987). Epidemiologic and clinical features of Crimean-Congo hemorrhagic fever in southern Africa.
6. Moore, D.L., Causey, O.R., Carey, D.E., Reddy, S., Cooke, A.R., Akinkugbe, F.M., David-West, T.S., and Kemp, G.E. (1975). Arthropod-borne viral infections in man in Nigeria, 1964-1970. *Ann Trop Med Parasitol* **69**:49-64.
7. Burt, F.J., Spencer, D.C., Leman, P.A., Patterson, B., and Swanepoel, R. (1996). Investigation of tick-borne viruses as pathogens of humans in South Africa and evidence of Dugbe virus infection in a patient with prolonged thrombocytopenia. *Epidemiol Infect* **116**:353-361.