



Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung des Gill-associated Virus (GAV) als Spenderorganismus für gentechnische Arbeiten

Das *Gill-associated Virus* (GAV), ein umhülltes Virus, wird dem neuen Genus Okavirus (Familie *Roniviridae*, Ordnung *Nidovirales*) zu geordnet, weil es sich primär in dem lymphoiden („Oka“) Organ seines Wirtes vermehrt [1, 2].

GAV infiziert die Schwarze Tigergarnele (*Penaeus monodon*), die in Australien wildlebend vorkommt und zu Zuchtzwecken genutzt wird. Akute Infektionen sind mit Gewebnekrosen, Krankheit und Mortalität verbunden. Chronisch infizierte Garnelen zeigen dagegen keine Krankheitssymptome [2, 3].

GAV-Infektionen können sowohl horizontal (durch Aufnahme von infiziertem Gewebe und/oder durch Eintauchen in infiziertes Wasser) als auch vertikal (über Spermatophoren und/oder Ovargewebe) übertragen werden.

Das einzelsträngige RNA-Genom positiver Polarität des GAV umfasst ca. 26000 Nukleotide und besteht aus fünf offenen Leserahmen (ORF): ORF1a und ORF1b überlappen. ORF1a wird eine proteolytische Funktion und ORF1b eine Replikase-Funktion zugeschrieben. ORF2 und ORF3 kodieren für Strukturproteine. Für ORF4 ist die Funktion noch unbekannt [3].

GAV ähnelt morphologisch und pathologisch dem Yellow Head Virus (YHV), das große Verluste in Garnelenzuchten in Asien verursacht. Aminosäure- bzw. Nukleotidsequenzvergleiche beider Viren zeigen, dass die ORF1b Leserahmen zu 81 - 85 % bzw. zu 87 - 96 % identisch sind. Die Viren unterscheiden sich auf genetischer Ebene und in ihrer geografischen Verteilung [2].

Die Virusanzucht ist bisher nicht möglich, da kein *Crustaceae*-Zellkultursystem zur Verfügung steht.

Das *Gill-associated Virus* wird gem. § 5 Abs. 1 i. V. m. Anhang I Nr. 1 GenTSV der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung:

Bisher sind für das GAV keine pathogenen Eigenschaften für Vertebraten beschrieben worden. GAV ist nur für eine bestimmte Crustaceae, die Schwarze Tigergarnele (*Penaeus monodon*) pathogen. Es gibt aber Hinweise auf experimentelle Infektionen und Erkrankungen anderer Crustaceae [4]; deshalb ist nicht auszuschließen, dass das Virus auch auf heimische Crustaceae übertragbar ist.

Literatur:

1. Virus Taxonomy - Reports of the International Committee on Taxonomy of Virus (ICTV), 28 June 2002, <http://www.ictvdb.iacr.ac.uk/Ictv/fr-fst-g.htm>
2. Cowley JA, Dimmock CM, Spann KM, Walker PJ (2000) Gill-associated virus of *Penaeus monodon* prawns: an invertebrate virus with ORF1a and ORF1b genes related to arteri- and coronaviruses. J. Gen. Virol. 81: 1473-1484



3. Cowley JA, Walker PJ (2002) The complete genome sequence of gill-associated virus of *Penaeus monodon* prawns indicates a gene organisation unique among nidoviruses. Arch Virol, in press
4. Walker PJ, Cowley JA., Spann KM, Hodgson RAJ, Hall MR, B Withyachumnarnkul (2001) Yellow head complex viruses: Transmission cycles and topographical distribution in the Asia-pacific region. <http://www.was.org/Abstracts/NewWave/Walkerabstract.htm>