

Az. 45242.0189

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung der Hummelviren "Loch Morlich Virus", "River Luinaeg Virus" sowie "Mayfield Virus 1 und 2" als Spender- oder Empfängerorganismus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Bei "Loch Morlich Virus", "River Luinaeg Virus" sowie "Mayfield Virus 1 und 2" handelt es sich um Plusstrang-RNA-Viren der Ordnung *Picornavirales*, Familie *Caliciviridae*, die darüber hinaus noch nicht weiter klassifiziert sind.

Die Viren wurden im Rahmen von Feldstudien in Schottland im Jahr 2009 und 2011 in Wildhummeln (13 Arten, an neun Orten) durch Transkriptomanalysen (*next generation sequencing*) entdeckt [1]. Dafür wurden foragierende Hummeln, die keine Krankheitssymptome zeigten, auf Blüten gefangen und aus diesen die RNA isoliert. Die RNA wurde jeweils artspezifisch von ca. 200 Individuen gepoolt, sequenziert und die gefundenen *contigs* bioinformatisch gemäß der von Shi *et al.*, 2016 [2] beschriebenen Methodik Großgruppen zugeordnet. Um zu bestätigen, dass die *contigs* wirklich von einer aktiven Virusinfektion der Hummeln stammen, wurde eine Analyse von smallRNAs vorgenommen, die im Zuge des antiviralen RNA-*interference-pathways*, in Arthropoden produziert werden, um eine virale Infektion abzuwehren.

Zudem wurde die Prävalenz der Viren in den jeweiligen Populationen und in Individuen untersucht [1; 3]. Die Prävalenzen lagen zumeist bei unter 15 %, für das „Mayfield virus 1 und 2“ jedoch bei bis zu 25 %. „Loch Morlich virus“ und „River Luinaeg virus“ wurden verstärkt in der Hummelspezies *Bombus jonellus* gefunden. Sehr oft waren diese Hummeln mit beiden Viren ko-infiziert.

Mithilfe der RNAseq-Analyse wurden die genannten Viren auch in Hummelpopulationen anderer Teile Großbritanniens sowie in Deutschland (z. B. in *Bombus lapidarius*) nachgewiesen. Es liegen auch Informationen zum Nachweis in Schwebfliegen (z. B. *Episyrphus balteatus*) vor. Diese Tiere wiesen ebenfalls keine Symptome einer Erkrankung auf.

In einer weiteren Studie (Doublet *et al.*, unveröffentlicht), in der neben Hummeln auch Wild- und Honigbienen Englands beprobt wurden, ergab sich kein Hinweis auf eine Verbreitung in Bienen.

Weitere Informationen bzgl. taxonomischer Zuordnung, Wirtsspektrum, Pathogenität oder Übertragungsweg liegen noch nicht vor.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV werden "Loch Morlich Virus", "River Luinaeg Virus" sowie "Mayfield Virus 1 und 2" als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

Die Viren wurden bisher nur in symptomfreien, flugfähigen Bestäubungsinsekten gefunden. Hinweise auf ein pathogenes Potenzial liegen nicht vor.

Literatur

- [1] **Pascall *et al.* (Preprint Veröffentlichung 1)** Host evolutionary history predicts virus prevalence across bumblebee species. **bioRxiv 498717**; doi: <https://doi.org/10.1101/498717>
- [2] **Shi *et al.* (2016)**. Redefining the invertebrate RNA Virosphere. *Nature* **540(7634)**:539-43. doi: 10.1038/nature20167
- [3] **Pascall *et al.* (Preprint Veröffentlichung 2)** Predictors of virus prevalence and diversity across a wild bumblebee community. **bioRxiv 2021.01.06.425554**; doi: <https://doi.org/10.1101/2021.01.06.425554>