



**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von
Lake Sinai virus 1 (LSV1) und *Lake Sinai virus 2 (LSV2)*
als Spender- oder Empfängerorganismus
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Im Zusammenhang mit dem besonders in den Wintermonaten bei der Westlichen Honigbiene auftretenden *Colony Collapse Disorder* (CCD) wurde eine Vielzahl von Untersuchungen durchgeführt, um die genaue Ursache für dieses Phänomen zu bestimmen. In einer Studie wurden 20 Bienenvölker beobachtet, die für Bestäubungsprogramme in verschiedenen amerikanischen Staaten eingesetzt worden sind [1]. Neben dem *screening* auf bekannte Bienenpathogene, wurde mithilfe des *ultra deep sequencing* die mikrobielle Flora der Bienen auf noch nicht entdeckte Mikroorganismen hin untersucht. Dabei wurden drei *contigs* identifiziert, die Ähnlichkeiten zum bienenpathogenen *Chronic bee paralysis virus* (CBPV) (Risikogruppe 2) aufweisen. Die assemblierten Genomsegmente wurden zwei Viren zugeordnet, dem *Lake Sinai virus 1* (LSV1) und dem *Lake Sinai virus 2* (LSV2). Es handelt sich um Viren mit einem ss(+)-RNA-Genom, das im Gegensatz zum CBPV-Genom mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht-segmentiert organisiert ist und dabei einen oder zwei offene Leserahmen aufweist, die für eine RNA-abhängige RNA-Polymerase und für das Kapsid kodieren. Die Autoren schließen nicht aus, dass es sich bei den identifizierten Viren um die bereits elektronenmikroskopisch beschriebenen Viren *Bee virus X* und *Y* (Risikogruppe 2), *Arkansas bee virus* oder *Berkeley bee virus* handeln könnte, für die bisher keine Genom-Analysen vorliegen [1].

Während eine Infektion der Bienen mit dem LSV1 überwiegend in den Monaten Mai, Juli und August nachgewiesen werden konnte, war eine Infektion mit dem LSV2 in den Monaten Januar und April vorherrschend, den Monaten mit einem vermehrten CCD-Auftreten. Ein Krankheitsbild konnte bisher jedoch nicht mit einer LSV-Infektion verbunden werden [1-4]. In weiterführenden Studien zum Metagenom von Bienen wurden LSV-spezifische Nukleinsäureabschnitte in geringem Anteil (0,32 %) auch in europäischen Bienen nachgewiesen [3, 4].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV werden das *Lake Sinai virus 1* und *2* (LSV1 und 2) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Lake Sinai virus 1 und *2* sind erst kürzlich in Bienen entdeckte Viren mit einer Verbreitung in Europa und Amerika. Sie sind bisher nicht klassifiziert, zeigen aber Ähnlichkeiten zu dem ebenfalls nicht klassifizierten bienenpathogenen CBPV. Möglicherweise handelt es sich um die bereits elektronenmikroskopisch beschriebenen Viren *Bee virus X* oder *Y*, die gemäß § 5

Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV der Risikogruppe 2 zugeordnet sind. Zur Pathogenität und zu Übertragungswegen der Viren liegen bisher keine Informationen vor. Um einem geringen Gefährdungspotenzial entgegenzuwirken, werden die Viren vorsorglich der Risikogruppe 2 zugeordnet.

Literatur

1. **Runckel C, Flenniken ML, Engel JC, Ruby JG, Ganem D, Andino R, DeRisi JL** (2011). Temporal Analysis of the Honey bee Microbiome Reveals Four Novel Viruses and Seasonal Prevalence of Known Viruses, *Nosema*, and *Crithidia*. *PloS one* **6**(6):e20656.
2. **Cornman RS, Tarpy DR, Chen Y, Jeffreys L, Lopez D et al.** (2012). Pathogen webs in collapsing honey bee colonies. *PloS one* **7**:e43562.
3. **Ravoet J, Mharramov J, Meeus I, De Smet L, Wenseleers T, Smaghe G, de Graaf DC** (2013). Comprehensive Bee Pathogen Screening in Belgium Reveals *Crithidia mellificae* as a New Contributory Factor to Winter Mortality. *PloS one* **8**(8):e72443.
4. **Granberg F, Vicente-Rubiano M, Rubio-Guerri C, Karlsson OE, Kukielka D et al.** (2013). Metagenomic detection of viral pathogens in spanish honeybees: coinfection of *Aphid lethal paralysis*, *Israel acute paralysis* and *Lake sinai viruses*. *PloS one* **8**:e57459.