

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
Mammarenavirus tietense
als Spender- und Empfängerorganismus
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Mammarenavirus tietense (früher Tietê mammarenavirus) gehört innerhalb der Familie der *Arenaviridae* zum Tacaribe-Komplex des Genus *Mammarenavirus*. Das Genom des Virus besteht aus zwei Segmenten (L und S) einzelsträngiger *ambisense*-RNA mit einer Gesamtgröße von ca. 10,5 kb, welche insgesamt vier putative *open reading frames* enthalten [1].

M. tietense wurde erstmalig mithilfe von RT-PCR in Milz- und Lungenproben von zwölf augenscheinlich gesunden Fledermäusen der Spezies *Carollia perspicillata* (Brillenblattnasen) nachgewiesen, die im Jahr 2007 in der Nähe des Rio Tietê im brasilianischen Bundesstaat São Paulo gesammelt worden waren [1]. Phylogenetische Analysen zeigten, dass *M. tietense* am nächsten mit *Mammarenavirus tacaribeense* (früher: Tacaribe mammarenavirus) verwandt ist, wobei die 5'- und 3'-Enden der L- und der S-Genomsegmente jeweils nahezu identisch sind [1, 2].

Der Wirtsbereich von *M. tietense* ist noch unbekannt. Zudem konnte das Virus bislang nicht in Zellkultur isoliert und vermehrt werden, wobei auch Zelllinien getestet wurden, welche die Replikation des nah verwandten *M. tacaribeense* unterstützen [1]. Weitere Informationen zu Verbreitung, pathogenem Potenzial und möglichen Übertragungswegen von *M. tietense* liegen nicht vor. Für *M. tacaribeense* ist bekannt, dass es insbesondere bei experimentell infizierten Fruchtfledermäusen eine Erkrankung verursachen kann, die mit Flügel-, Ohren- und Kopfschütteln, Koordinationsstörungen und einem Verlust der Flugfähigkeit assoziiert ist und zum Tod der Tiere führen kann [3]. Zudem ist eine Laborinfektion mit *M. tacaribeense* beschrieben, die mit milden, grippeähnlichen Symptomen einherging [3].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV wird *Mammarenavirus tietense* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Da bislang nur sehr wenige Informationen zu *M. tietense* vorliegen, ist nicht auszuschließen, dass der Wirtsbereich des Virus neben Blattnasen weitere Tierarten und möglicherweise auch den Menschen umfasst. Aufgrund der engen Verwandtschaft zu *M. tacaribeense* ist jedoch lediglich von einem geringen Gefährdungspotenzial für Mensch und Tier auszugehen.

Literatur

1. **Bentim Góes LG, Fischer C, Almeida Campos AC, de Carvalho C, Moreira-Soto A, Ambar G, Ruckert da Rosa A, de Oliveira DC, Jo WK, Cruz-Neto AP, Pedro WA, Queiroz LH, Minoprio P, Durigon EL, Drexler JF.** (2022). Highly diverse arenaviruses in neotropical bats, Brazil. *Emerg Infect Dis* **28**(12):2528–33.
2. **de Sousa LLF, Sanz Duro RL, de Oliveira Vaz R, de Athayde CL, Martins JO, de Lima Slobosk BSS, Guilardi MD, Cabral-Miranda G, de Oliveira-Filho EF, Drexler JF, Ramos Janini LM, Durães-Carvalho R.** (2026). Integrated molecular and metatranscriptomic evidence of Tacaribe virus and the brain virome profile of *Molossus molossus* bat sampled in Brazil. *Microbiol Spectr*:e0196025.
3. **Cogswell-Hawkinson A, Bowen R, James S, Gardiner D, Calisher CH, Adams R, Schountz T.** (2012). Tacaribe virus causes fatal infection of an ostensible reservoir host, the Jamaican fruit bat. *J Virol* **86**(10):5791–9.