

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
Phlebovirus bogoriaense*, *Phlebovirus embossosense*, *Phlebovirus
kiborgochense*, *Phlebovirus ntepesense* und *Phlebovirus perkerraense
als Spender- oder Empfängerorganismen
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Die Viren *Phlebovirus bogoriaense* (BGRV; Synonym: Bogoria phlebovirus), *Phlebovirus embossosense* (EMBV; Synonym: Embossos phlebovirus), *Phlebovirus kiborgochense* (KBGV; Synonym: Kiborgoch phlebovirus), *Phlebovirus ntepesense* (NTPV; Synonym: Ntepes phlebovirus) und *Phlebovirus perkerraense* (PKEV; Synonym: Perkerra phlebovirus) gehören innerhalb der Ordnung *Bunyvirales* zur Familie *Phenuiviridae*. Das Genom der Viren besteht aus je drei ssRNA-Segmenten negativer Polarität mit einer Gesamtlänge von ca. 12 kb [1].

Die fünf Virusspezies wurden erstmalig zwischen 2014 und 2016 in Kenia aus Sandmücken der Gattung *Sergentomyia* isoliert [1, 2]. NTPV wurde auch aus Zecken der Spezies *Hyalomma truncatum* und *Rhipicephalus appendiculatus* isoliert [3]. Es ist anzunehmen, dass Sandmücken als Vektor und zugleich durch vertikale Transmission als Reservoir für die fünf Virusspezies dienen. Es liegen keine Daten zu akuten Infektionen beim Menschen für die fünf Virusspezies vor. Basierend auf untersuchten Blutproben einer Kohorte von 187 Personen sind ~14 % der kenianischen Bevölkerung seropositiv für NTPV [2]. Das Endemiegebiet von NTPV erstreckt sich über Kenia [2]. Aufgrund der Verwandtschaft zu humanpathogenen Viren der Familie *Phenuiviridae*, die milde Erkrankungen wie selbstlimitierendes Fieber auslösen, wird auch bei den fünf Virusspezies von einem geringen Risiko für die menschliche Gesundheit ausgegangen [1, 2, 4].

Die intrakranielle Verabreichung von 4×10^5 Plaque bildenden Einheiten NTPV in drei bis vier Tage alten Mäusen führte zu Lähmungen der Gliedmaßen und nach fünf bis acht Tagen zum Tod [2]. *In vitro* können Zellkulturen von Fledermaus, Huhn, Mensch, Maus, Rind, Schwein und Sandmücke produktiv mit NTPV infiziert werden [2]. Für BGRV, EMBV, KBGV und PKEV liegen keine Daten zum Gefährdungspotenzial, zum Wirtsbereich und zur Verbreitung vor.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV werden *Phlebovirus bogoriaense*, *Phlebovirus embossosense*, *Phlebovirus kiborgochense*, *Phlebovirus ntepesense* und *Phlebovirus perkerraense* als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Die fünf Virusspezies sind bisher wenig hinsichtlich ihres Wirtsspektrums sowie ihres human- und tierpathogenen Potenzials charakterisiert. Die Übertragung der Viren auf Tiere oder den Menschen erfolgt durch Sandmücken. Aufgrund der engen Verwandtschaft zu humanpathogenen Viren der Familie *Phenuiviridae*, die milde Erkrankungen bei Menschen auslösen, wird von einem geringen Risiko für die menschliche Gesundheit ausgegangen.

Literatur

1. **Marklewitz M, Tchouassi DP, Hieke C, Heyde V, Torto B, Sang R, Junglen S** (2020). Insights into the Evolutionary Origin of Mediterranean Sandfly Fever Viruses. *mSphere* **5**(5):1-12.
2. **Tchouassi DP, Marklewitz M, Chepkorir E, Zirkel F, Agha SB, Tigoi CC, Koskei E, Drosten C, Borgemeister C, Torto B, Junglen S, Sang R** (2019). Sand Fly-Associated *Phlebovirus* with Evidence of Neutralizing Antibodies in Humans, Kenya. *Emerg Infect Dis* **25**(4):681–90.
3. **Ogola EO, Kopp A, Bastos ADS, Slothouwer I, Omoga DCA, Osalla J, Sang R, Torto B, Junglen S, Tchouassi DP** (2023). *Phlebovirus* diversity in ticks from livestock in arid ecologies in Kenya. *Ticks Tick Borne Dis* **14**(1):1–9.
4. **Lambert AJ, Hughes HR** (2021). Clinically Important Phleboviruses and Their Detection in Human Samples. *Viruses* **13**(8):1–5.