



## Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung des Salem Virus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

### Salem Virus

Das Salem Virus (SaV) wurde aus dem Blut eines Pferdes isoliert, das zu der Pferdepopulation gehörte, die im Jahre 1992 simultan bei drei Pferderennbahnen in New Hampshire und Massachusetts erkrankte. Von 2221 Pferden waren 215 Tiere erkrankt. Als Krankheitssymptome wurden generell eine Erhöhung der Körpertemperatur und Ödeme an den Gliedmaßen festgestellt, sie konnten aber noch von weiteren Symptomen begleitet sein. Das schwerwiegendste Begleitsymptom stellte die Entzündung der Huflederhaut dar, die in einem Fall sogar eine Tötung des Tieres nach sich zog. Die Epidemie dauerte mehrere Wochen an und trat danach nicht mehr auf.

Das Pferd, aus dessen Blut SaV isoliert wurde, war selber nicht von der Krankheit betroffen. Die Untersuchung der erkrankten Pferde ergab, dass nur ungefähr die Hälfte seropositiv für SaV waren. In den Folgejahren konnte bei ähnlichen oder auch anderen Krankheitsbildern bei Pferden kein ursächlicher Zusammenhang mit einer SaV-Infektion festgestellt werden. Die experimentelle Infektion eines Fohlen mit SaV führte zu einer geringen Erhöhung der Körpertemperatur und zu einer geringfügigen Abnahme neutrophiler Granulozyten im Blut, das Krankheitsbild der Rennpferde von New Hampshire und Massachusetts wurde aber nicht reproduziert.

Zusammenfassend wird davon ausgegangen, dass das Auftreten der Pferdekrankheit in New Hampshire und Massachusetts im Jahre 1992 und die Isolierung von SaV nicht ursächlich zusammenhängen.

SaV gehört zur Familie der Paramyxoviridae, in der umhüllte Viren mit einem einzelsträngigen, linearen RNA-Genom negativer Polarität und einer Größe von 15-18 Kb zusammengefasst werden. Die Risikogruppen der Paramyxoviren reichen von Risikogruppe 2 bis 4. Die Nukleotidsequenz eines Gens zeigte 45% Homologie zum N-Proteingen von Morbilliviren, zu denen das Masernvirus (Risikogruppe 2) und Rinderpestvirus (Risikogruppe 4) zählen, und die Nukleotidsequenz eines weiteren Gens ergab eine Übereinstimmung mit der Anordnung der Leserahmen der P-, V- und C-Proteine von Morbilli- und Respiriviren, zu den letzteren zählt das Sendaivirus (Risikogruppe 2).

Serologische Untersuchungen ergaben, dass es weltweit vorkommt und normalerweise Pferde infiziert. Sein Zelltropismus in der Zellkultur ist breit und schließt humane Zellen ein.

### Bewertung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das Salem-Virus (SaV) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

### Begründung

SaV kommt weit verbreitet bei Pferden vor, *in vitro* weist es einen breiten Wirtstropismus auf, der humane Zellen einschließt. Eine natürlich auftretende Erkrankung, die durch SaV verursacht wird, wurde bislang nicht beschrieben. Das experimentell infizierte Fohlen zeigte nur milde Symptome. Von einer hohen Pathogenität ist nicht auszugehen. Jedoch kann eine geringe Pathogenität nicht ausgeschlossen werden, da das Virus noch nicht ausreichend charakterisiert ist.



Bundesamt für  
Verbraucherschutz und  
Lebensmittelsicherheit

## Literatur

Renshaw, R.W., Glaser, A.L., Campen H.V., Weiland, F., and Dubovi E.J. (2000).  
Identification and Phylogenetic Comparison of Salem Virus, a Novel Paramyxovirus of Horses.  
*Virology* 270, p. 417 – 429.

Glaser, A.L., Renshaw, R.W., Trock, S.C., Brady, R.C., and Dubovi, E.J. (2002).  
Isolation of Salem Virus, a Novel Equine Paramyxovirus, and assessment of its etiologic role in a disease outbreak.  
*Veterinary Microbiology* 87, p. 205 – 212.