

Empfehlung der ZKBS

zur Risikobewertung des *Thosea asigna virus* (TaV) als Spender- oder Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Das *Thosea asigna virus* (TaV) gehört zur Familie der *Tetraviridae*, welche sich in die Genera *Betatetravirus* (*type species: Nudaurelia capensis β virus*, NβV) und *Omegatetravirus* (*type species: Nudaurelia capensis ω virus*, NωV) unterteilt. Das Genom der *Tetraviridae* besteht aus zwei ssRNA-Molekülen positiver Polarität. Während das Genom der Omegatetraviren eine bipartite Organisation aufweist, besitzen die Betatetraviren ein genomisches und ein subgenomisches RNA-Segment. Das genomische Segment codiert für das Kapsidprotein und die RNA-Polymerase; eine weitere Kopie des Gens für das Kapsidprotein befindet sich auf dem subgenomischen RNA-Fragment. TaV wird aufgrund seiner Genomorganisation (6,5 kb genomisches Fragment, 2,5 kb subgenomisches Fragment) sowie aufgrund von phylogenetischen Analysen auf der Basis des Gens für das Kapsidprotein (35,7% Homologie zu NβV, 23,3% Homologie zu NωV) dem Genus *Betatetravirus* zugeordnet [1].

TaV wurde erstmalig 1978 in Malaysia aus den Raupen von *Setothosea asigna* (veraltet: *Thosea asigna*) isoliert [2], einem Schmetterling aus der Familie der Schneckenspinner (*Limacodidae*), welcher als Schädling auf Öl- und Kokospalmen lebt. *Tetraviridae* wurden bislang nur aus Vertretern der Ordnung *Lepidoptera* isoliert [3]. Der Wirtsbereich von TaV scheint sich innerhalb der *Lepidoptera* auf die Familie der *Limacodidae* zu beschränken. Die Infektion der Raupen mit TaV kann in Abhängigkeit von der Dosis und dem Entwicklungsstadium der Tiere tödlich verlaufen. Wie alle Tetraviren repliziert auch TaV bevorzugt in den Zellen des Mitteldarms und wird mit dem Kot ausgeschieden. Bei geringer Populationsdichte scheint hauptsächlich eine *trans ovum*-Übertragung stattzufinden, bei welcher die frisch geschlüpften Raupen Virus von der Eioberfläche aufnehmen. Tritt der Schmetterlingwirt in Schwärmen auf, so erfolgt die Übertragung der *Tetraviridae* vor allem durch die orale Aufnahme von Virus aus Insektenkot.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das *Thosea asigna virus* (TaV) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

Das *Thosea asigna virus* (TaV) hat ein sehr enges Wirtsspektrum, da es nur Schmetterlinge aus der Familie der *Limacodidae* infiziert. Das Virus kann bei seinem Wirt eine potentiell tödliche Erkrankung auslösen. In Mitteleuropa sind jedoch nur zwei Arten aus der Familie der *Limacodidae* verbreitet. Für diese beiden Arten ist bislang keine Suszeptibilität für TaV beschrieben.



Literatur

1. Pringle, F.M., Gordon, K.H.J., Hanzlik, T.N., Kalmakoff, J., Scotti, P.D., and Ward, V.K. (1999). A novel capsid expression strategy for *Thosea asigna* virus (Tetraviridae). *J Gen Virol* **80**:1855-1863.
2. Reinganum, C., Robertson, J.S., and Tinsley, T.W. (1978). A new group of RNA viruses from insects. *J Gen Virol* **40**:195-202.
3. Gordon, K.H.J., and Hanzlik, T.N. (1998). Tetraviruses. In: Miller, L.K., and Ball, L.A. (eds) *The insect viruses*. Plenum Press, New York, pp 269-299.