



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit

Empfehlung der ZKBS
zur Risikobewertung des neuartigen humanen Coronavirus hCoV-EMC als
Spender- oder Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten gemäß § 5
Absatz 1 GenTSV

Das neuartige humane Coronavirus hCoV-EMC gehört zur Familie der *Coronaviridae*. Das Genom von hCoV-EMC besteht aus einer einzelsträngigen RNA positiver Polarität mit einer Gesamtlänge von ca. 30,1 kb [1].

hCoV-EMC wurde erstmalig im Juni 2012 in Saudi-Arabien aus dem Sputum eines 60jährigen Mannes mit einer schweren Atemwegserkrankung isoliert [2,3]. Im September 2012 trat ein zweiter Fall einer Infektion mit dem neuartigen Virus bei einem 49jährigen Mann in Katar auf. Die Sequenzierung von sieben hochkonservierten Domänen aus dem Polymerase-Gen ergab, dass hCoV-EMC zum Genus Betacoronavirus gehört und am nächsten mit den Fledermaus-Coronaviren HKU4 und HKU5 verwandt ist (Nukleotidsequenzhomologie ca. 75 - 77 %) [4,5]. Zu bislang bekannten humanen Coronaviren und insbesondere zum SARS-CoV besteht nur eine entfernte Verwandtschaft [6,7]. Beide Isolate von hCoV-EMC sind nahezu identisch (Nukleotidsequenzhomologie auf der Basis eines 250 bp-Fragments aus dem Polymerase-Gen ca. 99,5 %) [4].

Bei beiden Patienten war die Infektion mit einer schweren Pneumonie und Nierenversagen assoziiert [4,7]. Als weitere Symptome traten zudem Husten, Fieber, Gelenk- und Muskelschmerzen auf. Einer der Patienten verstarb an der Infektion, der andere befindet sich weiterhin in intensivmedizinischer Betreuung und muss künstlich beatmet werden (Extrakorporale Membranoxygenierung) [4]. Bislang sind sieben weitere bestätigte Erkrankungsfälle in Katar, Jordanien und Saudi-Arabien mit einer vergleichbaren Symptomatik aufgetreten, von denen vier tödlich verlaufen sind [8]. Einer der drei Patienten, welche die Infektion überlebt haben, wurde in Deutschland in einer Speziallungenklinik in Nordrhein-Westfalen behandelt und konnte mittlerweile aus der Klinik entlassen werden.

Über das Wirtsspektrum von hCoV-EMC liegen bislang keine Informationen vor. *In vitro* können Vero- (Grüne Meerkatze) und LLC-MK2-Zellen (Rhesusaffe) produktiv infiziert werden [2]. Ein zoonotisches Potenzial kann aufgrund der engen Verwandtschaft zu den Fledermaus-Coronaviren nicht ausgeschlossen werden.

Coronaviren werden hauptsächlich durch Tröpfcheninfektion übertragen. Für das neuartige humane Coronavirus hCoV-EMC wäre somit ebenfalls eine Luftübertragung möglich. In Anbetracht eines Familienclusters von drei bestätigten Fällen in Saudi-Arabien ist zudem eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung nicht auszuschließen. Denkbar wäre jedoch auch, dass sich die Betroffenen unabhängig voneinander an einer Infektionsquelle angesteckt haben. Da im persönlichen Umfeld aller weiteren Patienten sowie beim medizinischen Betreuungspersonal bislang keine Fälle von Infektionen mit hCoV-EMC festgestellt wurden, ist jedoch allenfalls von einer geringen Effizienz der Übertragung auszugehen [8,9].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird das neuartige humane Coronavirus hCoV-EMC als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten zunächst der **Risikogruppe 3** zugeordnet.

Begründung

Das neuartige humane Coronavirus hCoV-EMC kann beim Menschen sehr wahrscheinlich eine schwere, potenziell tödliche Erkrankung auslösen, die mit Pneumonie und Nierenversagen assoziiert ist. Über das Wirtsspektrum von hCoV-EMC liegen noch keine Informationen vor, ein zoonotisches Potenzial kann jedoch nicht ausgeschlossen werden. Der Übertragungsweg von hCoV-EMC ist ebenfalls noch unbekannt. Möglicherweise wird das Virus wie andere Coronaviren durch Tröpfcheninfektion übertragen (ggf. auch von Mensch zu Mensch), vermutlich jedoch nur mit geringer Effizienz.

Literatur

1. GenBank: Human betacoronavirus 2c EMC/2012, complete genome. Accession number JX869059.1
2. ProMED-mail (2012). Novel coronavirus - Saudi Arabia: human isolate. Archive number: 20120920.1302733. Abrufbar unter: <http://www.promedmail.org/?p=2400:1000>
3. Zaki, A.M., van Boheemen, S., Bestebroer, T.M., Osterhaus, A.D.M.E., and Fouchier, R.A.M. (2012). Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *N Engl J Med* **367**:1814-1820.
4. Bermingham, A., Chand, M.A., Brown, C.S., Aarons, E., Tong, C., Langrish, C., Hoschler, K., Brown, K., Galiano, M., Myers, R., Pebody, R.G., Green, H.K., Boddington, N.L., Gopal, R., Price, N., Newsholme, W., Drosten, C., Fouchier, R.A., and Zambon, M. (2012). Severe respiratory illness caused by a novel coronavirus, in a patient transferred to the United Kingdom from the Middle East, September 2012. *Euro Surveill* **17**:pii=20290.
5. van Boheemen, S., de Graaf, M., Lauber, C., Bestebroer, T.M., Raj, V.S., Zaki, A.M., Osterhaus, A.D.M.E., Haagmans, B.L., Gorbalenya, A.E., Snijder, E.J., and Fouchier, R.A.M. (2012). Genomic characterization of a newly discovered coronavirus associated with acute respiratory distress syndrome in humans. *mBio* **3**:e00473-12.
6. CDC (2012). Morbidity and mortality weekly report. **61**:820.
7. ECDC (2012). Rapid risk assessment: Severe respiratory disease associated with a novel coronavirus. Abrufbar unter: <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/RRA-Novel-coronavirus-final20120924.pdf>
8. http://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/C/Corona/hCoV-EMC_26-11-2012.pdf?__blob=publicationFile
9. Pebody, R.G., Chand, M.A., Thomas, H.L., Green, H.K., Boddington, N.L., Carvalho, C., Brown, C.S., Anderson, S.R., Rooney, C., Crawley-Boevey, E., Irwin, D.J., Aarons, E., Tong, C., Newsholme, W., Price, N., Langrish, C., Tucker, D., Zhao, H., Phin, N., Crofts, J., Bermingham, A., Gilgunn-Jones, E., Brown, K.E., Evans, B., Catchpole, M., and Watson, J.M. (2012). The United Kingdom public health response to an imported laboratory confirmed case of a novel coronavirus in September 2012. *Euro Surveill* **17**:pii=20292.