
科学家揭示东非蝙蝠与啮齿动物的多种新型病毒

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26813.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

科学家揭示东非蝙蝠与啮齿动物的多种新型病毒。蝙蝠和啮齿动物更是在人畜共患病的传播中扮演着重要角色，如SARS冠状病毒、埃博拉病毒等均与其密切相关。在一带一路沿线部分国家和地区，由于公共卫生基础设施建设相对薄弱，传染病的监测和防控面临重大挑战。了解病毒在野生动物中的进化和传播方式，是预警、预防未来大流行病病毒的关键一步。

为此，来自中国科学院武汉病毒研究所、深圳华大生命科学研究院、昆士兰大学等单位的联合研究团队，在东非一带一路沿线国家肯尼亚和乌干达，对959只蝙蝠和372只啮齿动物进行了大规模的病毒组调查。基于华大智造T系列测序平台，研究团队通过宏转录组测序揭示了这些野生动物中的病毒多样性、重组和跨地域传播特征。4月10日，成果于《微生物组》发表。

研究团队共鉴定出251种与蝙蝠或啮齿动物感染相关的RNA或DNA病毒，其中87%为新病毒，揭示了东非地区病毒高度的多样性和独特性。值得关注的是，在埃及果蝠中发现了与人类二型副流感和人类软疣病毒相近缘的病毒。

这些发现不仅对理解此类病毒的起源有重要意义，也为研究其传播机制提供了关键线索。

一般而言，病毒需要有较高的基因组多样性，才能保证其在入侵不同宿主的细胞时有足够的适应能力。

研究显示，在蝙蝠和啮齿动物中，负责入侵宿主细胞的冠状病毒刺突蛋白和圆环病毒衣壳蛋白呈现出高度的多样性，且病毒与病毒之间发生了频繁的基因组重组，这可能解释了为何这些病毒能够在多种宿主间切换。

研究人员进一步分析揭示了病毒群落中频繁发生的重复突变、病毒种内不同基因型的共感染，以及地域间的病毒流动，这些因素共同催化形成了多样的自然病毒群落，为理解病毒如何在不同生态系统中传播提供了重要信息。

据了解，该研究依托于全球病原数据库计划，旨在从基因组层面检测和发现动物中可能感染人类的病原，在2026年底前，支持各科研团队共同获取至少5万份动物来源样本的病原基因组数据，鉴定新的人畜共患病原，识别病原分布热点和预测潜在的跨物种事件。

该研究为蝙蝠等重要自然疫源宿主病毒谱提供了全面的基因组和生态数据资源，团队将持续构建病原数据平台，汇交多种病原、野生动物和生态等多维度信息，为国家生物安全防控和自然疫源疫病监测预警提供大数据保障。文章第一作者、华大生命科学研究院副研究员王达希表示。（来

源：中国科学报 刁雯蕙)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s40168-024-01782-4>

作者：王达希等 来源：《微生物组》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发