

---

# 武汉病毒所等发现新型蝙蝠丝状病毒并鉴定其特征

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3684.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！**

武汉病毒所等发现新型蝙蝠丝状病毒并鉴定其特征。丝状病毒，尤其是埃博拉病毒(EBOV)和马尔堡病毒(MARV)，其致病性强和致死率高，被归为生物安全四级病毒。先前研究结果证实蝙蝠是MARV的自然宿主;而Lloviu病毒(LLOV)和邦巴利病毒(BOMV)的发现表明蝙蝠可能携带有更多新型丝状病毒。

日前，中国科学院武汉病毒研究所研究员石正丽团队联合杜克-新加坡国立大学医学院王林发团队对新发现的一株蝙蝠丝状病毒(命名为：勐腊病毒，MLAV)进行了特征鉴定，相关研究结果发表于Nature Microbiology(《自然-微生物学》)。

国内蝙蝠携带丝状病毒的研究起步相对较晚，2012年石正丽团队首次发文证实国内蝙蝠携带有丝状病毒的抗体(Yuan et al., Virology Journal, 2012)，2015年其他研究团队在云南地区的棕果蝠中发现了一段丝状病毒的序列，2017年石正丽团队在云南地区的果蝠中发现了遗传多样的新型丝状病毒的序列(Yang et al., Emerg Infect Dis, 2017)。基于前期研究结果，石正丽团队和王林发团队选取其中一株病毒进行了深入研究。首先通过高通量测序技术和传统PCR扩增了该病毒的基因组编码区序列，全长为18,330bp，同其他丝状病毒一样，该基因组顺序编码NP, VP35, VP40, GP, VP30, VP24和L基因。在基因组水平，该病毒同已知丝状病毒相似度为32%-54%，基于国际病毒分类委员会的分类标准，该病毒属于丝状病毒科新属、新种，命名为滇丝病毒属(Dianlovirus)勐腊病毒种(MLAV)。在遗传进化关系上，MLAV更接近于MARV，因为其GP基因不存在翻译移码。通过CRISPR-Cas9技术证实了MLAV同其他丝状病毒一样利用尼曼匹克C1(NPC1)为受体。基于最小基因组技术，证实了MLAV的复制酶系统可以同EBOV和MARV互换。同时MLAV的假病毒可以入侵多种宿主来源的细胞，表明MLAV存在跨种感染的风险。

该研究进一步证实了蝙蝠是多种病原的自然宿主，为了降低跨种感染的风险，要减少对野生蝙蝠的接触。石正丽长期聚焦于野生动物新病原的发现，致力于在病毒传播到人群之前发现它们，并评估其致病性。武汉病毒所副研究员杨兴姿和Duke-Nus医学院博士后Tan Chee Wah为论文共同第一作者，石正丽和王林发为论文通讯作者。该研究得到中科院先导项目、新加坡MINDEF项目的支持。

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](http://www.iikx.com)转发