



面向世界科技前沿,面向国家重大需求,面向国民经济主战场,率先实现科学技术跨越发展,率先建成国家创新人才高地,率先建成国家高水平科技智库,率先建设国际一流科研机构。——中国科学院办院方针



近三千种动物与病毒关系数据库建成

蝙蝠携带的人畜共患病毒最多

文章来源: 科技日报 张梦然 发布时间: 2017-06-22 【字号: 小 中 大】

我要分享

英国《自然》杂志6月20日发表了一项病毒学重要研究成果:美国科学家利用创建的庞大数据库,分析了动物携带多种病毒传人的可能性。该研究识别了影响病毒能否由动物传播给人类的重要因素,并给出最有可能对人类健康构成新威胁的地理位置,以及哺乳动物物种的图谱。

人类免疫缺陷病毒(HIV)、埃博拉病毒和严重急性呼吸综合征(SARS)等大多数新发人类传染病,其实源于野生哺乳动物,因此,需要特别警惕人畜共患病毒。预测哪些病毒最有可能由动物传染给人类,非常有助于卫生项目监控新发疾病,预防未来的疫情暴发。

此次,生态健康联盟的研究人员,创建并分析了一个包含2800多种哺乳动物-病毒关系的数据库,该数据库增进了人类对人畜共患病毒跨物种传染影响因素的理解。在他们分析的586种病毒中,263种(占44.8%)曾在人类中被检测出来;188种(占人类病毒的71.5%)病毒属于人畜共患病毒,即至少曾在人类和其它哺乳动物中各检出过一次的病毒

研究人员发现,人畜共患病毒从宿主物种传播到人类的风险,随着动物与人类的亲缘关系、与人接触的机会和病毒性状的不同而有所不同。其中,蝙蝠携带的人畜共患病毒最多,其次是灵长类动物和啮齿类动物。

在预测人畜共患病毒的地理热点时,团队发现,宿主不同,病毒的地理模式也不同。例如,来自蝙蝠的人畜共患病毒在南美洲、中美洲和亚洲一些地区最普遍;而来自灵长类动物的病毒往往集中在中美洲、非洲和东南亚;来自啮齿类动物的病毒则多见于南北美洲和非洲中部。

论文作者总结称,以上结果将能协助全球病毒发现项目去识别新型人畜共患病毒,并评估它们对人类健康的潜在威胁。

(责任编辑:侯茜)

热点新闻

2018年诺贝尔生理学或医学奖、...

- “时代楷模”天眼巨匠南仁东事迹展暨塑...
- 中科院A类先导专项“泛第三极环境变化与...
- 中国科大建校60周年纪念大会举行
- 中科院召开党建工作推进会
- 中科院党组学习贯彻习近平总书记在国...

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【新闻直播间】物种演化新发现 软舌螺与腕足动物有亲缘关系

专题推荐

