



Science: 新研究表明新冠病毒可在水貂和人类之间双向传播

编译者: hujm 发布时间: 2020-11-11 点击量: 237 来源栏目: 科技动态

相同栏目

- 1 默克Amnis重
- 2 STM: 科学
- 3 研究发现充
- 4 俄罗斯研发
- 5 Cancer Res:
- 6 HIV潜伏在大
- 7 Nature: 开
- 8 多项临床研
- 9 Immunity:
- 10 JBC: 靶向组

热门资源

- 1 WHO警告 “
- 2 Nature Gen
- 3 美首次批准
- 4 武汉文献情
- 5 应对超级细
- 6 Nature: 科
- 7 世界首个3D
- 8 美DARPA为
- 9 澳大利亚抗
- 10 武汉文献情

在一项新的研究中,来自荷兰鹿特丹大学医学院等多家研究机构的研究人员对荷兰16个水貂养殖场爆发疫情的SARS-CoV-2冠状病毒的全基因组测序显示,这种病毒在人与水貂之间以及水貂与人之间传播。相关研究结果于2020年11月10日在线发表在Science期刊上,论文标题为“Transmission of SARS-CoV-2 on mink farms between humans and mink and back to humans”。

这些作者说,这种病毒最初是从人类传入的,此后又不断进化。他们写道,“在水貂和其他鼬科动物物种中进行更多的研究对于了解这些物种是否有可能成为SARS-CoV-2的储存库非常重要。”

虽然已经有几种动物被证明对SARS-CoV-2易感,但是SARS-CoV-2大流行的人畜共患源仍然未知。在荷兰,2020年4月底,两个水貂养殖场首次被诊断出存在这种病毒。为此,荷兰启动了针对人畜共患疾病的国家应对系统,并建立了广泛的监测系统。

在这项新的研究中,Bas B. Oude Munnink等人在荷兰首批16个发生感染的水貂养殖场中进行了深入调查。他们的分析结合了SARS-CoV-2诊断、全基因组测序和对农场工人的深入访谈。

截至6月底,在97名接受测试的水貂养殖场居民、雇员和/或接触者中,有66人(68%)存在SARS-CoV-2感染的证据。对这些养殖场的水貂病毒基因组的分析显示了这种病毒的基因组序列存在多样性。这些作者说,这些规模较大的聚集性疫情是由携带D614G突变的SARS-CoV-2病毒的人类COVID-19病例引起的。

测序还显示,一些人感染了具有动物序列特征的SARS-CoV-2毒株,从而提供了动物向人类传播的证据。进一步的分析表明,这种病毒没有外溢到生活在水貂养殖场附近的人。

这些作者写道,“当务之急是毛皮生产和贸易不应成为未来SARS-CoV-2外溢到人类的储存库。”

原文题目 Science: 新研究表明新冠病毒可在水貂和人类之间双向传播

原文来源 https://www.eurekalert.org/pub_releases/2020-11/aaft-itn111020.php,
<https://news.bioon.com/article/6780739.html>

上一篇: [利用CRISPR/Cas9基因编辑技术创制出...](#)

下一篇: [俄拟用液体呼吸技术治疗新冠肺炎](#)

提供服务: [导出本资源](#)