

科学家在蝙蝠体内找到猪致命性冠状病毒的起源

Chinese Scientists Revealed the Origin of an HKU2-related Coronavirus in Bat



王林发教授、石正丽教授、童贻刚教授、马静云教授（从左至右）

【Nature 系列】4月4日，《Nature》期刊发表了一篇题为“Fatal Swine Acute Diarrhea Syndrome Caused by an HKU2-related Coronavirus of Bat Origin”的文章，揭示了一种新型的蝙蝠来源的冠状病毒——SADS 冠状病毒（swine acute diarrhea syndrome coronavirus, SADS-CoV）。这一研究由中国科学院武汉病毒研究所、军事科学院军事医学研究院微生物流行病学研究所、华南农业大学、新加坡 DUKE-NUS 新发传染病研究所和美国生态联盟合作完成。

2016年10月底，广东清远一种猪场暴发仔猪致死性疾病，发病仔猪表现为严重急性腹泻、呕吐、体重迅速下降，5日龄以下的仔猪死亡率高达90%。其他三个猪场随后也出现了疫情。截至2017年5月，共造成24693头仔猪死亡。根据临床症状，研究人员对病猪样本进行了猪流行性腹泻病毒、传染性胃肠炎病毒等已知猪腹泻相关病毒的检测。然而在疾病暴发高峰期，所有病毒检测结果均为阴性，表明该疾病是一种新发疾病。随后，对肠道样本的高通量测序结果、病毒分离和感染实验证实，该疾病的病原是一种冠状病毒，将其命名为猪急性腹泻综合征冠状病毒，简称SADS冠状病毒。

对SADS冠状病毒的基因组序列分析为寻找病毒的来源提供了线索：SADS病毒与2007年香港大学首次发现的蝙蝠冠状病毒HKU2基因组序列高度相似，全长序列一致性达95%，但囊膜蛋白（S蛋白）的氨基酸序列一致性只有86%。这表明HKU2虽不是SADS冠状病毒的直接祖先，但两者在遗传进化上关系相近，暗示SADS冠状病毒来源于蝙蝠。进一步研究发现，这次仔猪腹泻疫情的SADS冠状病毒来源于蝙蝠HKU2相关冠状病毒的跨种传播。

SADS冠状病毒的发现与溯源研究证实蝙蝠携带的某些冠状病毒可跨种传播至家畜并造成严重疾病。针对蝙蝠持续开展冠状病毒的监测，发现、鉴定对人畜健康构成潜在威胁的蝙蝠冠状病毒，对于防控新发传染病、保障畜牧业生产安全具有重要意义。

武汉病毒研究所周鹏研究员、军事科学院军事医学研究院范航助理研究员、华南农业大学蓝天副教授为文章并列第一作者，武汉病毒研究所石正丽研究员、军事科学院军事医学研究院童贻刚教授、华南农业大学马静云教授、新加坡DUKE-NUS新发传染病研究所王林发院士和美国生态联盟（Ecohealth Alliance）Peter Daszak为共同通讯作者。参加单位还包括泰山医学院、广东生物资源应用研究所、武汉大学公共卫生学院、广东实验动物监测所和华北理

工大学。



Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin

蝙蝠体内存在引起仔猪致死性腹泻疫情的冠状病毒源头

武汉病毒研究所石正丽研究员、军事科学院军事医学研究院童贻刚教授、华南农业大学马静云教授

2018年4月4日

<https://doi.org/10.1038/s41586-018-0010-9>

Cross-species transmission of viruses from wildlife animal reservoirs poses a marked threat to human and animal health¹. Bats have been recognized as one of the most important reservoirs for emerging viruses and the transmission of a coronavirus that originated in bats to humans via intermediate hosts was responsible for the high-impact emerging zoonosis, severe acute respiratory syndrome (SARS)^{2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10}. Here we provide virological, epidemiological, evolutionary and experimental evidence that a novel HKU2-related bat coronavirus, swine acute diarrhoea syndrome coronavirus (SADS-CoV), is the aetiological agent that was responsible for a large-scale outbreak of fatal disease in pigs in China that has caused the death of 24,693 piglets across four farms. Notably, the outbreak began in Guangdong province in the vicinity of the origin of the SARS pandemic. Furthermore, we identified SADS-related CoVs with 96–98% sequence identity in 9.8% (58 out of 591) of anal swabs collected from bats in Guangdong province during 2013–2016, predominantly in horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) that are known reservoirs of SARS-related CoVs. We found that there were striking similarities between the SADS and SARS outbreaks in geographical, temporal, ecological and aetiological settings. This study highlights the importance of identifying coronavirus diversity and distribution in bats to mitigate future outbreaks that could threaten livestock, public health and economic growth.