

TISKOVÁ ZPRÁVA

Brno 18. dubna 2023

Akademie věd ČR
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1
www.avcr.cz

MAMMARENAVIRY A KDE JE U HLODAVCŮ NAJDEME: PROČ ROZČLENĚNÍ NA DRUHY NESTAČÍ

Rozšíření mammarenavirů je závislé na geografickém rozšíření jejich hostitelských druhů, ukázala studie vedená výzkumníky z Univerzity v Antverpách, Ústavu biologie obratlovců AV ČR a Sokoine University of Agriculture v Tanzanii. Vědci zjistili, že u jednoho hlodavčího hostitele se vyskytují geneticky odlišné populace, které mají své specifické viry a nemohou si je navzájem předávat. Genetická struktura hostitelů tak může být klíčová pro porozumění tomu, v jakých geografických oblastech lze určitě viry očekávat.

Mezinárodní vědecký tým prozkoumal v Tanzanii 1225 hlodavců a rejsků na přítomnost RNA mammarenavirů, což je rod virů, který patří do čeledi *Arenaviridae*. Tyto viry jsou převážně spojovány s hlodavci, ale některé jsou schopny způsobovat nemoci i člověka (např. horečka Lassa nebo lymfocytární meningitida, LCMV).

„V Africe se vyskytuje mnoho různých druhů malých savců s variabilní genetickou strukturou a zeměpisným rozšířením. Některé z nich se vyskytují pouze na jednom jediném místě na světě, tzv. endemiti, kdežto jiné druhy najdeme třeba v celé subsaharské Africe. V případě široce rozšířených druhů bývají jednotlivé populace evolučně rozrůzněny (říkejme jim třeba poddruhy), což může mít nečekaný dopad pro šíření jejich patogenů, například virů,“ vysvětluje Josef Bryja z Ústavu biologie obratlovců AV ČR (ÚBO AV ČR), spoluautor článku a vědec, který se dlouhodobě věnuje studiu biodiverzity hlodavců v Africe.

Tanzanie, krysa a různé mammarenaviry

Výzkum probíhal v Tanzanii, klíčové biogeografické křižovatce východní Afriky, kde se potkává mnoho druhů drobných savců. *„Předchozí výzkum našeho týmu identifikoval místní ‚hot spot‘, tedy místo s vysokou diverzitou, kde lze u stejného druhu hlodavců najít až tři různé mammarenaviry na poměrně malém území,“* říká vědkyně Joëlle Goüy de Bellocq, vedoucí týmu z ÚBO AV ČR.

V předchozích studiích vědci prokázali, že distribuce různých mammarenavirů může být vysvětlena genetickou strukturou krysy mnohobradavkové (*Mastomys natalensis*). *„Různé populace (neboli poddruhy) tohoto druhu hlodavce nesou svůj vlastní mammarenavirus. Krysy mnohobradavkové jsou*

jedním z nejrozšířenějších a nejhojnějších afrických hlodavců. Obvykle žijí v těsné blízkosti lidí na polích, a dokonce i uvnitř domů. Jedná se o významného škůdce místních plodin a rovněž hostitele pro různé patogeny," vysvětluje hlavní autorka článku Laura Cuypers.

Jedním z těchto patogenů je virus Lassa, který se vyskytuje pouze v západní Africe, kde každoročně infikuje stovky tisíc lidí a asi 5 000 způsobí smrt. „U mammarenavirů přenášených krysou mnohobradavkovou v Tanzanii není známo, že by infikovaly lidi a způsobovaly nějaké onemocnění. V této studii jsme se zaměřili na možný přenos mammarenavirů mezi různými druhy, které se spolu s krysou mnohobradavkovou v Tanzanii vyskytují, a zejména na roli populační struktury uvnitř těchto druhů,“ doplňuje Laura Cuypers.

Jednotlivé druhy hlodavců mají své vlastní viry

Během dlouholetého výzkumu vědci analyzovali 1225 vzorků hlodavců a rejsků z Tanzanie. Mammarenaviry vědci odhalili v šesti vzorcích hlodavců, kteří patřili ke dvěma druhům: (*Mus minutoides*) a (*Grammomys surdaster*). „Genetické analýzy potvrdily, že se nejednalo o přenos virů z krysy mnohobradavkové. Z podobnosti sekvencí těchto virů s ostatními známými mammarenaviry vyplynulo, že jednotlivé druhy mají své specifické, vlastní viry. Navíc, podobně jako u mammarenavirů přenášených krysou mnohobradavkovou, je i v tomto případě přenos virů vázán na určité poddruhové taxony, které vypadají na první pohled stejně, ale liší se geneticky,“ říká Joëlle Goüy de Bellocq.

„ *Správná identifikace hostitelů mammarenavirů a jejich distribuce tak může pomoci porozumět tomu, kde a od kterých hlodavců se lidé mohou nakazit.* ”

Studování genetické struktury drobných savců může být klíčové pro pochopení specifičnosti hostitele viru a jeho následného rozšíření. „I když viry popsané v této studii nejsou doposud známy jako patogenní pro člověka, naše výsledky je možné využít i pro pochopení přenosu jiných mammarenavirů, které pro člověka infekční jsou. Správná identifikace hostitelů mammarenavirů a jejich distribuce tak může pomoci porozumět tomu, kde a od kterých hlodavců se lidé mohou nakazit,“ uzavírá Joëlle Goüy de Bellocq.

Studie shrnuje výsledky více než desetiletého bádání, které byly publikovány v časopise *Virology*.

„ *Taxonomická jednotka je klasifikace založená na základě genetických a morfologických charakteristik. Například řád hlodavců se následně dělí na podřády, nadčeledi, čeledi, podčeledi, kmeny, rody a druhy. Kromě toho mohou být použity i vnitrodruhové taxony, jako jsou poddruhy, k dalšímu rozlišení mezi skupinami jedinců pod úrovní druhu. Tyto klasifikace jsou důležité pro pochopení genetické struktury a evoluční historie populací hlodavců a jejich asociaci s konkrétními patogeny, jako jsou mammarenaviry, které mohou mít významný dopad na veřejné zdraví.* ”

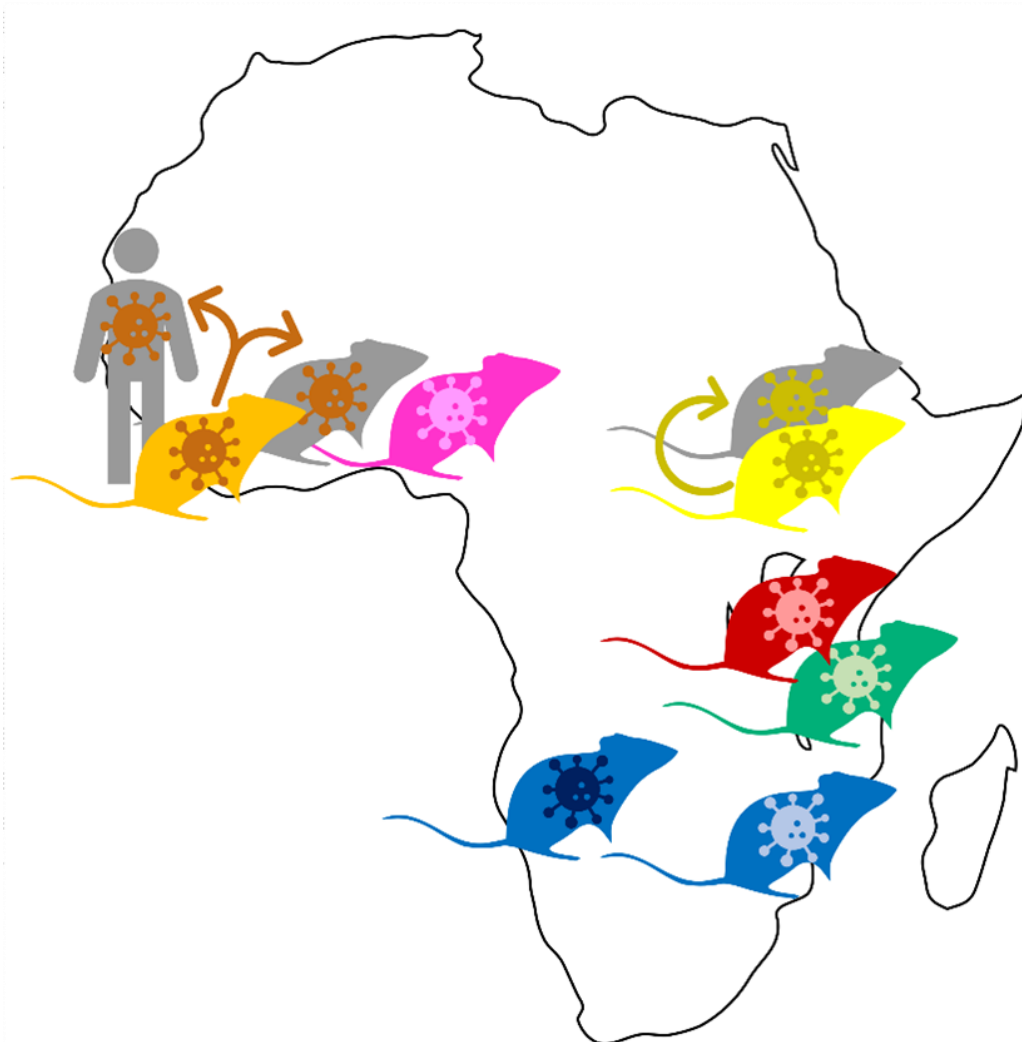
Více informací: **Joëlle Goüy de Bellocq** (anglicky)
Ústav biologie obratlovců AV ČR
joellegouy@gmail.com

Josef Bryja
Ústav biologie obratlovců AV ČR
bryja@ivb.cz
+420 776 087 741

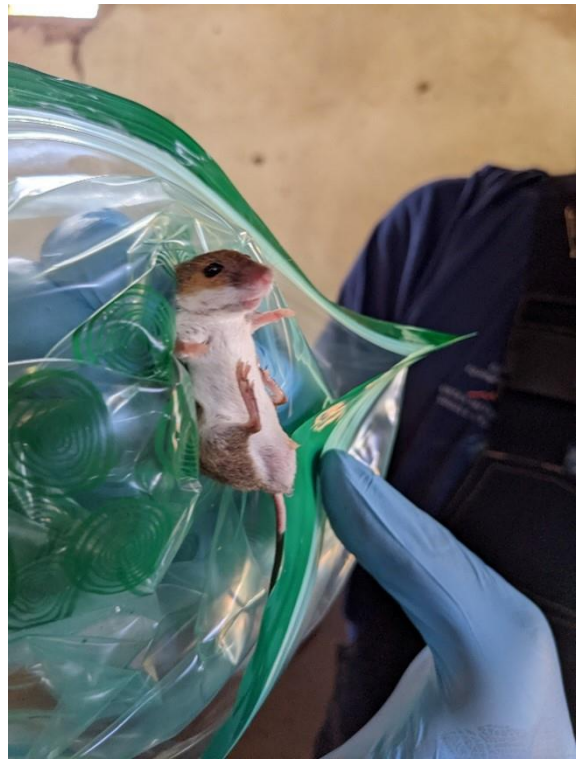
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2023.02.014>

Fotogalerie:

© Laura Cuypers, Joëlle Goüy de Bellocq, Tatiana Aghová, archiv ÚBO



Různé taxony jednoho druhu hlodavce mohou nést odlišné mammarenaviry. Toto schéma ukazuje šest taxonů krysy mnohobradavkové, z nichž každý nese odlišný virus. „Modrý taxon“ v jižní Africe dokonce nese dva různé mammarenaviry. V této studii nebyl zjištěn přenos „červené, zelené a tmavě modré varianty viru“ na jiné „šedé“ druhy hlodavců v Tanzanii, ale virus ze „žlutého taxonu“ byl zjištěn v jiných druzích rodu Mastomys v Etiopii. Virus Lassa v „oranžovém taxonu“ v západní Africe byl zjištěn u několika dalších druhů hlodavců a může rovněž infikovat člověka.



Josef Bryja a Mus minutoides, jeden z nejmenších savců vůbec (Mount Kei, Uganda)



Grammomys dryas (Bwindi, Uganda)



Mastomys natalensis, krysa mnohobradavková (Hembeti, Tanzanie)



Tým Joëlle Göüy de Bellocq plánuje terénní práce na Univerzitě Sokoine (Morogoro, Tanzania), zleva: Tatiana Aghová, Edita Bendová, Laura Cuypers (hlavní autorka publikace), Christopher Sabuni (spoluautor); vpředu: Joëlle Göüy de Bellocq (vedoucí týmu)



Pokládání pastí v terénu (Ludilu, Tanzanie), nahoře: Christopher Sabuni (spoluautor), dole: Laura Cuypers



Západ slunce v Tanzanii



Laura Cuypers (hlavní autorka publikace) pokládá pasti kolem poliček v Tanzanii.



Polní laboratoř (Ukange, Tanzanie), zleva: Laura Cuypers, Tatiana Aghová, Christopher Sabuni (spoluautor), Khalid Kibwana, Edita Bendová



Zemědělská krajina v podhůří Livingstone Mountains (Ludilu, Tanzanie)



Sběr živolvných pastí, zleva: Christopher Sabuni (spoluautor) a Tatiana Aghová, dále místní lidé.



Zpracování vzorků v polní laboratoři (Tanzanie), zleva: Martijn van den Burg (spoluautor), Laura Cuypers (hlavní autorka publikace), Christopher Sabuni (spoluautor), Radovan Smolinsky, Zuzana Hladlovská, Khalid Kibwana



Tým v terénu. Zleva: Masudi (řidič), Christopher Sabuni (spoluautor), Tatiana Aghová, místní studentka, Edita Bendová, místní student, Laura Cuypers (hlavní autorka článku); vepředu Khalid Kibwana



Zpracování vzorků v polní laboratoři (Tanzanie), zleva: Radovan Smolinsky, Laura Cuypers, Zuzana Hladlovská, Khalid Kibwana, Martijn van den Burg



Sběr pastí



Živolovná past s běložubkou