

# Mammarenaviry a kde je u hlodavců najdeme: proč rozčlenění na druhy nestačí

18.4.2023 - | Ústav biologie obratlovců Akademie věd ČR

**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 určité 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 setkává 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 Gouy de Bellocq, vedoucí týmu z ÚBO AV ČR.

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

Studování genetické struktury drobných savců může být klíčové pro pochopení specifčnosti 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.

<https://www.ivb.cz/aktuality/mammarenaviry-a-kde-je-u-hlodavcu-najdeme-proc-rozcleneni-na-druhy-nestaci>