DOI:10.13210/j.cnki.jhmu.20211101.002
网络出版地址:https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1049.R.20211101.1506.004.html

沙粒病毒的研究进展

黎优优[1,2,3],王高玉[1,2,3],黄 艺[1,2,3],彭箬岩[1,2,3],唐川宁[1,2,3],吕 刚[1,2,3],尹飞飞[1,2,3],杜 江[1,2,4]✉
(1.海南医学院热带转化医学教育部重点实验室,海南 海口 571199;2.海南医学院-香港大学热带传染病联合实验室,海南 海口 571199;3.海南医学院病原生物学系,海南 海口 571199;4.国家卫生健康委员会病原系统生物学重点实验室,病原生物学研究所,中国医学科学院&北京协和医院,北京 100005)

[摘要] 沙粒病毒属于小RNA病毒科,可以通过多种方式感染人类并导致不同程度的疾病病死率。沙粒病毒主要以啮齿类动物为宿主,人类致病性沙粒病毒包括引起人类淋巴细胞脉络丛脑膜炎的淋巴细胞脉络丛脑膜炎病毒和导致人类出血性疾病的拉沙热病毒和塔卡里伯病毒群。啮齿动物约占哺乳动物种类的43%,目前在啮齿目动物体内发现30余种高致病性的病毒,其中就包括沙粒病毒。啮齿类动物主要受到沙粒病毒科的哺乳动物沙粒病毒属的感染。本文对沙粒病毒的基因蛋白结构、临床特点、流行病学情况和预防控制等做一综述,为沙粒病毒的研究和预防机制建立提供参考。

[关键词] 沙粒病毒;啮齿目动物;动物源性病原体;传染病
[中图分类号] R373 [文献标识码] A [文章编号] 1007-1237(2023)13-1027-05

Research progress and prospects of arenavirus

LI You-you[1,2,3], WANG Gao-yu[1,2,3], HUANG Yi[1,2,3], PENG Ruo-yan[1,2,3], TANG Chuan-ning[1,2,3], LU Gang[1,2,3], YIN Fei-fei[1,2,3], DU Jiang[1,2,4]✉
(1. *Key Laboratory of Tropical Translational Medicine of Ministry of Education, Hainan Medical University, Haikou* 571199, *China*; 2. *Hainan Medical University-The University of Hong Kong Joint Laboratory of Tropical Infectious Diseases, Hainan Medical University, Haikou* 571199, *China*; 3. *Department of Pathogen Biology, Hainan Medical University, Haikou* 571199, *China*; 4. *NHC Key Laboratory of Systems Biology of Pathogens, Institute of Pathogen Biology, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing* 100005, *China*)

[*Foundation Project*]: *Hainan Provincial Higher Education Science Research Project* (*Hnky* 2020-33); *Key Research and Development Plan of Hainan Province* (*ZDYF*2020150); *Major Science and Technology Project of Hainan Province* (*ZDKJ*202003); *National Natural Science Foundation of China* (32060015); *High level Talent Program of Hainan Natural Science Foundation* (2019*RC*218); *Hainan Academician Innovation Platform Project* (*YSPTZX*202004); *Hainan Academician Workstation Project* (*SRC*200003)

[*Author*]: *LI You-you, E-mail: liyouyou*183@163.*com.*
[*Correspondence to*]: *DU Jiang, PhD, Associate Researcher, E-mail: dujiangemail@qq.com.*

Received: 2021-06-19 *Revised*: 2021-10-27 *JHMU*, 2023;29(13):1027-1031

View from specialist: It is creative, and of certain scientific and educational value.

[ABSTRACT] Arenaviruses belong to the family of RNA viruses that can infect humans in various ways and cause different degrees of mortality. Rodents is the mainly hosts. Human pathogenic arenaviruses include lymphocytic choroid meningitis, Lassa virus group and Takarib virus group, which cause human lymphocytic choriomeningitis and human hemorrhagic diseases. Rodents account for about 43% of mammalian species. At present, more than 30 highly pathogenic viruses have been found in rodents, including arenaviruses. The arenaviridae that infects rodents are mainly mammalian arenaviruses. This article reviews the etiology, clinicopathology, epidemiology, prevention and control of arenavirus, and provides references for the research and prevention of

[基金项目]海南省高等学校科学研究项目(Hnky2020-33);海南省重点研发计划(ZDYF2020150);海南省科技重大专项(ZDKJ202003);国家自然科学基金资助项目(32060015);海南省自然科学基金高层次人才项目(2019RC218);海南省院士创新平台项目(YSPTZX202004);海南省院士工作站项目(SRC200003)

[作者简介]黎优优,E-mail:liyouyou183@163.com。
[通讯作者]杜江,博士,副研究员,E-mail:dujiangemail@qq.com。

[收稿日期]2021-06-19 [修回日期]2021-10-27 网络出版时间:2021-11-02 11:15:42

arenavirus.

[KEYWORDS] *Arenavirus*; Rodents; Animal-borne pathogens; Infectious diseases

沙粒病毒科(*Arenoviridae*)为单股负链分节段的RNA,沙粒病毒(*Arenavirus*)主要在西非和南美洲流行,可以跨越物种屏障从其啮齿类宿主传播给人类从而导致疾病,症状表现从轻度流感样综合征到严重和致命的人畜共患出血热。2008年玻利维亚宣布全国进入“卫生紧急状态”,起因是检测出的一种叫查帕雷病毒的沙粒病毒感染造成了3人死亡[1]。沙粒病毒中危害最为严重的拉沙热病毒在西非肆虐,爆发率和死亡率较高,对国家的公共健康安全、社会的稳定和经济的发展带来重大风险。沙粒病毒的调节主要与核蛋白(nucleoprotein, NP)和基质蛋白(matrix, Z)有关,这两种蛋白通过靶向调节多种细胞代谢途径,控制抗病毒免疫应答,因此它们是抗病毒药物开发中和病毒感染过程的重要靶点[2]。

啮齿类动物属于哺乳纲真兽亚纲中的啮齿目,啮齿目包括5个亚目,包括松鼠形亚目、豪猪亚目、河狸亚目、鳞尾松鼠亚目和鼠型亚目[3]。目前,世界上现存的啮齿动物有35个科、389属、约2 700种,占哺乳动物总数的43%,是地球上最大的哺乳动物种群[4]。啮齿动物分布广、物种多、繁殖能力强、多群迁徙的生存特点给它们提供了许多和人类互动接触的机会,例如直接接触动物体、动物粪便,或者间接方式,例如接触被啮齿类动物污染的水源,两种接触方式导致疾病的传播。国内外研究人员已经鉴定出30多种存在在啮齿类动物中并能够感染人类的病毒[5,6],研究结果中显示,沙粒病毒是造成危害最大且影响深远的病原体之一。

1 沙粒病毒基因组结构及特征

沙粒病毒是球型的、直径为50～300 nm的病毒颗粒,它的包膜蛋白含有的密集的脂类,沙粒病毒基因组包含至少2条单负义链RNA片段,整个基因组约10.5 kb[7]。S片段编码NP核蛋白和糖蛋白前体,它们被进一步剪切成G1和G2包膜蛋白,L片段编码病毒RNA依赖的RNA聚合酶L蛋白和具有转录调控功能的Z蛋白[7]。此外两栖类动物沙粒病毒基因组还包含M片段,但缺少Z蛋白编码基因[8]。沙粒病毒有五种结构蛋白,主要是核蛋白N、G1蛋白、G2蛋白、L蛋白和Z蛋白,各蛋白受其编码基因调控,含量最多的核蛋白N受S段调控,可形成结构紧密的核蛋白复合物[9]。

2 沙粒病毒分类及相关疾病

ICTV在2020年会议上更新了病毒分类报告,其中沙粒病毒科被归入布尼亚病毒目。沙粒病毒科共有50种病毒,包含以下4个属,分别是鳐鱼病毒属、哺乳动物沙粒病毒属(*Mammarenavirus*)、哈曼特病毒属(*Hartmanivirus*)和爬行动物沙粒病毒属(*Reptarenavirus*),各属感染的主要宿主不同,*Antennavirus*主要感染鳐鱼类,*Hartmanivirus*和*Reptarenavirus*主要感染蛇类,*Mammarenavirus*主要感染啮齿类动物[10]。目前的研究发现,导致人类感染沙粒病毒发生疾病的沙粒病毒主要分为两个群,分别是淋巴细胞脉络丛脑膜炎-拉沙病毒群(LCMV-LASV Complex,大陆沙粒病毒)和塔卡里伯病毒群(Tacaribe Complex,新大陆沙粒病毒),前者主要包括拉沙病毒(lassa virus, LASV)、淋巴细胞脉络丛脑膜炎病毒(lymphocytic choriomeningitis virus, LCMV),分别引起人类淋拉沙热和淋巴细胞脉络丛脑膜炎,后者主要包括呼宁病毒(junin virus, JUNV)、瓜纳瑞托病毒(guanarito virus, GTOV)、马秋博病毒(machupo virus, MACV)等,该群能引起人类出血性疾病[11]。啮齿动物宿主感染后长期携带病毒,可污染水和食物或通过粪便形成气溶胶传播,感染人类及其它灵长类哺乳动物,通常会引起严重的传染病暴发[12]。

3 沙粒病毒致病机制及流行病学背景

3.1 沙粒病毒主要致病机制

NP和Z病毒蛋白是形成宿主抗病毒机制的主要因素,沙粒病毒利用宿主细胞机制来对抗宿主防御。具有显著多功能的病毒蛋白NP和Z已经进化出不同的协同机制来逃避病毒感染诱导的抗病毒状态,这两种蛋白都能够抵抗转铁蛋白受体1介导的Ⅰ型干扰素的产生,从而抑制蛋白的表达,从而抑制先天免疫反应[2];并能够利用其灵活的构象和蛋白质之间复杂的相互作用来扩展病毒能够结合的宿主范围,从而形成它们的逃避策略,因此开发针对病毒蛋白NP和Z特异性抗病毒药物,并研究病毒对宿主产生逃避机制时这两种蛋白的功能十分重要[2]。

3.2 沙粒病毒所致疾病的流行病学特点

因为沙粒病毒的自然宿主主要是啮齿类动物,啮齿动物在当地的生态特征,例如分布情况,种群动态例如种群结构等与沙粒病毒引起的疾病的流

行情况息息相关[11]。目前,除了塔卡里伯病毒在叶口蝠和孤星硬蜱中被发现以外,沙粒病毒科的其它病毒的自然宿主都是啮齿类动物[13]。

2012～2016年期间,尼日利亚暴发的拉沙热导致共5 051人感染,3 891人死亡[14]。病原体LASV的天然宿主是分布在撒哈拉沙漠以南大片地区的多乳鼠,该种老鼠携带病毒的比率很高,同时拉沙热的传染性强,所以导致该区成为拉沙热的高发地区[15];LCMV感染的宿主和传染来源小家鼠遍布世界各地,因此LCMV是沙粒病毒科中唯一的一个世界广布种,小家鼠携带LCMV主要可导致人类感染淋巴脉络丛脑膜炎,我国LCMV只有血清学结果,少有本病,在哈尔滨和北京有散发病例报道[15];1958年在阿根廷壮暮鼠发现的JUNV,导致人的病毒出血热;1990年萨比埃引起巴西出血热,但未确定其宿主;造成2008年在卢约出血热的是卢约哺乳动物沙粒病毒,5例病例中4人死亡,病死率80%[16]。

4 沙粒病毒所致疾病的临床病理及预防控制

由不同沙粒病毒引起的疾病的临床表现不同,共同的症状是持续发热,头痛、肌痛、乏力、感觉迟钝,之后不同的疾病出现不同的症状。LCMV感染通常为隐性感染,主要包括流感型和无菌性脑膜炎型。流感型主要表现为一系列流感样症状,如发烧、食欲不振、疲劳、头痛、肌痛等。脑膜炎型可持续数周,刚开始与流感样症状类似,但伴有呕吐和脑膜炎的表现[17]。JUNV引起的阿根廷出血热,男性较多,MACV造成的玻利维亚出血热,二者的症状相似,MACV病死率为10%～20%[18]。拉沙热主要在西非流行,该疾病表现为沙粒病毒感染的共同常见症状,严重者可出现出血和休克[19],宿主动物与人之间以气溶胶的形式传播方式,被感染动物的粪便、尿液、唾液等分泌物与黏膜或受损的皮肤接触也可引起人类感染。沙粒病毒的检测需靠病原学检查。在病毒感染的急性期,主要利用间接免疫荧光检测尿液、血液和痰液中的病毒抗原,早期检测血中IgM抗体有助于早期诊断。以往针对沙粒病毒导致的疾病的治疗方案主要以对症治疗为主。研究表明,法匹拉韦对沙粒病毒科中的多种病毒具有良好的抗病毒效果,但尚未应用于临床[20]。

目前,针对沙粒病毒缺乏批准的疫苗。2014年,Zapata等[21]在豚鼠和猴体中试验针对LASV的疫苗显示出了100%的免疫保护,减毒疫苗ML29是通过将莫佩亚病毒的非致病性L RNA和LASV Josiah毒株的SRNA进行重组构建,但由于其未确定的安全性,仍未投入使用。控制传染源例如灭鼠是预防沙粒病毒感染的主要办法,沙粒病毒宿主和感染的病人接触的人群是高危人群,例如啮齿类动物饲养者、医护人员等,都应做好防护,避免与病毒的直接接触。淋巴细胞性脉络丛脑膜炎、拉沙热和玻利维亚出血热的自然宿主是家鼠。社区疾控应做好相应的防控措施。

5 沙粒病毒的国内外研究现状

沙粒病毒科的多种病毒在世界范围内和人类疾病有关,但我国仅有啮齿类动物宿主携带温州病毒(wenzhou virus, WENV)和人感染LCMV的个别报道[19],LCMV感染只有血清学检测结果。沙粒病毒在感染其自然宿主时,通常是不引发宿主疾病的,但当其通过动物宿主传播给人类后,均可以引起人类严重的致命的疾病,例如西非的LASV[22]、JUNV[23],GTOV[24]、在巴西和美国流行的巴西出血热[25]、MACV[26],以及2008年在澳大利亚器官移植感染死亡病例中鉴定出的Dandenong virus等[27]。虽然LCMV在我国只有血清学结果,但是在美国、英国、法国等均有LCMV感染的病例报道[28]。

沙粒病毒中与人致病性相关的主要是哺乳动物沙粒病毒属,该属目前包括35个种,目前除了TCRV(塔卡里伯病毒群Tacaribe Complex)在叶口蝠和孤星硬蜱中被发现以外,其它病毒的自然宿主都是啮齿类动物。2014年Malmlov等[29]研究发现佛罗里达中部9地区携带TCRV的主要是阿提伯斯蝙蝠的孤星蜱,但后期研究中发现,未存在阿提伯斯蝙蝠地区的孤星蜱也分离出与最初分离病毒有区别的TCRV,同时Ashley Malmlov在特立尼达研究现了沙粒病毒在食果蝙蝠中传播的血清学证据,但没有分离出病毒,也没有在蝙蝠体内检测到病毒RNA。Morita等[28]通过血清学筛查发现在我国福建、哈尔滨、北京等地区,多种鼠科啮齿类动物的血清对LCMV抗体反应呈阳性。2014年,中国疾病预防控制中心在浙江省部分地区对8种啮齿动物进行病毒筛查,发现存在新的沙粒病毒群[30],并且命名为WENV。2019年在云南省的黄胸鼠检测分离到了温州哺乳动物沙病毒[31],该病毒于2016年在老挝证实可引起人类流感样症状。2020年尹飞飞等在海口道客村的褐家鼠中发现WENV的变异株。杜江等在云南、浙江、湖南的家鼠属中发现的新型的沙粒病毒,和东南亚地区引起人发热病例的WENV病毒变异体具有87%以上的同源性,这个新簇与其它沙粒病毒同源性低于29%,同时该团队报道了国内首个LCMV病毒全基因组,并首次在三趾跳鼠中

发现沙粒病毒[32]。

2016年Blasdell等[30]在东南亚地区，泰国和东柬埔寨的多种啮齿目动物中发现了WENV的遗传变异型。Ogbu等[33]研究报告称，西非每年的临床感染人数约为10万～30万，约有5 000人死亡。2019年1月1日～2月10日，因为拉沙热病毒感染，尼日利亚拉发生拉沙爆发疫情累计病例327例，死亡72例，病死率达到了22%，给尼日利亚造成了严重的损害[34]。针对沙粒病毒感染建立的相对的诊断方法，但由于沙粒病毒感染后的临床表现缺少特异性，同时拉沙病毒序列多样性导致诊断方法有限，诊断方法的建立仍然存在着巨大的挑战。

2020年Hadas Cohen-Dvashi研究tfr的衍生物1sAD(结合致病性乳腺病毒糖蛋白)中和沙粒病毒的GP1结构域实验，并将该糖蛋白命名为Arenacept，Arenacept中和了所有四种携带糖蛋白复合物(GPCs)的拟型病毒，成为能够中和多种嗜TfR1的哺乳病毒的有前景的试剂[35]。2018年Okwor等[36]报告了1969年～2016年期间从7个西非国家和9个其他国家返回的33例输入性LASV病例，在已知预后情况的3位患者中发现总共有39%死亡。2020年Sebastien等[37]通过meta荟萃分析，1969年～2020年来自25个国家的291项LASA流行记录，人类总病死率为29.7%，LASV感染的合并流行率在人类中为8.7%，在啮齿动物中为3.2%，在其他哺乳动物中为0.7%。

6 结语与展望

从各种研究结果可知，在国内外对于沙粒病毒基因组结构以及致病性、致病机制、流行病学特点均有了一定的了解和研究，但沙粒病毒在动物宿主中传播的特点以及与人类的相互作用机制仍需进一步了解。随着实验室检测技术的快速发展，新的沙粒病毒不断被发现，随着全球传染病流行特征的不断变化，多种致病性和公共卫生学意义尚不明确的沙粒病毒也引起人们的关注。鼠类经常与人类密切接触，但是对野鼠体内存在的未知病原体无无法及时把握以及防控，同时近几年生态环境的不断恶化，新的沙粒病毒致命传染病出现，沙粒病毒类型的增加，各种各样的疾病的爆发促使需要清楚地了解这种疾病，尽早做出预防和控制研究。随着社会发展，病毒检测技术也越来越成熟。林珊珊等[38]在针对新近发现的沙粒病毒中哺乳类动物沙粒病毒属中的琉球病毒、索尔韦齐病毒、苏里斯病毒研究中，建立了实时荧光定量RT-PCR检测方法，可有效扩增检测病毒RNA靶标，在疑似疫情发生后有助于进行快速的筛查检测。

在治疗方面，免疫黏附素是一种很有前途的治疗试剂，已成功地应用于临床治疗各种非病毒病理疾病。这种使用宿主源性受体治疗的方法有可能有效地对抗其他人畜共患病毒，因此成为构建广谱和强效免疫治疗药物的一般方法。因此深入开展对国内携带沙粒病毒的情况进行系统性的筛查分析，明确流行病学和临床意义，掌握其病原学和流行病学特点，为进行与沙粒病毒相关的突发传染病的预警和溯源工作奠定基础十分重要。

作者贡献度说明：

黎优优，杜江：沙粒病毒文献检索，参与选题和设计，文章主要的撰写和文章修改；王高玉，黄艺，彭箬岩：沙粒病毒基本信息的相关文献查阅；唐川宁，吕刚，尹飞飞：参与资料的分析和解释。

所有作者声明不存在利益冲突关系。

参考文献

1 Zeller HR, Leitmeyer K, Santos CV, et al. Unknown disease in South Africa identified as arenavirus infection [J]. Eur Commun Dis Bull, 2008,13(42):19008.

2 Stott RJ, Strecker T, Foster TL. Distinct molecular mechanisms of host immune response modulation by arenavirus NP and Z Proteins[J]. Viruses, 2020, 12(7):784.

3 杜江. 啮齿目动物沙粒病毒科，黄病毒科等7科病毒组及进化研究[D]. 北京协和医学院, 2017.

4 Phan TG, Kapusinszky B, Wang C, et al. The fecal viral flora of wild rodents[J]. Plos Pathogens, 2011, 7(9):e1002218.

5 Du J, Yang L, Ren X, et al. Genetic diversity of coronaviruses in miniopterus fuliginosus bats[J]. Sci Chin, 2016, 59(6):604.

6 Hand AMO. Changing etiology of hand, foot and mouth disease in Linyi, China, 2009-2011.

7 Charrel RN, Lamballerie XD, Emonet S. Phylogeny of the genus Arenavirus[J]. Curr Opin Microbiol, 2008, 11(4):362-368.

8 Characterization of Haartman Institute snake virus-1 (HISV-1) and HISV-like viruses-the representatives of genus hartmanivirus, family Arenaviridae .[J]. Plos Pathog, 2018.

9 Salvato MS, Shimomaye EM. The completed sequence of lymphocytic choriomeningitis virus reveals a unique RNA structure and a gene for a zinc finger protein[J]. Virology, 1989, 173(1):1-10.

10 Radoshitzky SR. ICTV virus taxonomy profile: Arenaviridae. J Gen Virol 100, 1200-1201.

11 熊成龙，姜庆五. 沙粒病毒的研究进展[J]. 中华疾病控制杂志, 2009, 13(3):362-366.

12 李富丽，付蒙，张云智.重要的鼠传病毒及所致人类疾病研究进展[J].热带医学杂志，2021,21(1):16-119.
13 蒋梦颖，张云智.沙粒病毒及所致人类疾病的研究进展[J].中国人兽共患病杂志，2019.
14 Saka JM，Bintu Gubio A，Kerecvel YS，et al. Lassa fever epidemic in nigeria-outbreak investigation，risk factors and empirical analysis from 2012 to 2016[J]. J Commun Public Health Nurs，2017，03(02).
15 唐家琪.淋巴细胞脉络丛脑膜炎[A].自然疫源性疾病[M].北京:科学出版社.2005，469-479.
16 房恩岳.病毒性出血热的研究进展[J].中国生物制品学杂志，2019，32(6):104-109.
17 Brisse ME，Ly H. Hemorrhagic fever-causing arenaviruses：Lethal pathogens and potent immune suppressors[J]. Front Immunol，2019，10:372.
18 沈希，高子厚.啮齿类动物种群生态学与鼠疫关系的研究进展[J].中国人兽共患病学报，2018，34(12):89-92.
19 苏航，徐春雨，贾修岐，等.啮齿目动物携带病毒的研究进展与展望[J].生物化工，2021，7(1):124-12.
20 王先堃，孙娜，陈志海.法匹拉韦抗病毒治疗研究进展[J].中国新药杂志，2019(15):1824-1827.
21 Zapata JC，Goicochea M，Nadai Y，et al. Genetic variation *in vitro* and *in vivo* of an attenuated lassa vaccine candidate[J]. J Virol，2014，88(6):3058.
22 Khan SH，Goba A，Chu M，et al. New opportunities for field research on the pathogenesis and treatment of Lassa fever[J]. Antiviral Res，2008，78(1):103-115.
23 Parodi AS，Greenway DJ，Rugiero HR，et al. Concerning the epidemic outbreak in Junin[J]. El Día Médico，1958，30(62):2300.
24 Salas RA，Manzione ND，Tesh R. Venezuelan hemorrhagic fever：Eight years of observation[J]. Acta cient Venez，1998，1:46-51.
25 Ellwanger JH，Chies J. Keeping track of hidden dangers - The short history of the Sabiá virus[J]. Rev Soc Bras Med Trop，2017，50(1):3-8.
26 Griffiths CM，Wilson SM，Clegg JC. Sequence of the nucleocapsid protein gene of Machupo virus：Close relationship with another South American pathogenic arenavirus，Junín[J]. Arch Virol，1992，124(3-4):371-377.
27 Palacios，Gustavo，Druce，et al. A new arenavirus in a cluster of fatal transplant-associated diseases[J]. New England J Med，2008，358(11):1204-1204.
28 Morita C，Tsuchiya K，Ueno H，et al. Seroepidemiological survey of lymphocytic choriomeningitis virus in wild house mice in China with particular reference to their subspecies[J]. Eur J Microbiol Immu，2013，40(4):313-315.
29 Malmlov A，Seetahal J，Carrington C，et al. Serological evidence of arenavirus circulation among fruit bats in trinidad[J]. Plos One，2017，12(9):e0185308.
30 Blasdell KR，D Veasna，Marc E，et al. Evidence of human infection by a new mammarenavirus endemic to Southeastern Asia[J]. Life Sci，2016，5:e13135.
31 Wang J，Yang X，Liu H，et al. Prevalence of Wēnzhōu virus in small mammals in Yunnan province，China[J]. PLoS Neglected Trop Dis，2019，13(2):e0007049.
32 Wu Z，Du J，Lu L，et al. Detection of hantaviruses and arenaviruzses in three-toed jerboas from the inner mongolia autonomous region，China[J]. Emerg Microbes Infec，2018，7(1):35.
33 Ogbu O. Viruses：Lassa Fever Virus[J]. Encycl Food Safety，2014，2:208-213.
34 Takah NF，Brangel P，Shrestha P，et al. Sensitivity and specificity of diagnostic tests for Lassa fever：A systematic review. BMC Infect Dis. 2019 Jul 19;19(1):647.
35 Cohen-Dvashi H，Amon R，Agans KN，et al. Rational design of universal immunotherapy for TfR1-tropic arenaviruses[J]. Nature Commun，2020，3;11(1):67
36 Okwor TJ，Ndu AC，Okeke TA，et al. A review of lassa fever outbreaks in Nigeria from 1969 to 2017：Epidemiologic profile，determinants and public health response[J]. Nigerian J Med：J Natl Assoc Resident Doctors Nigeria，2018，27(3):219.
37 Sebastien K，Serges T，Jean Thierry EB，et al.Systematic review and meta-analysis of the epidemiology of Lassa virus in humans，rodents and other mammals in sub-Saharan Africa[J]. PLOS Neglected Tropical Dis，2020，14(8):e0008589.
38 杜珊珊，赖丽金，李阿茜，等.琉球病毒，索尔韦齐病毒，苏里斯病毒等三种沙粒病毒实时荧光RT-PCR检测方法研究[J].病毒学报，2020,37(4):809-812.

[本文编辑] 宋睿璞 谭贝加 朱 昊