

# Vleermuizen en virussen



Er zijn honderden coronavirussen die in veel verschillende dieren worden aangetroffen. Enkele van deze virussen hebben ernstige ziekten bij mensen veroorzaakt: SARS, MERS en COVID. SARS en MERS bleven regionaal. De laatste, COVID, veroorzaakt in 2020 een pandemie. Vleermuizen – en dan met name enkele hoefijzerneuzen – vormen het reservoir voor het virus dat de genoemde ziekten veroorzaakt. Mensen zijn besmet geraakt door een tussengastheer en niet rechtstreeks door vleermuizen. Voor SARS was dat de civetkat en voor MERS de dromedaris. Welke soort tussengastheer is voor de COVID is nog niet met zekerheid bekend. Zeer waarschijnlijk is de bron een natte markt – waar levende dieren worden verhandeld – in Wuhan. Vleermuizen in Nederland zijn niet besmet met het Coronavirus dat COVID veroorzaakt. COVID heeft een mondiale besmetting gekregen door overdracht van mens op mens, slechts bij de eerste besmettingen in Wuhan is sprake van overdracht van dier op mens.

Veel ziekten worden veroorzaakt door overdracht van virussen, bacteriën of andere micro-organismen. De oorzaak kan liggen in het eten van besmet voedsel of het drinken van verontreinigd water. Een andere oorzaak is de overdracht van ziekten van dieren op mensen; deze ziekten worden zoönosen genoemd. Met SARS, MERS, COVID, ebola, AIDS, malaria, builenpest, Q-koorts zijn het vaak zeer ernstige ziekten. Soms is er een rechtstreekse overdracht van de natuurlijke drager op de mens (malaria en Q-koorts bijvoorbeeld), Maar vaak is er sprake van een tussengastheer of een vector. Een diersoort, of groep dieren, functioneert dan als reservoir voor de ziekte. Meestal hebben deze dieren geen of zeer beperkt last van de ziekte. Voor de coronavirussen zijn vleermuizen en vogels het reservoir. Het virus is vaak algemeen verspreid binnen de populatie. Voor SARS is de mens besmet geraakt via een tussengastheer; voor SARS was dat de civetkat *Paguma larvata*. Het reservoir voor SARS is de Chinese hoefijzerneus *Rhinolopus affinis* – een vleermuis met een verspreiding in zuidoost Azië. Het is niet zeker wat het reservoir is voor MERS. Het is in ieder geval duidelijk dat de dromedaris drager is van het MERS-virus. Voor COVID is de tussengastheer niet bekend. Er zijn aanwijzingen dat het Javaanse schubdier *Manis javanica*, een lekkernij voor Chinezen, de tussengastheer voor COVID is. In ieder geval is een dergelijk virus in dit dier aange-

troffen. Zeer waarschijnlijk is de genoemde hoefijzerneus ook het reservoir voor het COVID-virus. Er zijn geen rechtstreekse besmettingen bekend tussen de vleermuizen (het reservoir) en de mens.

Er zijn vier stammen van coronavirussen:  $\alpha$ -corona,  $\beta$ -corona,  $\gamma$ -corona en  $\delta$ -corona. De laatste twee  $\gamma$ -corona en  $\delta$ -corona worden aangetroffen in vogels. Het  $\alpha$ -corona en  $\beta$ -corona worden aangetroffen in zoogdieren. Naast vleermuizen zijn dat onder andere varkens, runderen, katten en mensen. Er zijn honderden varianten van de coronavirussen. Hiervan zijn er 7 bekend bij de mens. Van deze 7 coronavirussen vertonen 4 varianten slecht milde klachten; waarschijnlijk zijn deze virussen al zeer lang bij de mens aanwezig. De varianten van het  $\beta$ -coronavirus zijn verantwoordelijk voor de ziekten SARS, MERS en COVID. Doordat het mutaties zijn – of het zijn recente besmettingen van mensen – heeft de mens nog geen afweer voor deze ziekten. Recente besmettingen kunnen ontstaan doordat het natuurlijke habitat van de dieren kleiner wordt en er daardoor meer contacten zijn tussen dieren en mensen.

De Europese vleermuizen zijn onderzocht op de aanwezigheid van coronavirussen. Gebleken is dat in verschillende hoefijzerneuzen een  $\beta$ -coronavirus aanwezig is. Ook in de langvleugelvlleermuis *Miniopterus schreibersii* en kuhls vleermuis *Pipistellus kuhlii* is een  $\beta$ -coronavirus aangetroffen. Geen van deze vleermuizen komt in Nederland voor. Het verhandelen van levende dieren op zogenoemde natte markten of het verorberen van bushmeat is in Europa niet gebruikelijk. De kans op besmetting door zoönosen is daarmee beperkt en komt vooral uit de intensieve veehouderij.

SARS heeft zich beperkt tot een epidemie in China, voor MERS is er nauwelijks geen sprake van een epidemie. Nu ontwikkeld COVID zich tot een pandemie – een wereldwijde besmetting. De belangrijkste oorzaak is de grotere besmettelijkheid. Mensen kunnen al anderen besmetten voordat de symptomen van COVID merkbaar en duidelijk zijn. De gemiddelde kans op besmetting van COVID is daardoor hoger.

P.J.H. van der Linden  
Els & Linde

## Bronnen

- Ar Gouilh, M., S.J. Puechmaille, L. Diancourt, M. Vandenbogaert, J. Serra-Cobo, M. Lopez Roïg, P. Brown, F. Moutou, V. Caro, A. Vabret & J.C. Manuguerra, (2018) SARS-CoV related Betacoronavirus and diverse Alphacoronavirus members found in western old-world. *Virology* 517: 88-97
- Ar Gouilh, M., S.J. Puechmaille, J.P. Gonzalez, E. Teeling, P. Kittayapong & J.C. Manuguerra (2011) SARS-Coronavirus ancestor's foot-prints in South-East Asian bat colonies and the refuge theory. *Infection, Genetics and Evolution* 11: 1690-1702
- Corman, V.M., D. Muth, D. Niemeyer & C. Drosten (2018) *Hosts and Sources of Endemic Human Coronaviruses*. *Advances in Virus Research*
- Coutinho, R. (2020) *Epidemieën en pandemieën*. Home Academie
- Drexler, J.F., F. Gloza-Rausch, J. Glende, V.M. Corman, D. Muth, M. Goettsche, A. Seebens, M. Niedrig, S. Pfefferle, S. Jordanov, L. Zhelyazkov, U. Hermanns, P. Vallo, A. Lukashev, M.A. Müller, H. Deng, G. Herrler & C. Drosten (2010) *Genomic Characterization of Severe Acute Respiratory Syndrome-Related Coronavirus in European Bats and Classification of Coronaviruses Based on Partial RNA-Dependent RNA Polymerase Gene Sequences*. *Journal of Virology* 84: 11336-11349
- Drexler, J.F., V.M. Corman & C. Drosten (2013) *Ecology, evolution and classification of bat coronaviruses in the aftermath of SARS*. *Antiviral Research* 101: 45-56
- Ge, X.Y., N. Wang, W. Zhang, B. Hu, B. Li, Y.Z. Zhang, J.H. Zhou, C.M. Luo, X.L. Yang, L.J. Wu, B. Wang, Y. Zhang, Z.X. Li & Z.L. Shi (2016) *Coexistence of multiple coronaviruses in several bat colonies in an abandoned mineshaft*. *Virologica Sinica* 31: 31-40
- Lam, T.T., M.H. Shum, H. Zhu, Y. Tong, X. Ni, Y. Liao, W. Wei, W.Y. Cheung, W. Li, L. Li, G.M. Leung, E.C. Holmes, Y. Hu & Y. Guan (2020) *Identification of 2019-nCoV related coronaviruses in Malayan pangolins in southern China*. *bioRxiv*
- Leopardi, S., E.C. Holmes, M. Gastaldelli, L. Tassoni, P. Priori, D. Scaravelli, G. Zamperin & P. Infection, *Genetics and Evolution* 58: 279-288
- Lin, X.D., W. Wang, Z.Y. Hao, Z.X. Wang, W.P. Guo, X.Q. Guan, M.R. Wang, H.W. Wang, R.H. Zhou, M.H. Li, G.P. Tang, J. Wu, E.C. Holmes & Y.Z. Zhang (2017) *Extensive diversity of coronaviruses in bats from China*. *Virology* 507: 1-10
- Lu, R., X. Zhao, J. Li, P. Niu, B. Yang, H. Wu, W. Wang, H. Song, B. Huang, N. Zhu, Y. Bi, X. Ma, F. Zhan, L. Wang, T. Hu, H. Zhou, Z. Hu, W. Zhou, L. Zhao, J. Chen, Y. Meng, J. Wang, Y. Lin, J. Yuan, Z. Xie, J. Ma, W.J. Liu, D. Wang, W. Xu, E.C. Holmes, G.F. Gao, G. Wu, W. Chen, W. Shi & W. Tan (2020) *Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding*. *The Lancet*
- Smith, C.S. (2016) *Coronavirus Infection and Diversity in Bats in the Australasian Region*. *Ecohealth* 13: 72-82
- Wang, L.F. & C. Cowled (2015) *A New Frontier of Emerging Infectious Diseases*. John Wiley & Sons
- Wong, A.C.P., X. Li, S.K.P. Lau & P.C.Y. Woo (2019) *Global Epidemiology of Bat Coronaviruses*. *Viruses* 11: 174
- [rivm.nl/Coronavirus](https://rivm.nl/Coronavirus)
- [nl.wikipedia.org/wiki/Coronavirussen](https://nl.wikipedia.org/wiki/Coronavirussen)
- [zoogdierverseniging.nl/corona](https://zoogdierverseniging.nl/corona)