



Genetická identifikace patogenních agens vylučovaných netopýry

Petra Vašíčková, Radka Dziedzinská, Petr Králík

Abstrakt

Netopýři představují významnou skupinu savců s vysokou schopností adaptace na městské prostředí. Díky svým biologickým a imunitním zvláštnostem fungují jako přirození hostitelé širokého spektra patogenů, včetně agens se zoonotickým potenciálem. Cílem studie bylo zjistit složení a genetickou diverzitu viromu volně žijících netopýrů na území města Brna s využitím molekulárně-biologických metod a sekvenování nové generace (NGS). Analyzováno bylo 46 vzorků trusu, odebraných od 13 druhů netopýrů, převážně z lokalit Brno-Holásky a Hády. Pomocí reverzně transkripční PCR byly detekovány RNA viry z čeledí Coronaviridae, Paramyxoviridae a Astroviridae, přičemž všechny sekvence odpovídaly netopýřím liniím bez prokázané vazby na člověka. Hantaviry, včetně nově popsaného Brno loanvirus (BRNV), nebyly v analyzovaných vzorcích prokázány. Metagenomická analýza potvrdila široké spektrum sekvencí genomu virů, včetně alfa-koronavirů, astrovirů, paramyxovirů, ale i dalších rodů jako Mastadenovirus, Papillomavirus a Retrovirus. Zaznamenány byly také sekvence genomu virů hmyzu a bakteriofágů, které odrážejí potravní ekologii hmyzožravých druhů. Výsledky dokládají mimořádnou genetickou rozmanitost virových agens a potvrzují, že i městské prostředí představuje stabilní rezervoár adaptovaných virových linií. Z epidemiologického hlediska nepředstavují zjištěné viry bezprostřední riziko pro člověka, avšak poskytují důležitý základ pro dlouhodobý monitoring potenciálních zoonotických agens a rozvoj přístupu One Health spojujícího zdraví lidí, zvířat a životního prostředí.

Genetic identification of pathogenic agents excreted by bats

Abstract

Bats represent an important group of mammals with a high capacity to adapt to urban environments. Due to their biological and immunological peculiarities, they serve as natural hosts for a wide range of pathogens, including agents with zoonotic potential. The aim of this study was to determine the composition and genetic diversity of the virome of free-living bats within the city of Brno using molecular biological methods and next-generation sequencing (NGS). A total of 46 faecal samples collected from 13 bat species, primarily from the Brno-Holásky and Hády localities, were analysed. RNA viruses belonging to the families Coronaviridae, Paramyxoviridae, and Astroviridae were detected by reverse transcription PCR, and all obtained sequences corresponded to bat-specific lineages with no known association with humans. Hantaviruses, including the recently described Brno loanvirus (BRNV), were not detected in the analysed samples. Metagenomic analysis revealed a broad spectrum of viral genomic sequences, including alphacoronaviruses, astroviruses, and paramyxoviruses, as well as additional viral genera such as Mastadenovirus, Papillomavirus, and Retrovirus. Sequences of insect viruses and bacteriophages were also identified, reflecting

**VĚDECKÝ VÝBOR VETERINÁRNÍ****Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Hudcova 296/70, Brno 621 00****<https://www.vri.cz/vyzkum/vedecky-vybor-veterinari/>****tel +420 533 331 111**

the feeding ecology of insectivorous bat species. The results demonstrate remarkable genetic diversity of viral agents and confirm that even urban environments represent a stable reservoir of adapted viral lineages. From an epidemiological perspective, the detected viruses do not pose an immediate risk to humans; however, they provide an essential basis for long-term monitoring of potential zoonotic agents and for the development of the One Health approach integrating human, animal, and environmental health.