



# Yarasa kaynaklı zoonotik viruslar

Müge Fırat<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Çankırı Karatekin Üniversitesi, Eldivan Sağlık Hizmetleri Meslek Yüksekokulu Şabanözü Kampüsü,  
Laborant Veteriner Sağlık Programı, Çankırı, Türkiye

Geliş Tarihi / Received: 02.07.2023, Kabul Tarihi / Accepted: 05.07.2023

**Özet:** Yarasalar böcek popülasyonlarının dengelenmesi, bitkilerin tozlaşması ve tohumların yayılması gibi önemli ekolojik katkıları bulunan, çok farklı habitatlarda yaşayabilen ve rodentlerden sonra Memeliler sınıfının en fazla çeşitlilik gösteren takımıdır. Yarasalar vücut büyüklüklerine oranla oldukça uzun yaşamaları, uzak mesafelere uçabilme ve göç etme yetenekleri, tüneme, sosyal organizasyon, hibernasyon, termoregülasyon, ekolojasyon, torpor ve kuvvetli bağışıklık sistemi mekanizmaları sonucu zoonotik viral hastalıklar da dahil olmak üzere pek çok mikroorganizma için rezervuar konaktır. Virusların pek çoğunun doğal yaşam döngüsünde yer alan ve bünyelerinde zengin bir virus çeşitliliğine sahip olan yarasalardan insanlara virusların bulaşması, doğrudan veya yabani ve çiftlik hayvanları ara konaklığıyla olmaktadır. Yarasaların eskiden beri *Rhabdoviridae* ailesinden kuduz lyssavirüsü ve diğer kuduz-ilişkili lyssavirüsleri taşıdıkları bilgisine ek olarak, *Coronaviridae* ailesinden SARS-CoV ve MERS-CoV, *Filoviridae* ailesinden Ebola ve Marburg virusları ile *Paramyxoviridae* ailesinden Nipah ve Hendra virusları gibi önemli viral zoonoz etkenlerin de doğal taşıyıcıları oldukları tespit edilmiştir. Bu derlemede yarasaların diğer hayvan türleri ile karşılaştırıldığında tür başına daha yüksek oranda zoonotik virusları taşımalarına katkıda bulunan çeşitli faktörler ve önemli bazı yarasa kaynaklı zoonotik viral hastalıklar hakkında genel bilgi verilmesi amaçlanmıştır.

**Anahtar kelimeler:** Yarasa, yarasa biyolojisi, yarasa kaynaklı viruslar, yarasa kaynaklı zoonotik viruslar, yarasa kaynaklı zoonotik viral hastalıklar.

## Bat-borne zoonotic viruses

**Abstract:** Bats are the most diverse order of Mammalia class after rodents, having important ecological contributions such as stabilization of insect populations, pollination of plants and dispersal of seeds, and can live in very different habitats. Bats are reservoir hosts for many microorganisms, including zoonotic viral diseases, as a result of their relatively long lifespan, ability to fly long distances and migrate, roost, social organization, hibernation, thermoregulation, echolocation, torpor, and strong immune system mechanisms. The transmission of viruses from bats which have a rich virus diversity in their body and most of them take place in their natural life cycle, to human occurs directly or through the intermediate host of wild and farm animals. In addition to the information that bats have been carrying Lyssavirus rabies and other rabies-related lyssaviruses from the *Rhabdoviridae* family, which has been known for a long time, it has been determined that they are also natural carriers of important viral zoonotic agents such as SARS-CoV and MERS-CoV from the *Coronaviridae* family, Ebola and Marburg viruses from the *Filoviridae* family and Nipah and Hendra viruses from the *Paramyxoviridae* family. In this review, it is aimed to give general information about various factors that contribute to the fact that bats carry a higher rate of zoonotic viruses per species compared to other animal species and some important bat-borne zoonotic viral diseases.

**Keywords:** Bat, bat biology, bat-borne viruses, bat-borne zoonotic viruses, bat-borne zoonotic viral diseases.

## Giriş

Yarasalar, Memeli (Mammalia) sınıfının Chiroptera takımı içinde yer almakta ve yaklaşık 1400 tür ile kemirgenlerden (Rodentia) sonra dünyada coğrafi olarak yaygın en önemli ve çeşitli canlı grubunu oluşturmaktadır (Wilson ve Reeder 2005; Calisher ve ark. 2006). Chiroptera adı Yunanca kökenli olup "el kanat" anlamına gelmektedir (Woo ve Lau 2019). Memeli sınıfı içinde gerçek uçuş özelliği gösteren tek grup olan yarasalar, kutuplar ve bazı izole ada-

lar hariç çok geniş coğrafi yayılım gösteren ve çok farklı ekosistemlerde yaşayabilme özelliğine sahip canlılardır (Kunz ve Fenton 2003). Beslenme açısından birçok yarasa türü böceklerle ve bazıları meyvelerle beslenirken, daha azı kan emicidir (Rodhain 2015). Ülkemizde şimdiye kadar biri meyve ve 38'i böceklerle beslenen toplam 39 yarasa türüne ait kayıt verilmiştir (Yorulmaz ve ark. 2018). İnsanların yaşam alanlarında ya da insana yakın alanlarda beslenme ve tüneme özellikleri gösteren yarasa türleri bulun-

makla birlikte, insanla doğrudan teması olan canlılar değillerdir (Kunz ve Fenton 2003). Yarasalar yaklaşık 52,5 milyon yıldır var olan canlılardır (Clyde ve ark. 2001) ve bu uzun sürecin doğal rezervuarları olarak yarasaları kullanan virüslere, yarasalar ile birlikte gelişme ve değişme olanağını sağlamış olduğu belirtilmektedir (Dobson 2005).

Yarasalar kuduz lyssavirusu ve kuduz-ilişkili lyssaviruslar hariç genellikle klinik belirti göstermeden virüslerin doğal rezervuarlığını yapmaktadırlar (Moratelli ve Calisher 2015). Viral enfeksiyonların çoğu yarasalarda asemptomatik seyretmektedir (Rodhain, 2015). Virüslerin yarasalardan uçamayan canlı türlerine bulaşması, dolaylı olarak yarasalardan fomitlere veya yüzeylere saçılan serbest virus parçacıkları ve virus yüklü aerosolize yarasa idrarı veya dışkısı yoluyla gerçekleşmektedir (Plowright ve ark. 2015). Kontamine olmuş habitatların duyarlı konaklar tarafından kullanılması yoluyla şekillenen çevresel bulaşma ya da dolaylı bulaşma, yaban hayatı hastalıklarının ana mekanizması olarak tarif edilmektedir (Fogarty ve ark. 2008; Piercy ve ark. 2010). Virüsler yeryüzünde hemen hemen tüm canlı türlerinde bulunmakla birlikte, yarasaların diğer hayvan türleri ile karşılaştırıldığında virüsler açısından daha fazla doğal rezervuar oldukları ve tür başına daha yüksek oranda zoonotik virüsleri taşıdıkları ve bu duruma katkıda bulunan çeşitli faktörler (Şekil1) bulunduğu belirtilmektedir (Luis ve ark. 2013, Olival ve ark. 2017). Bu faktörlerin başında, yarasaların aynı boyuttaki diğer memelilere kıyasla on kat daha yüksek olan son derece uzun bir yaşam süresine sahip olmaları gelmektedir (Salmon ve ark. 2009). Yarasaların uzun yaşam süresine sahip olmaları, rezervuar oldukları virüsler için sürdürülebilir persiste virus replikasyonu ve hayatta kalmaları için istikrarlı bir ortam sağlamaktadır. Ayrıca uzun hayat süresine sahip olmaları, birkaç nesil boyunca çoklu yatay ve dikey bulaşma yolu ile popülasyonda zaman içinde virüslerin devamlılığına olanak sağlamaktadır (Olival ve ark. 2017).

Yarasalar, uçma yeteneğine adapte olmuş tek memeli takımındır ve bu sayede yiyecek arama veya göçleri esnasında uzun mesafeler boyunca hareket edebilmektedirler (Richter ve Cumming 2006). Yarasaların kanatlarında parmak benzeri uzun kemikler vardır ve bu nedenle kuşların kanatlarına göre daha fazla manevra kabiliyetine sahiptirler ancak kuşların aksine çok fazla kaldırma güçleri yoktur. Ayrıca geceleri aktif olmaları, kuşlarla doğrudan rekabetten kaçınmalarına yardımcı olmaktadır. Uçma yeteneği, yarasaları tohumların ve polenlerin olduğu gibi virüslerin yayılması için de önemli araçlar haline getirmektedir (Woo ve Lau 2019). Uzun mesafe uçuş

yeteneğine sahip olmalarından dolayı diğer hayvan türleri ile temaslarının artmasının da virüslerin geniş coğrafi bölgelere yayılması açısından türler arası virus bulaşma potansiyelini artırdığı belirtilmektedir (Wang ve ark. 2011). Ayrıca küresel ısınmanın da yarasa türlerinin coğrafik dağılımında ve hastalıkların yeni alanlara girmesi açısından değişikliklere sebep olacağı tahmin edilmektedir (Sherwin ve ark. 2013; Hayes ve Piaggio 2018).

Yarasaların tünek seçimleri yarasa türleri arasında büyük farklılıklar göstermektedir. Mağaralar, yarıklar, yuvalar, ağaçlar ve diğer bitkiler gibi doğal oluşumlar yanında binalar ve menfezler gibi insan yapımı yapılarda da tünenebilmektedirler. Tünek seçimi türlere, mevsime ve yarasaların cinsiyetine göre değişiklik göstermektedir. Yarasalar dinlenme ve uyku esnasında çoğunlukla baş aşağı pozisyonunda bulunmaktadırlar. Yarasaların genellikle koloniler olarak bilinen yüzlerce ila binlerce bireyden oluşan gruplar halinde yaşamaları, virüslerin tür içi bulaşmasını kolaylaştırmaktadır. Yıl boyunca aynı mağarada tünene ve sürü halinde yaşayan yarasalarda çiftleşme veya tükrük, kan, dışkı ve idrar gibi vücut sıvıları yolu ile birbirine temas sebebiyle virüslerin aynı yarasa türü içinde veya türler arasında bulaşma oranı da yükselmektedir. Yarasaların insan yapımı yapıları kullanması sonucu ise, virüsle kontamine dışkıları yoluyla insanlarla temas ve insanların yarasa kaynaklı virüslere maruz kalma riski artmaktadır (Chege ve ark. 2015; Luis ve ark. 2015; Woo ve Lau 2019).

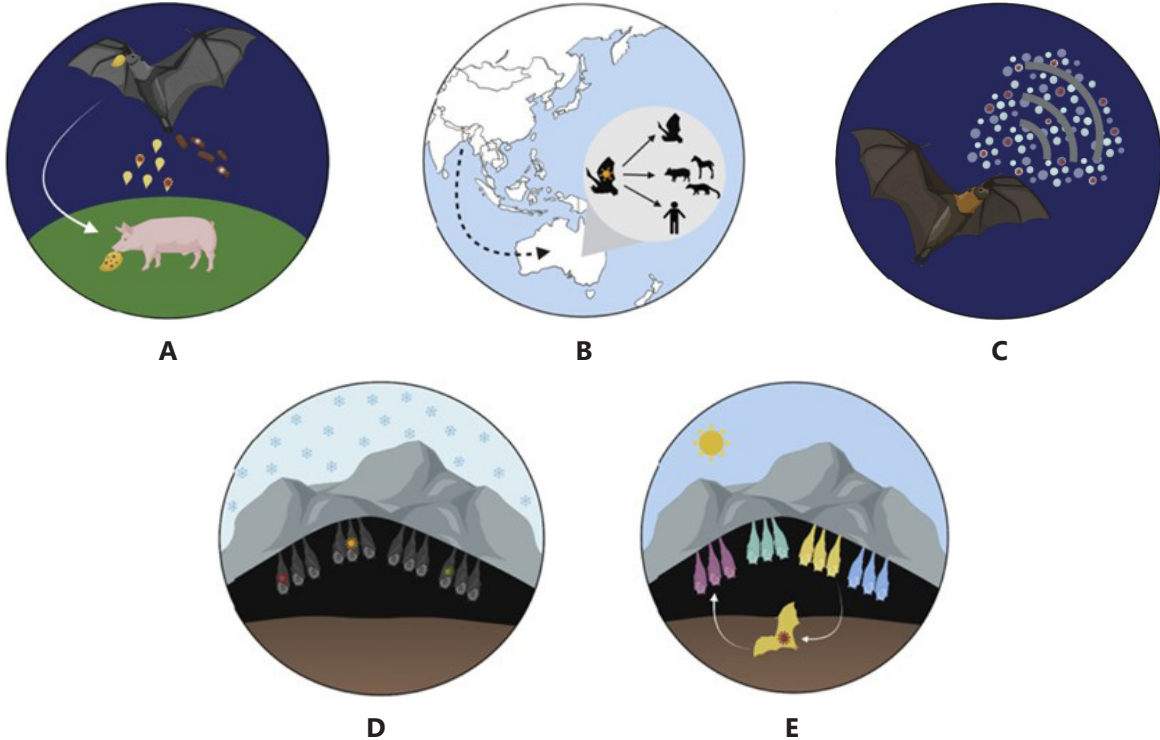
Yarasalar, diğer memelilere kıyasla benzer bağışıklık organları, dokuları, hücreleri ve immünoglobulin türlerine sahip olmakla beraber bazı benzersiz farklılıklarla hem doğuştan gelen bir bağışıklık hem de edinsel bağışıklık yanıtı göstermektedir (Schountz ve ark. 2017). Yarasa genom verilerinin, mitokondriyal DNA'nın hasar ve onarım yollarının evrimi ile zamanlaması örtüşen şekilde yarasalarda uçuş evrimini gösterdiği belirtilmektedir (Zhang ve ark. 2013; O'Shea ve ark. 2014). Bunun sonucunda diğer hiperaktif memelilere kıyasla daha yüksek metabolik hıza ve buna bağlı olarak daha yüksek vücut ısısına sahip oldukları bildirilmektedir. Yarasaların, yarasa kaynaklı virüsler için bir kontrol mekanizması olarak tipik immün aracılı ateşli tepkiye benzer şekilde yüksek vücut ısısına karşı daha toleranslı davranabilecekleri önerilmektedir (O'Shea ve ark. 2014). Filovirüsler için çelişkili bulgular olmakla birlikte, deneysel olarak kanıtlanmamış bu hipoteze göre yarasa kaynaklı virüslerin yüksek vücut ısısına karşı daha toleranslı olabileceği ve bu sebeple insanlar gibi doğal olmayan konakçılara bulaştıkları

zaman bu canlılarda çok daha virulent tablolar oluşurabilecekleri bildirilmiştir (Miller ve ark. 2016). Bazı çalışmalar, yarasalarda tip I interferon sisteminin sürekli olarak eksprese edilmesi sonucu viral replikasyonu kontrol eden ekstra bağışıklık genlerinin düzenlendiğini bildirmektedir (Zhou ve ark. 2016). Ayrıca, yarasalarda insanlar için bildirilmiş olan birleştirici immunglobulin segmentleri çeşitliliğinin beş kat daha fazla olduğu ve bu sayede birçok farklı antikor molekülünün ortaya çıkması ile yarosalarda enfeksiyonlara karşı daha güçlü tepkiler verdikleri belirtilmektedir (Schountz ve ark. 2017). Buna karşılık *Rousettus aegyptiacus* meyve yarasasının genom analizinin yapıldığı başka bir çalışmada, yarosalarda ve diğer memelilerin antiviral mekanizmaları arasında çok önemli farklar olduğu ve yarasalarda viral enfeksiyonu kontrol etme yeteneğinin gelişmiş immün savunma yerine gelişmiş enfeksiyon toleransı ile ilişkili olduğu bildirilmektedir (Pavlovich ve ark. 2018). Bu hipotezi destekleyen başka bir çalışmanın sonuçlarına göre de; doğal yollardan Marburg virus bulaşmış olan enfekte *R. aegyptiacus* yarosalarında uzamış bir inkubasyon süresi görüldüğü (Amman

ve ark. 2015; Schuh ve ark. 2017), enfekte yarosalarda viremik kalarak virusun tamamen temizlenmesinden önce üç haftaya kadar uzayan sürede virus saçabildikleri ve uzayan enfeksiyona rağmen yüksek düzeyde enfekte dokularında bile sınırlı inflamasyon gösterdikleri belirtilmektedir (Towner ve ark. 2009; Jones ve ark. 2015).

Tüm yarasalarda görülmemekle birlikte bazılarında ekolokasyon yeteneği bulunduğu ve bu yarosalarda dillerini tıklatarak yüksek frekanslı ses dalgaları ürettikleri (Nowak ve ark. 1994), bu esnada hapşırma ile orofarengeal sıvı, mukus veya tükürük damlacıklarının dışarı saçılması sonucu virusların potansiyel yayılma mekanizmasına katkıda buldukları bildirilmektedir (Calisher ve ark. 2006). Ekolokasyon, yarosalarda karanlık yerlerde uçuşmasını sağlayan bir özelliktir (Woo ve Lau 2019).

Hibernasyon ve torpor özelliği bulunan bazı yarasalarda ise azalan metabolik ve immünolojik aktiviteye bağlı olarak viral persistens ve bunu izleyen viral reaktivasyon tespit edildiği belirtilmektedir (Gerow ve ark. 2019).



**Şekil 1.** Yarosalarda uçuş yeteneklerine bağlı olarak, bünyelerindeki virusları diğer canlı türlerine bulaştırabilmesini (A, B) ve uzak mesafelere taşıyabildiğini (B), ekolokasyon yeteneklerine bağlı olarak virus partiküllerini saçabilmesini (C), yıl boyunca farklı mevsimlerde (D, E) aynı mağarada yaşaması, hibernasyon ve torpor sonucu virusların aynı yarasalar türü içinde veya türler arasında bulaşabilmesini gösteren illüstratif görseller (Gonzalez ve Banerjee 2022)

### Yarasa kaynaklı viruslar

Yarasaların 200'den fazla (Moratelli ve Calisher 2015; Letko ve ark. 2020) ve Baltimore sınıflandırma sistemine göre sınıflandırılmış olan her tür genomik yapıya ve replikasyon stratejisine sahip virusları bünyelerinde barındırdıkları bildirilmiştir (Hayman 2016). Bu virusların çoğunluğunu, daha yüksek genetik değişkenliğe sahip ve değişen çevresel koşullara uyum sağlamada daha yetenekli olan RNA'lı viruslar oluşturmaktadır (Hayman ve ark. 2013; Moratelli ve Calisher 2015). Yarasa virusları çoğu muhtemel konakçıya özgü asemptomatik, daha azı ise zoonotik potansiyele sahip viruslardır (Letko ve ark. 2020) İlerleyen süreçte yarasa kaynaklı viruslardan kaynaklanan hastalık salgınları ile daha fazla karşılaşılacağı öngörülmektedir (Wang ve Anderson 2019). İnsanların doğaya müdahalesi sonucu meydana gelen ekolojik değişiklikler ile yarasalar arasındaki etkileşimler hakkında daha iyi bilgi sahibi olunması için yarasa popülasyonlarının ve taşıdıkları virusların dikkatle takip edilmesi gerektiği, böylece yarasa kaynaklı viral hastalıkların ortaya çıkma mekanizmalarının anlaşılması, öngörülmesi ve belki de çıkışlarının önlenmesinin mümkün olabileceği belirtilmektedir (Rodhain 2015).

Baltimore sınıflandırma sistemine göre yarasalarda tespit edilmiş olan virus aileleri: Grup I çift iplikçikli DNA virus ailelerinden; *Adenoviridae*, *Herpesviridae*, *Papillomaviridae*, *Polyomaviridae* ve *Poxviridae*, Grup II tek iplikçikli DNA virus ailelerinden; *Anelloviridae*, *Circoviridae* ve *Parvoviridae*, Grup III çift iplikçikli RNA virus ailelerinden; *Reoviridae*, Grup IV pozitif polariteli tek iplikçikli RNA virus ailelerinden *Astroviridae*, *Caliciviridae*, *Coronaviridae*, *Flaviviridae*, *Hepeviridae*, *Picornaviridae* ve *Togaviridae*, Grup V negatif polariteli tek iplikçikli RNA virus ailelerinden; *Bornaviridae*, *Filoviridae*, *Orthomyxoviridae*, *Paramyxoviridae* ve *Rhabdoviridae*, Grup VI DNA aracılı replike olan tek iplikçikli RNA virus ailelerinden; *Retroviridae* ve Grup VII RNA aracılı replike olan çift iplikçikli DNA virus ailelerinden *Hepadnaviridae* olarak bildirilmiştir (Hayman 2016).

### Yarasa kaynaklı zoonotik viruslar

Yarasa viruslarının keşfi yarasalarda kuduz virusunun bulunmasıyla başlamıştır. Etken; RNA'lı viruslar olan *Mononegavirales* takımı, *Rhabdoviridae* ailesi, *Alpharhabdovirinae* alt ailesi, *Lyssavirus* cinsinde yer almaktadır Lyssaviruslar, kuduz virusu (RABV; *Lyssavirus rabies*) ve 16 adet kuduz-ilişkili lyssavirus türlerini kapsamaktadır. Lyssaviruslar, memelilerde tedavisi bulunmayan akut progresif ensefalomyelitle neden olmakta ve insanlar dahil duyarlı diğer

memeliler arasında doğrudan ısırıklar, çizikler veya enfekte tükrük ile mukoza zarlarının kontaminasyonu yoluyla bulaşmaktadır. Yarasalar çoğu kuduz-ilişkili lyssavirus için başlıca rezervuar konakçı iken, kuduz virusunun (RABV) doğada dolaşımı sadece etoburlar (Carnivora takımı) ve yarasalar tarafından sağlanmaktadır (Calisher 2015; Anonim 2023a). Yaklaşık iki bin yıldır kuduz hastalığının insanlara sadece kuduz köpeğin ısırmasıyla bulaştığı düşünülmekte iken yirminci yüzyılın başlarında köpek kuduzunun etkili yöntemlerle kontrol altına alınmasından sonra vahşi yaşam türlerinin, özellikle de etoburların kuduzun doğal vektörleri oldukları belirlenmiştir. On altıncı yüzyılda, Karayipler'deki ilk İspanyol kaşifler yaptıkları gözlemler sonucunda yarasaların kuduzla ilişkili ilk yaban hayatı türleri olduğunu keşfetmişlerdir (Greenhall 1993). On sekizinci yüzyılda kan emen yarasalar vampir yarasa olarak adlandırılmıştır ve bundan iki yüz yıl sonra da Trinidad ve Güney Amerika'da görülen *Desmodus rotundus* türü vampir yarasalarda kuduzun ilk bilimsel tanımlaması yapılmıştır (Pawan 1936). Yarasa ısırığı ile diğer canlılara yarasa viruslarının bulaşması sadece kuduz virusu için gösterilmiştir fakat kasıtlı bir temas oluşmadıkça yarasa türleri genellikle insanları ısırılmamaktadır (Joffrin ve ark. 2018). Kuduz virusunun ilk izolasyonu 1931'de yapılmıştır (Pawan 1936). Daha sonra, meyve yiyen yarasalar ve paralitik kuduz arasındaki bağlantı kurulmuştur (Pawan 1948). Bu çalışmalar, kuduz virusu ve yarasa ilişkisi araştırmalarını ileriye taşımıştır (Calisher 2015).

*Mononegavirales* takımında yer alan bir başka virus ailesi olan *Filoviridae* ailesinde bulunan Ebola virusu hastalığı etkeni *Orthoebolavirus* (6 tür) ve Marburg virusu hastalığı etkeni *Orthomarburgvirus* (1 tür) cinsleri, insanlarda ve primatlarda şiddetli ve çoğu zaman öldürücü hemorajik ateş ile seyreden hastalıklardan sorumlu olan viruslardır (Olival ve Hayman 2014; Anonim 2023b). Marburg virusu hastalığı yüksek derecede virulent ve %88'e varan ölüm oranıyla oldukça öldürücü bir hastalıktır. 1967'de Almanya'da Marburg ve Frankfurt'ta, Sırbistan'da ise Belgrad'da aynı anda meydana gelen iki büyük salgın, hastalığın ilk kez tanınmasına neden olmuş ve salgın laboratuvar çalışmasında kullanılan Uganda'dan ithal edilmiş Afrika yeşil maymunları ile ilişkilendirilmiştir (Anonim 2023c). Marburg virusu ile enfekte olan birçok insanın hasta olmadan önce *Rousettus aegyptiacus* türü meyve yarasalarının mağaralarına girdikleri ve yarasalar veya onların sekresyonları ile düzenli temasta oldukları bildirilmiştir (Adjemian ve ark. 2011). 1976 yılında Kuzey Demokratik Kongo Cumhuriyeti'nde, benzer özellik-



ler gösteren fakat immünolojik olarak farklılık sergileyen Ebola virüsü bildirilmiştir (Beer ve ark. 1999). Meyve ve böceklerle beslenen yarasalar türleri Marburg virüsü ve Ebola virüsü için doğal konaklardır. Bu virüsler, çoğunlukla virüs taşıyan insanların kan ve dışkı gibi vücut sıvıları ve ölü yarasalar ile temas sonucu insanlara geçmektedir. Ayrıca hastalık taşıyan maymunlardan da insanlara geçiş olabilmektedir. Epidemiler ise genellikle insandan insana virüs bulaşması ile şekillenmektedir (Olival ve Hayman 2014; Leendertz ve ark. 2016). Ebola hastalığında ilk olarak aniden yükselen ateş, yorgunluk, kas ağrısı, baş ağrısı ve boğaz ağrısı görülmekte ve daha sonra kusma, ishal, döküntü, iç ve dış kanamalar klinik tabloya katılmaktadır (Anonim 2023d). Yarasaların avlanılması ve protein kaynağı olarak tüketilmesi özellikle Ebola virüsü için potansiyel enfeksiyon kaynağı olarak işaret edilmiştir. 1976 yılındaki ilk olası insan vakasının, avcılardan alınan taze yarasalar etinin tüketimi sonucu olduğu bildirilmiştir (Leroy ve ark. 2009).

*Mononegavirales* takımında yer alan diğer bir virüs ailesi olan *Paramyxoviridae* ailesi de *Henipavirus* cinsinde yer alan Nipah virüsü (*Henipavirus nipahense*) ve Hendra virüsü (*Henipavirus hendraense*) da insanlarda ciddi ve potansiyel olarak ölümcül hastalıklara neden olmaktadır. Pteropus cinsi yarasalar, Nipah ve Hendra virüslerinin genel rezervuar konakları olarak tanımlanmıştır (Clayton ve ark. 2013; Anonim 2023b). İlk olarak 1998'de Malezya'da ortaya çıkmış olan Nipah virüsü domuzlarda solunum yolu hastalıklarına ve ensefalit salgınına neden olmuştur. Şiddetli ateşli ensefalit ile ilişkili Nipah virüsünün, meyve ağaçları bulunan ticari domuz çiftliklerinde, bu meyvelerle beslenen yarasaların virüsü meyvelere bulaştırması ve bu meyvelerin domuz ağıllarına düşerek domuzlar tarafından tüketilmesi ile domuzlarda enfeksiyon oluşturduğu, domuzlar aracılığı ile de virüsün enfekte hayvanlarla yakın temas halindeki insanlara bulaştığı belirlenmiştir (Pulliam ve ark. 2012). Bangladeş'teki ve Hindistan'daki diğer iki salgında ise bir ara konakçı hayvan tanımlanmamıştır. Bulaşmanın meyve yarasalarının tükürüğü ve idrarı ile kontamine olmuş hurma ağacı meyvelerinin tüketilmesi ile yarasadan insana ve insandan insana olduğu düşünülmektedir (Clayton ve ark. 2013; Luby ve ark. 2006). Hendra virüsü ise insanlar ve atlarda ölümcül solunum yolu hastalığına neden olmaktadır (Plowright ve ark. 2011). Avustralya'da görülmüş olan salgınlarda atlar ara konaktır ve virüs büyük olasılıkla enfekte yarasalar idrarı, tükürüğü ve dışkısı ile kontamine yem, mera veya su alımı yoluyla atlara bulaşmaktadır. Atlardan insanlara, hasta hayvanlarla yakın temas olması durumunda bulaşma meydana

gelmektedir. Bugüne kadar, insandan insana bulaşma bildirilmemiştir (Clayton ve ark. 2013).

Koronavirüsler (CoV), hayvanlarda veya insanlarda solunum, sindirim ve sinir sistemlerinde ve karaciğerde hastalığa neden olabilen büyük bir virüs grubudur (Decaro ve Buonavoglia 2008). RNA genomuna sahip CoV'lar; *Nidovirales* takımı, *Cornidovirinae* alt takımı içinde bulunan *Coronaviridae* ailesi, *Orthocoronavirinae* alt ailesinde yer almaktadır. CoV'lar filogenetik olarak Alpha, Beta, Delta ve Gamma olmak üzere dört cinse ayrılmaktadır (Anonim 2023b). Bilinen yedi insan CoV'undan HCoV-229E ve HCoV-NL63 Alpha-CoV cinsinde, HCoV-OC43, HCoV-HKU1, SARS-CoV, MERS-CoV ve SARS-CoV-2 ise Beta-CoV cinsinde yer almaktadır. Yarasalardan, insanlardan, kuşlardan ve diğer omurgalı canlılardan elde edilmiş tamamlanmış CoV genom dizilerinin filogenetik analizleri, yarasaların bütün CoV dallarının köken aldığı rezervuar konaklar olabileceğini göstermiştir (Vijaykrishna ve ark. 2007; Woo ve ark. 2009). Koronavirüsler türler arası bulaşmada yüksek bir potansiyele sahiptir ve mutasyona duyarlı genetik yapıları sebebiyle kolayca yeni alt tipleri ortaya çıkmakta, yeni ortaya çıkan CoV'lar da türler arası geçiş yaparak hayvanlardan insanlara bulaşmakta ve yayılmaktadır (Decaro ve Buonavoglia 2008). Yirmi birinci yüzyılda ortaya çıkan ve insanlarda beklenmedik salgınlara neden olan SARS-CoV ve MERS-CoV'un yarasalardan köken aldıkları tespit edilmiştir (Hu ve ark. 2015). Şubat 2003'te Çin'de tanımlanmış olan SARS-CoV, 4 ay içinde 27 farklı ülkede tespit edilmiştir (Weinstein 2004). SARS-CoV olgusunda, Nalburunlu yarasalar arasında sirküle olan virüsle enfekte misk kedilerinin virüsün çoğaldığı ara konak olabilecekleri bildirilmiştir (Hu ve ark. 2017). Çin'de bulunan çeşitli Rhinolophidae ailesindeki yarasaların genetik olarak çeşitli SARS-benzeri-CoV'ları barındırdıkları ve hücreye giriş için SARS-CoV ile aynı reseptörü kullanabildikleri tespit edilmiştir (Ge ve ark. 2013). İlk olarak 2012 yılında Arap Yarımadası'nda bildirilen MERS ise günümüze kadar 27 ülkede görülmüştür (Chafekar ve Fielding 2018). Dünya çapında pek çok yarasalar türünde bazıları MERS-CoV ile filogenetik olarak aynı, bazıları da benzer çeşitli koronavirüsler keşfedilmiştir (Yang ve ark. 2014). Ara konakların yarasalardan insanlara koronavirüslerin iletilmesinde ve ortaya çıkmasında önemli bir rol oynadığına inanılmaktadır (Hu ve ark. 2015). MERS-CoV salgınında olduğu gibi, virüslerin insanlara bulaşmadan önce çiftlik hayvanları arasında uzun süre belirti vermeden sirkülasyonu mümkün olabilmektedir. MERS-benzeri-CoV'ların, virüsün insanlarda tespitinden önce rezervuar konak olarak

çöl develerinde 30 yıldan daha uzun bir süre sirküle olmuş olabileceği belirtilmiştir (Müller ve ark. 2014). Lama ve yaban domuzu gibi diğer hayvanların da MERS-CoV enfeksiyonuna duyarlı olması MERS-CoV için daha geniş bir konak spektrumunu akla getirmektedir (Joffrin ve ark. 2018). Yarasalarda ayrıca, insan HCoV-229E ve HCoV-NL63 ile genetik olarak ilişkili olan koronavirüsler da bulunmuştur (Hu ve ark. 2015).

Yarasa ilişkili DNA'lı virüslere *Herpesviridae* ve *Adenoviridae* ailelerine dahil türler örnek olarak gösterilebilir. Yarasa herpesvirüsleri zoonotik özellikte olmamasına rağmen Myotis yarasa hücre hattından izole edilen bir gammaherpesvirüsün insan kökenli hücre hatlarında üreme gösterdiği bildirilmiştir (Shabman ve ark. 2016). Yarasa adenovirüslerinin ise kurumuş dışkı materyalinden aerosol yolla potansiyel olarak bulaşabildiği belirtilmiş olmakla birlikte, insanlar için potansiyel zoonotik riski düşük görülmektedir (Benkő ve ark. 2014).

## Sonuç

Özellikle geçtiğimiz yüzyıl boyunca sanayileşmede yaşanan hızlı gelişmeler ile birlikte dünyadaki insan nüfusunun hızla artması, beslenme ve barınma konusundaki ihtiyaçları beraberinde getirmiş ve gün geçtikçe de daha çok getirmektedir. Buna bağlı olarak kentleşme, yoğun tarım uygulamaları, ormanların tahribatı, eskiden girilmeyen yaban hayat bölgelerine giriş, yaban hayvanları ile temasın artması ve iklim değişikliği gibi çeşitli faktörler nedeniyle bilinen ve bilinmeyen patojenlerin türler arasında bulaşma riski, insan ve hayvan popülasyonları için hastalıklar açısından tehdit haline gelmiştir. Bu durum zoonotik hastalıkların sayısında ve görülme sıklığında da artışa sebep olmuştur. Küreselleşen ulaşım ile birlikte dünyada birbirinden uzak coğrafyalar arasında yer değiştirmenin kolaylaşması da hastalıkların kısa sürede farklı kıtalar ve ülkeler arasında yayılmasını kolaylaştıran ve salgınların hatta pandemilerin görülme olasılığını artıran bir diğer faktördür. Bu faktörlerin sonucu olarak çok eski zamanlardan beri çoğu zoonotik hastalığın etkeni olarak önemini korumakta olan ve halk sağlığı açısından yüksek düzeyde önem arz eden viral hastalıklara da gün geçtikçe yenileri eklenmiş ve eklenmektedir. Diğer memeli takımlarına ait olan virüslere göre daha büyük bir virus çeşitliliğine sahip olan yarasalar ise hem sebep oldukları hem de gelecekte sebep olabilecekleri çeşitli viral zoonotik hastalıklar açısından Tek Sağlık yaklaşımı çerçevesinde global olarak çok farklı meslek grupları tarafından yoğun olarak araştırılmaktadır.

**Maddi destek ve çıkar ilişkisi:** Çalışmayı maddi olarak destekleyen kişi/kuruluş yoktur ve yazarın herhangi bir çıkara dayalı ilişkisi yoktur.

## Kaynaklar

- Adjemian J, Farnon EC, Tschioke F, Wamala JF, Byaruhanga E, Bwire GS, Kansiime E, Kagirita A, Ahimbisibwe S, Katunguka F, Jeffs B, Lutwama JJ, Downing R, Tappero JW, Formenty P, Amman B, Manning C, Towner J, Nichol ST, Rollin PE. (2011) Outbreak of Marburg hemorrhagic fever among miners in Kamwenge and Ibanda districts, Uganda, 2007. *J. Infect. Dis.* 204, 796-799.
- Amman BR, Jones ME, Sealy TK, Uebelhoer LS, Schuh AJ, Bird BH, Coleman-McCray JD, Martin BE, Nichol ST, Towner JS. (2015) Oral shedding of Marburg virus in experimentally infected Egyptian fruit bats (*Rousettus aegyptiacus*). *J. Wildl. Dis.* 51(1), 113-124.
- Anonim. (2023a) Subfamily: *Alpharhabdovirinae* Genus: *Lyssavirus*. Erişim adresi: <https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/lyssavirus>, Erişim tarihi: 24.06.2023.
- Anonim. (2023b) Current ICTV Taxonomy Release. Erişim adresi: <https://ictv.global/taxonomy>, Erişim tarihi: 24.06.2023.
- Anonim. (2023c) Marburg virus disease. Erişim adresi: [https://www.who.int/health-topics/marburg-virus-disease#tab=tab\\_1](https://www.who.int/health-topics/marburg-virus-disease#tab=tab_1), Erişim tarihi: 24.06.2023.
- Anonim. (2023d) Ebola virus disease. Erişim adresi: [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease?gclid=Cj0KCQjwnf-kBhCnARIsAFIq493Vnw1A6CScGPZe-42c5w8Cwn-5p-ugK8V3CpNX7Kii1L9eljWdlimgaAvdmEALw\\_wcB](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease?gclid=Cj0KCQjwnf-kBhCnARIsAFIq493Vnw1A6CScGPZe-42c5w8Cwn-5p-ugK8V3CpNX7Kii1L9eljWdlimgaAvdmEALw_wcB), Erişim tarihi: 24.06.2023.
- Ber B, Kurth R, Bukreyev A. (1999) Characteristics of Filoviridae: Marburg and Ebola viruses. *Naturwissenschaften.* 86(1), 8-17.
- Benkő M, Harrach B, Kremer EJ. (2014) Do nonhuman primate or bat adenoviruses pose a risk for human health?. *Future Microbiol.* 9(3), 269-272.
- Calisher CH, Childs JE, Field HE, Holmes KV, Schountz T. (2006) Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin Microbiol Rev.* 19(3), 531-545.
- Calisher C.H. (2015) Viruses In Bats: A Historic Review. Wang LF, Cowled C. eds. *Bats and Viruses A New Frontier of Emerging Infectious Diseases*. John Wiley & Sons, Canada.
- Chafekar A, Fielding BC. (2018) MERS-CoV: Understanding the Latest Human Coronavirus Threat. *Viruses.* 10(2), 93.
- Chege HN, Schepers C, Wolfaardt GJJ. (2015) Documenting the bat species assemblages of the Meletse Bat Research and Conservation Training Centre in Limpopo Province, Thabazimbi. *South Africa African Bat Conserv News.* 38, 5-8.
- Clayton BA, Wang LF, Marsh GA. (2013) Henipaviruses: an updated review focusing on the pteropid reservoir and features of transmission. *Zoonoses Public Health.* 60(1), 69-83.
- Clyde WC, Koch SN, Gunnell PL, Bartels GFWS. (2001) Linking the Wasatchian/Bridgerian boundary to the Cenozoic Global Climate Optimum: new magnetostratigraphic and isotopic results from South Pass, Wyoming. *Palaeogeogr Palaeoclimatol Palaeoecol.* 167(1-2), 175-199.
- Decaro N, Buonavoglia C. (2008) An update on canine coronaviruses: viral evolution and pathobiology. *Vet Microbiol.* 132(3-4), 221-234.
- Dobson AP. (2005) What links bats to emerging infectious diseases?. *Science.* 310(5748), 628-629.

- Fogarty R, Halpin K, Hyatt AD, Daszak P, Mungall BA. (2008) Heparin susceptibility to environmental variables. *Virus Res.* 132(1-2), 140-144.
- Ge XY, Li JL, Yang XL, Chmura AA, Zhu G, Epstein JH, Mazet JK, Hu B, Zhang W, Peng C, Zhang YJ, Luo CM, Tan B, Wang N, Zhu Y, Cramer G, Zhang SY, Wang LF, Daszak P, Shi ZL. (2013) Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature.* 503(7477), 535-538.
- Gerow CM, Rapin N, Voordouw MJ, Elliot M, Misra V, Subudhi S. (2019) Arousal from hibernation and reactivation of Eptesicus fuscus gammaherpesvirus (EfHV) in big brown bats. *Transbound Emerg Dis.* 66, 1054-1062.
- Gonzalez V, Banerjee A. (2022) Molecular, ecological, and behavioral drivers of the bat-virus relationship. *iScience.* 25(8), 104779.
- Greenhall AM. (1993) Ecology and bionomics of vampire bats in Latin America. Greenhall AM, Artois M, Fekadu M. eds. Bats and Rabies. Fondation Marcel Mérieux, Lyon.
- Hayes MA, Piaggio AJ. (2018) Assessing the potential impacts of a changing climate on the distribution of a rabies virus vector. *PLoS One.* 13, e0192887.
- Hayman DT, Bowen RA, Cryan PM, McCracken GF, O'Shea TJ, Peel AJ, Gilbert A, Webb CT, Wood JLN. (2013) Ecology of zoonotic infectious diseases in bats: current knowledge and future directions. *Zoonoses Public Hlth.* 60(1), 2-21.
- Hayman DT. (2016) Bats as viral reservoirs. *Annu Rev Virol.* 3(1), 77-99.
- Hu B, Ge X, Wang LF, Shi Z. (2015) Bat origin of human coronaviruses. *Virol J.* 12(1), 221.
- Hu B, Zeng L, Yang X, Ge X, Zhang W, Li B, Xie JZ, Shen XR, Zhang YZ, Wang N, Luo DS, Zheng X, Wang M, Daszak P, Wang L, Cui J, Shi Z. (2017) Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. *PLoS Pathog.* 13(11), e1006698.
- Joffrin L, Dietrich M, Mavingui P, Lebarbenchon C. (2018) Bat pathogens hit the road: But which one?. *PLoS Pathog.* 14(8), e1007134.
- Jones ME, Schuh AJ, Amman BR, Sealy TK, Zaki SR, Nichol S, Towner JS. (2015) Experimental inoculation of Egyptian Rousette bats (*Rousettus aegyptiacus*) with viruses of the Ebolavirus and Marburgvirus Genera. *Viruses.* 7, 3420-3442.
- Kunz T, Fenton, MB, eds. (2003) Bat Ecology. Bibliovault OAI Repository: the University of Chicago Press.
- Leendertz SA, Gogarten JF, Dux A, Calvignac-Spencer S, Leendertz FH. (2016) Assessing the evidence supporting fruit bats as the primary reservoirs for Ebola viruses. *Ecohealth.* 13(1), 18-25.
- Leroy EM, Rouquet P, Formenty P, Souquière S, Kilbourne A, Froment JM, Bermejo M, Smit S, Karesh W, Swanepoel R, Zaki SR, Rollin PE. (2004) Multiple Ebola virus transmission events and rapid decline of central African wildlife. *Science.* 303(5656), 387-390.
- Letko M, Seifert SN, Olival KJ, Plowright RK, Munster VJ. (2020) Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. *Nat Rev Microbiol.* 18(8), 461-471.
- Luby S, Rahman M, Hossain M, Blum L, Husain M, Gurley E, Khan R, Ahmed BN, Rahman, S, Nahar N, Kenah E, Comer JA, Ksiazek TG. (2006) Foodborne transmission of Nipah virus, Bangladesh. *Emerging Infect Dis.* 12(12), 1888-1894.
- Luis AD, Hayman DT, O'Shea TJ, Cryan PM, Gilbert AT, Pulliam JR, Mills JN, Timonin ME, Willis CK, Cunningham AA, Fooks AR, Rupprecht CE, Wood JLN, Webb CT. (2013) A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special? *Proc R Soc B: Biol Sci.* 280(1756), 20122753.
- Luis AD, O'Shea TJ, Hayman DTS, Wood JLN, Cunningham AA, Gilbert AT, Mills JN, Webb CT. (2015) Network analysis of host-virus communities in bats and rodents reveals determinants of cross-species transmission. *Ecol Lett.* 18, 1153-1162.
- Miller MR, McMinn RJ, Misra V, Schountz T, Müller MA, Kurth A, Munster VJ. (2016) Broad and temperature independent replication potential of Filoviruses on cells derived from old and new world bat species. *J Infect Dis.* 214, S297-S302.
- Moratelli R, Calisher CH. (2015) Bats and zoonotic viruses: Can we confidently link bats with emerging deadly viruses?. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 110(1), 1-22.
- Müller MA, Corman VM, Jores J, Meyer B, Younan M, Liljander A, Bosch BJ, Lattwein E, Hilali M, Musa BE, Bornstein S, Drosten C. (2014) MERS Coronavirus neutralizing antibodies in camels, Eastern Africa, 1983-1997. *Emerging Infect Dis.* 20(12), 2093-2095.
- Nowak RM, Walker EP, Kunz TH, Pierson ED, eds. (1994) Walker's Bats of the World. Baltimore: JHU Press.
- Olival KJ, Hayman DT. (2014) Filoviruses in bats: current knowledge and future directions. *Viruses.* 6(4), 1759-1788.
- Olival KJ, Hosseini PR, Zambrana-Torrelío C, Ross N, Bogich TL, Daszak P. (2017) Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature.* 546(7660), 646-650.
- O'Shea TJ, Cryan PM, Cunningham AA, Fooks AR, Hayman DTSS, Luis AD, Peel AJ,
- Plowright RK, Wood, JLN. (2014) Bat flight and zoonotic viruses. *Emerg Infect Dis.* 20, 741-745.
- Pawan JL. (1936) The transmission of paralytic rabies in Trinidad by the vampire bat (*Desmodus rotundus murinus* Wagner, 1840). *Ann trop med parasitol.* 30(1), 101-130.
- Pawan JL. (1948) Fruit-eating bats and paralytic rabies in Trinidad. *Ann. trop. med. parasitol.* 42(2), 173-177.
- Pavlovich SS, Lovett SP, Koroleva G, Guito JC, Arnold, CE, Nagle ER, Kulcsar K, Lee A, Thibaud-Nissen F, Hume AJ, Mühlberger E, Uebelhoer LS, Towner JS, Rabadan R, Sanchez-Lockhart M, Kepler TB, Palacios G. (2018) The Egyptian rousette genome reveals unexpected features of bat antiviral immunity. *Cell.* 173, 1-13.
- Piercy TJ, Smither SJ, Steward JA, Eastaugh L, Lever MS. (2010) The survival of filoviruses in liquids, on solid substrates and in a dynamic aerosol. *J Appl Microbiol.* 109(5), 1531-1539.
- Plowright RK, Foley P, Field HE, Dobson AP, Foley JE, Eby P, Daszak P. (2011) Urban habituation, ecological connectivity and epidemic dampening: the emergence of Hendra virus from flying foxes (*Pteropus* spp.). *Proc R Soc B: Biol Sci.* 278(1725), 3703-3712.
- Plowright RK, Eby P, Hudson PJ, Smith IL, Westcott D, Bryden WL, Middleton D, Reid PA, McFarlane RA, Martin G, Tabor GM, Skerratt LF, Anderson DL, Cramer G, Quammen D, Jordan D, Freeman P, Wang LF, Epstein JH, Marsh GA, Kung NY, McCallum H. (2015) Ecological dynamics of emerging bat virus spillover. *Proc R Soc B: Biol Sci.* 282(1798), 20142124.
- Pulliam JRC, Epstein JH, Dushoff J, Rahman SA, Bunning M, Jamaluddin AA, Hyatt AD, Field HE, Dobson AP, Daszak P. (2012) Agricultural intensification, priming for persistence and the emergence of Nipah virus: a lethal bat-borne zoonosis. *J R Soc Interface.* 9(66), 89-101.
- Richter HV, Cumming GS. (2006) Food availability and annual migration of the straw-colored fruit bat (*Eidolon helvum*). *J Zool.* 268, 35-44.
- Rodhain F. (2015) Bats and Viruses: complex relationships. *Bull Soc Pathol Exot.* 108(4), 272-289.

- Salmon AB, Leonard S, Masamsetti V, Pierce A, Podlutzky AJ, Podlutzkaya N, Richardson A, Austad SN, Chaudhuri AR. (2009) The long lifespan of two bat species is correlated with resistance to protein oxidation and enhanced protein homeostasis. *FASEB J.* 23, 2317-2326.
- Schountz T, Baker ML, Butler J, Munster V. (2017) Immunological control of viral infections in bats and the emergence of viruses highly pathogenic to humans. *Front Immunol.* 8, 1098.
- Schuh AJ, Amman BR, Sealy TK, Spengler JR, Nichol ST, Towner JS. (2017) Egyptian rousette bats maintain long-term protective immunity against Marburg virus infection despite diminished antibody levels. *Sci Rep.* 7(1), 8763.
- Shabman RS, Shrivastava S, Tsibane T, Attie O, Jayaprakash A, Mire CE, Dilley KE, Puri V, Stockwell TB, Geisbert TW, Sachidanandam R, Basler CF (2016) Isolation and characterization of a novel Gammaherpesvirus from a microbat cell line. *mSphere.* 1(1), e00070-15.
- Sherwin HA, Montgomery WI, Lundy MG. (2013) The impact and implications of climate change for bats. *Mamm. Rev.* 43, 171-182.
- Towner JS, Amman BR, Sealy TK, Reeder Carroll SA, Comer JA, Kemp A, Swanepoel R, Paddock CD, Balinandi S, Khristova ML, Formenty PBH, Albarino CG, Miller DM, Reed ZD, Kayiwa JT, Mills JN, Cannon DL, Greer PW, Byaruhanga E, Farnon EC, Atimnedi P, Okware S, Katongole-Mbidde E, Downing R, Tappero JW, Zaki SR, Ksiazek TG, Nichol ST, Rollin PE. (2009) Isolation of genetically diverse Marburg viruses from Egyptian fruit bats. *PLoS Pathog.* 5, 1-9.
- Vijaykrishna D, Smith GJ, Zhang JX, Peiris JS, Chen H, Guan Y. (2007) Evolutionary insights into the ecology of coronaviruses. *J Virol.* 81(8), 4012-4020.
- Wang LF, Walker PJ, Poon LLM. (2011) Mass extinctions, biodiversity and mitochondrial function: Are bats "special" as reservoirs for emerging viruses?. *Curr Opin Virol.* 1, 649-657.
- Wang LF, Anderson DE. (2019) Viruses in bats and potential spillover to animals and humans. *Curr Opin Virol.* 34, 79-89.
- Weinstein RA. (2004) Planning for epidemics-the lessons of SARS. *N Engl J Med.* 350(3), 2332-2334.
- Wilson DE, Reeder DAM, eds. (2005) Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference. Baltimore: JHU Press, Volume 2.
- Woo PC, Lau SK, Huang Y, Yuen KY. (2009) Coronavirus diversity, phylogeny and interspecies jumping. *Exp Biol Med.* 234(10), 1117-1127.
- Woo PCY, Lau SKP. (2019) Viruses and Bats. *Viruses.* 11(10), 884. <https://doi.org/10.3390/v11100884>.
- Yang L, Wu Z, Ren X, Yang F, Zhang J, He G, Dong J, Sun L, Zhu Y, Zhang S, Jin Q. (2014) MERS-related betacoronavirus in *Vespertilio superans* bats, China. *Emerging Infect Dis.* 20(7), 1260-1262.
- Zhang G, Cowled C, Shi Z, Huang Z, Bishop-Lilly KA, Fang X, Wynne JW, Xiong Z, Baker ML, Zhao W, Tachedjian M, Zhu Y, Zhou P, Jiang X, Ng J, Yang L, Wu L, Xiao J, Feng Y, Chen Y, Sun X, Zhang Y, Marsh GA, Cramer G, Broder CC, Frey KG, Wang LF, Wang J. (2013) Comparative analysis of bat genomes. *Science.* 339, 456-460.
- Zhou P, Tachedjian M, Wynne JW, Boyd V, Cui J, Smith I, Cowled C, Ng JHJ, Mok L, Michalski WP, Mendenhall IH, Tachedjian G, Wang LF, Baker ML. (2016) Contraction of the type I IFN locus and unusual constitutive expression of IFN- $\alpha$  in bats. *Proc Natl Acad Sci USA.* 113, 2696-2701.