



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

UNIDAD IZTAPALAPA

DIVISIÓN DE CIENCIAS BÁSICAS Y DE LA SALUD
MAESTRÍA EN BIOLOGÍA

**“ANÁLISIS BIBLIOMÉTRICO Y FILOGENÉTICO DE LA INVESTIGACIÓN DE
MURCIÉLAGOS Y VIRUS EN EL MUNDO (1990-2021).”**

TESIS
PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN BIOLOGÍA

PRESENTA:
WENCESLAO PARRILLA MARTÍNEZ

MATRICULA: 2212801308
CORREO: wenpar10@gmail.com
ORCID: 0009-0005-3205-7399

CODIRECTOR: DR. LUIS MANUEL GUEVARA CHUMACERO
CODIRECTOR: DR. RICARDO LÓPEZ WILCHIS
ASESOR: DR. MIGUEL ÁNGEL LEÓN TAPIA

JURADO:
PRESIDENTE: DR. MIGUEL ÁNGEL LEÓN GALVÁN
SECRETARIO: DR. FERNANDO SALGADO MEJIA
VOCAL: DR. MIGUEL ÁNGEL LEÓN TAPIA
VOCAL: DR. JOSÉ ÁLVARO AGUILAR SETIÉN

Iztapalapa, Ciudad de México, a 6 de febrero de 2025



CONAHCYT

CONSEJO NACIONAL DE HUMANIDADES
CIENCIAS Y TECNOLOGÍAS

La Maestría en Biología de la Universidad
Autónoma Metropolitana pertenece al Padrón de
Postgrados de Calidad del CONAHCYT.

CVU 1141572

con vigencia del 01 de agosto de 2021

al 31 de julio de 2023

El jurado designado por la
División de Ciencias Biológicas y de la Salud
de la Unidad Iztapalapa aprobó la tesis que presentó:

Wenceslao Parrilla Martínez El día 6 de febrero del año de 2025.

Comité Tutorial

Codirector: Dr. Luis Manuel Guevara Chumacero



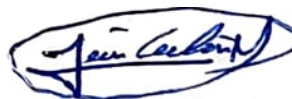
Codirector: Dr. Ricardo López Wilchis



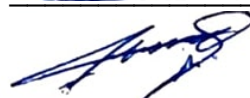
Asesor: Dr. Miguel Ángel León Tapia

Jurado

Presidente: Dr. Miguel Ángel León Galván



Secretario: Dr. Fernando Salgado Mejia



Vocal: Dr. José Álvaro Aguilar Setién



Vocal: Dr. Miguel Ángel León Tapia



Declaración de originalidad

El que suscribe **Wenceslao Parrilla Martínez**, alumno del posgrado **Maestría en Biología**, de la División de Ciencias Biológicas y de la Salud, de la Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa y autor de la tesis o idónea comunicación de resultados titulada: **“Análisis bibliométrico y filogenético de la investigación de murciélagos y virus en el mundo (1990-2021)”**.

Declaro que:

1. La tesis o idónea comunicación de resultados que presento ante **el H. Jurado** para lo obtención del grado de **Maestro en Biología** es de mi autoría y original creación, producto del resultado de mi trabajo de investigación personal e individual; el cual cuenta con las correspondientes citas textuales del material bibliográfico utilizado y con el debido otorgamiento de los créditos autorales.
2. En la tesis o idónea comunicación de resultados no he reproducido párrafos completos; ilustraciones, fotografías, diagramas, cuadros y tablas, sin otorgamiento del crédito autoral y fuente correspondiente.
3. En consecuencia, relevo de toda responsabilidad a la Universidad Autónoma Metropolitana de cualquier demanda o reclamación que llegara a formular alguna persona física o moral que se considere con derecho sobre la tesis o idónea comunicación de resultados, respondiendo por la autoría y originalidad de la misma, asumiendo todas las consecuencias económicas y jurídicas si ésta no fuese de mi creación.

La presente declaración de originalidad se firma en la Ciudad de México el 6 de febrero del 2025.

Atentamente



Biol. Wenceslao Parrilla Martínez

Dedicatoria

A mis padres Jacqueline Martínez Rivera y Eduardo Parrilla Hernández por su apoyo incondicional e impulsarme a seguir mis metas, gracias por creer en mí y guiarme a ser cada día una mejor persona, ustedes son parte de este logro.

A mi hermana Ailin Michelle por escucharme y estar para mí cada que la necesito, por su paciencia al soportarme. Gracias por todo el cariño que me has brindado y estar en los momentos más importantes de mí vida.

A mis abuelos maternos Ma. De Jesús Rivera y Porfirio Martínez que me han apoyado en todo lo que he necesitado y deseo que estén presentes muchos años más.

A mis abuelos paternos Alicia Hernández y Fernando Parrilla que fueron mis segundos padres, gracias por todo el amor y cariño que me dieron, los extraño mucho.

A mi mejor amigo Armando Buendía, que ha sido como un hermano mayor para mí. Gracias por todo el apoyo que me has brindado sobre todo en mis momentos más difíciles y me ayudaste a encontrar el camino correcto. Te agradezco infinitamente tu amistad.

Agradecimientos

Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT) por la beca otorgada para mis estudios de maestría, la cual me permitió realizar y cumplir en forma mis estudios.

A la coordinación de la Maestría en Biología de la Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa por permitirme ser parte de su programa de posgrado.

Agradezco infinitamente al Dr. Luis Manuel Guevara Chumacero por el gran soporte académico desde la UEA “Evolución Animal” y me extendió la mano para ser mi tutor en diversos ámbitos para mi desarrollo profesional. Por su amistad y apoyo a lo largo de todos los años que llevamos de conocernos. Agradezco particularmente la paciencia que me ha tenido, así como todos los consejos que me ha brindado y me han guiado hasta aquí. Gracias por ser una fuente de inspiración.

Al Dr. Miguel Ángel León Tapia por haber aceptado formar parte de mi comité tutorial. Por el gran interés que puso en mi proyecto, y todas las ideas, consejos y herramientas que me ha proporcionado a lo largo del posgrado, las cuales ayudaron a enriquecer este proyecto. Gracias por la oportunidad de conocerlo y por el apoyo brindado.

Al Dr. Ricardo López Wilchis, por sus sugerencias, comentarios, consejos y valiosas correcciones en el desarrollo de este proyecto. Además de su infinita paciencia.

Al Dr. Francisco José Gutiérrez Mendieta, por todo el apoyo brindado a lo largo de mi posgrado, por su trato tan amable y paciencia siempre que tuve alguna duda.

A todos los profesores que me impartieron clases durante la maestría, gracias por sus consejos y conocimiento proporcionados.

A mis amigos de la maestría, con quienes compartí muchos momentos gratos y divertidos, y en quienes encontré un apoyo incondicional sobre todo cuando más lo necesitaba, gracias por su amistad.

Y a todas las personas que formaron parte de este trayecto de mi vida.

Resumen

Los murciélagos son huéspedes de una gran cantidad de virus, algunos de ellos zoonóticos, causantes de pandemias (*e.g.*, Nipah, coronavirus). Se especula que existe una relación coevolutiva entre ambos, por lo que los científicos han investigado esta asociación generando una gran cantidad de información (filogenética, evolutiva, inmunológica, transmisión viral) que debe ser analizada y sintetizada. El presente estudio evalúa la producción de la investigación entre virus y murciélagos en el período de 1990-2021 e infiere asociaciones evolutivas. Se realizó una búsqueda en la base de datos Scopus sobre artículos científicos sobre virus hospedados en murciélagos de todo el mundo, y después de una revisión exhaustiva se seleccionaron 1,378 documentos. Los resultados mostraron que Estados Unidos de América y China dominaron tanto en la producción como la influencia en los diferentes rubros (revistas, autores, institutos, documentos), reflejando la gran inversión que hacen en el campo de la virología. Por otro lado, se informó la presencia de 34 familias virales en 476 especies de murciélagos pertenecientes a 16 familias. Las áreas geográficas más estudiadas fueron el sur y el este de Asia, mientras que el continente africano, donde existe una gran diversidad de murciélagos, no ha sido suficientemente estudiado. Las familias de murciélagos más diversas Vespertilionidae y Phyllostomidae fueron las más estudiadas, mientras que aquellas con poca diversidad de especies (*e.g.*, Rhinopomatidae, Rhinonycteridae) recibieron poca atención. Por otra parte, las familias virales con implicaciones zoonóticas, como Rhabdoviridae y Coronaviridae, fueron las de mayor investigación. También se infirieron asociaciones evolutivas entre familias virales y murciélagos a nivel taxonómico y geográfico, reflejando una larga

historia coevolutiva. Aunque existe mucha información sobre la relación virus-murciélago, aún hay sesgos de muestreo de murciélagos a nivel taxonómico y geográfico que deben ser abordados, por lo cual este estudio podría proporcionar una referencia para comprender las tendencias de investigación actuales y futuras.

Palabras clave: chiroptera, virus, tendencias, asociaciones evolutivas, hospederos

Abstract

Bats are hosts a several amount of viruses, some of them zoonotic, causing pandemics (e.g., Nipah, coronavirus). It is speculated that occur a coevolutionary relationship between both, hence the scientists have investigated this association generating a large amount of information (phylogenetic, evolutionary, immunological, viral transmission) that must be analyzed and synthesized. The present study evaluates the research production between viruses and bats in the period 1990-2021 and infers evolutionary associations. A search was carried out in the Scopus database on scientific articles on viruses hosted by bats from around the world, and after a thorough review, 1,378 documents were selected. The results showed that the United States of America and China dominated both in production and influence in the different areas (journals, authors, institutes, documents), reflecting the large investment they make in the field of virology. On the other side, 34 viral families were reported in 476 bat species belonging to 16 families. The most studied geographic areas were South and East Asia, while the African continent, where there is a high diversity of bats, has not been sufficiently studied. The most diverse bat families (e.g., Vespertilionidae, Phyllostomidae) were the most studied, while those with low species diversity (e.g., Rhinopomatidae, Rhinonycteridae) received little attention. Furthermore, viral families with zoonotic implications, such as Rhabdoviridae and Coronaviridae, were the most investigated. Evolutionary associations between viral families and bats were also inferred at the taxonomic and geographic level, reflecting a long coevolutionary history. Although there is a lot of information on the virus-bat relationship, there are still sampling biases in bats at the taxonomic and geographic level that need to be

addressed, so this study could provide a reference to understand current and future research trends.

Keywords: chiroptera, virus, trends, evolutionary associations, hosts

ÍNDICE

1. Introducción.....	17
2. Antecedentes.....	20
3. Justificación.....	24
4. Preguntas de investigación.....	25
5. Hipótesis.....	26
6. Objetivos.....	26
6.1. Objetivo General.....	26
6.2. Objetivos Específicos.....	26
7. Materiales y métodos.....	27
7.1. Búsqueda de datos.....	27
7.2 Depuración de datos.....	28
7.3 Organización de la información.....	29
7.4 Análisis de datos.....	30
7.4.1 Información general biológica.....	30
7.4.2 Análisis bibliométricos.....	30
7.4.3 Mapeo científico.....	32
7.5 Análisis estadístico.....	32
7.6 Relaciones evolutivas murciélago-virus.....	34
7.6.1 Selección y obtención de filogenia de murciélagos.....	34
7.6.2 Presencia viral en murciélagos.....	34
7.6.3 Análisis de diversificación de linajes a través del tiempo en murciélagos que albergan virus en el periodo de estudio.....	35
7.6.4 Análisis de disparidad a través del tiempo en la diversificación del número de familias virales en murciélagos.....	35
7.6.5 Señal filogenética.....	36
7.6.6 Reconstrucción de estados ancestrales (Presencia o Ausencia de familias virales).....	37
8. Resultados y discusión.....	38
8.1 Descripción de la diversidad de virus y murciélagos.....	38
8.1.1 Diversidad de murciélagos.....	38
8.1.2 Diversidad viral.....	48
8.1.3 Métodos de detección de virus.....	52
8.1.4 Países con mayor detección de virus.....	55
8.2 Análisis bibliométricos.....	58
8.2.1 Volumen y tendencia de crecimiento.....	58
8.2.2 Distribución geográfica de las publicaciones.....	60
8.2.3 Revistas científicas.....	66
8.2.4 Autores.....	70
8.2.5 Estructura intelectual-Autores	75
8.2.6 Instituciones.....	78

8.2.7 Artículos más influyentes.....	80
8.2.8 Palabras clave.....	83
8.2.9 Evolución temática.....	86
8.3 Análisis estadísticos.....	92
8.4 Relaciones evolutivas murciélago-virus.....	93
8.4.1 Familias virales en murciélagos.....	93
8.4.2 Análisis de diversificación de linajes a través del tiempo de las especies de murciélagos que albergan virus en el periodo de estudio.....	94
8.4.3 Análisis de disparidad a través del tiempo en la en la diversificación del número de familias virales en murciélagos.....	96
8.4.4 Señal filogenética y estados ancestrales.....	98
9. Conclusiones.....	110
10. Bibliografía.....	114
11. Anexo 1.....	132
12. Anexo 2.....	161

Lista de Cuadros

Cuadro 1. Lista de temas utilizados en este estudio con su descripción.....	30
Cuadro 2. Lista y descripción de los análisis de desempeño usados en este estudio.....	31
Cuadro 3. Interpretación del coeficiente de correlación de Spearman de Rebollar y Francisco (2015).....	33
Cuadro 4. Familias de murciélagos con detección de virus, se indica el número de géneros murciélagos y especies de murciélagos, y el porcentaje de especies de murciélagos con detección de virus respecto al número total de especies de murciélagos por familia.....	39
Cuadro 5. Lista de las familias de virus detectadas en murciélagos con el número total de publicaciones.....	49
Cuadro 6. Lista de los principales métodos utilizados para detectar virus en murciélagos.....	52
Cuadro 7. Los 10 países más productivos de acuerdo con la afiliación del autor....	61
Cuadro 8. Los 10 países más citados de acuerdo con la afiliación del autor.....	61
Cuadro 9. Lista de las 10 revistas más productivas, indicando el número de artículos por revista, su porcentaje, país de origen, número de citas y la Media Total de Citas por Artículo (MTCart).....	66
Cuadro 10. Lista de los 10 autores más productivos, donde se indica el número de publicaciones, su porcentaje total, número de citas y el instituto al que estén afiliados.....	71
Cuadro 11. Lista de los 10 autores más influyentes, donde se indica el número de publicaciones, su porcentaje del total de artículos, número de citas y el instituto al que estén afiliados.....	74
Cuadro 12. Lista de las 10 instituciones más productivas, indicando el país de origen y el número de artículos publicados.....	78
Cuadro 13. Lista de las 20 publicaciones más citadas. Indicando el autor de correspondencia, el título del artículo, el número de citas en Scopus y en Publish or Perish, y la revista de origen.....	81
Cuadro 14. Señal filogenética y modelos evolutivos con mejor ajuste de acuerdo con el criterio de Akaike para cada familia viral.	132
Cuadro 15. Lista de las especies de murciélagos hospederos de virus. Se marca con una “x” la presencia de la familia viral en las especies de murciélagos.....	133

Lista de Figuras

Figura 1. Número de virus detectados por país. El tono azul indica la cantidad de virus, entre más fuerte es el tono de azul es mayor el número de virus. Mientras que el color gris indica ausencia de virus detectados.....	55
Figura 2. Crecimiento e impacto anual de la producción científica de artículos en la investigación de murciélagos-virus (1990-2021). Las barras en azul indican el número de artículos por año y la línea anaranjada la media de citas totales. La línea punteada es la línea de tendencia lineal con respecto al número de publicaciones por año. Las flechas negras indican años con importante incremento en el número de publicaciones.....	59
Figura 3. Mapa mundial de las publicaciones de acuerdo con el autor de correspondencia. Se señalan a los 10 países con el mayor número de publicaciones. Entre más fuerte es el tono de color azul mayor es la producción. Mientras que los países en color gris no tienen artículos publicados.....	61
Figura 4. Mapa bibliométrico de co-autoría de países en un periodo de 2012—2018. El color de la línea indica la colaboración entre países de acuerdo con el año señalado en la barra. Con fines de representación se fijó un umbral de un mínimo de 25 publicaciones y 100 citas por artículo publicado.....	65
Figura 5. Mapa bibliométrico de co-citación de revistas en la investigación de virus y murciélagos de 1990-2021. Con fines de representación, se fijó un umbral de un mínimo de 100 citas por artículo publicado en una revista determinada. Se muestran las revistas con mayor número de citas, mientras que los nodos representan la cantidad de artículos co-citados publicados por una sola revista. La proximidad de los nodos refleja el grado en que las co-citaciones se derivan de esas revistas.....	68
Figura 6. Mapa bibliométrico de la co-citación de autores de la investigación de virus y murciélagos en el mundo de 1990-2021 con al menos 30 citaciones. Los autores están representados por nodos, mientras que los investigadores de alto impacto muestran nodos más grandes que los de menos influencia y los vínculos entre los autores representan la co-citación del otro autor. Si el enlace es grueso significa una gran cantidad de co-citaciones.....	76
Figura 7. Mapa bibliométrico de co-ocurrencia de palabras clave del autor en la investigación de virus y murciélagos de 1990-2021, con al menos 10 menciones. Se estableció un umbral de al menos 10 casos de una palabra clave del autor coexistente, y para evitar sesgos se excluyeron las palabras “bat”, “virus” y “chiroptera” en el análisis.....	84
Figura 8. Evolución temática en la investigación del binomio murciélago-virus en el periodo 1990-2021. La altura de los rectángulos es proporcional a la frecuencia de ocurrencia de la palabra clave y el ancho de las líneas entre los rectángulos es proporcional al número de conexiones; los colores se asignaron de forma aleatoria.	87
Figura 9. Diagrama de dispersión de la relación entre el número de artículos producidos por año contra el promedio de citas recibidas.....	93
Figura 10. Árbol filogenético, a nivel de familia de murciélagos, creado a partir de la poda de la filogenia de Welch y Beaulieu (2018). La barra de color rojo indica el número de familias virales para cada familia de murciélagos.....	94
Figura 11. Tiempo y modo de diversificación macroevolutiva en murciélagos que albergan virus. Una curva de linaje a través del tiempo (LTT) muestra la acumulación	95

de especies a lo largo del tiempo (línea continua) frente a la predicha bajo el movimiento browniano (línea discontinua).....

Figura 12. Gráfica que muestra la disparidad a través del tiempo del número total de familias virales hospedadas en murciélagos..... 97

Figura 13. Señal filogenética de las familias virales con un valor de $\lambda > 0$. 99

Figura 14. Las relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Hantaviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos..... 102

Figura 15. Las relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Rhabdoviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos..... 103

Figura 16. Relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Paramyxoviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos..... 107

Figura 17. Relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Coronaviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos..... 109

1. INTRODUCCIÓN

El número de publicaciones científicas crece a un ritmo acelerado, lo que dificulta la búsqueda en los temas especializados de interés para los investigadores (Briner y Denyer 2012). Para sintetizar y analizar una gran cantidad de información se utilizan métodos cuantitativos basados en revisiones sistemáticas de la literatura (Rousseau 2012; Khan *et al.*, 2021). Uno de estos métodos es el análisis bibliométrico que tiene la capacidad de organizar, seleccionar y categorizar la información de grandes cantidades de publicaciones (Pritchard, 1969; Broadus, 1987). El objetivo de esta metodología es la evaluación de la producción científica, y el impacto de la investigación en la comunidad (Rousseau, 2012).

La bibliometría ha obtenido un gran auge en los últimos 30 años debido a la aparición de bases de datos científicas como Scopus, Web of Science, Google Scholar, Pubmed, que han facilitado la adquisición de grandes volúmenes de datos bibliométricos como citas, palabras clave, autor, revista, contenido de los resúmenes (Zupic y Cater, 2015). Y el desarrollo de softwares como Vosviewer, Gephi o Bibliometrix que permiten el análisis pragmático de estos datos (Donthu *et al.*, 2021).

Los análisis bibliométricos operan mediante evaluaciones de desempeño y mapeo científico. El desempeño proporciona información descriptiva sobre datos objetivos como el número de publicaciones por año. Por otra parte, el mapeo científico permite identificar las relaciones entre los componentes de la investigación, por ejemplo, los mapas bibliométricos (Cobo *et al.*, 2011). En general, los resultados de cada análisis

bibliométrico buscan obtener una visión general de un tema en específico, identificar brechas de conocimiento y proponer ideas novedosas para investigaciones futuras.

Los estudios bibliométricos han sido fundamentales en diversas áreas para resolver preguntas de investigación. Un ejemplo notable es el uso de análisis bibliométricos en el estudio de la propagación de enfermedades infecciosas y pandemias. En la publicación de Roychowdhury *et al.* (2022), realizaron un análisis bibliométrico sobre la propagación la familia viral coronavirus, donde identificaron tendencias de investigación, colaboración entre países, y áreas críticas de estudio en el contexto de la pandemia de la COVID-19. Los investigadores pudieron comprender mejor la evolución de la investigación sobre coronavirus y destacaron la necesidad de enfoques interdisciplinarios y colaborativos para abordar la pandemia.

Así como la COVID-19 es una enfermedad causada por un virus del cual se desconoce su reservorio natural y no se ha detectado en murciélagos, existen otros virus como el Hendra, el Ébola o el Nipah que han causado brotes epidémicos afectando la salud pública y se han detectado diferentes especies de murciélagos. Incluso han sido señalados como sus principales transmisores y son considerados como sus reservorios naturales (huésped que alberga un patógeno el cual crece y se multiplica), así como de otros virus tomando un papel importante en el sector salud (Klimpel y Mehlhorn, 2016; Han *et al.*, 2015; Anexo 2). Sin embargo, no hay evidencia contundente que identifique a los murciélagos como los principales responsables de todos los brotes o pandemias (Andersen *et al.*, 2020).

Por otro lado, es evidente que los murciélagos albergan una gran cantidad de virus, donde se han identificado más de 60 virus que pertenecen a las familias virales Rhabdoviridae, Orthomyxoviridae, Paramyxoviridae, Coronaviridae, Togaviridae, Flaviviridae, Bunyaviridae, Reoviridae, Arenaviridae, Herpesviridae, Picornaviridae y Adenoviridae (Calisher *et al.*, 2006; Anexo 2). Al hospedar todos estos virus y no verse afectados por ellos en la mayoría de los casos, los científicos hipotetizan que existe una coevolución entre murciélagos y virus, la cual puede estar relacionada con sus características ecológicas, fisiológicas o inmunológicas (Brook y Dobson, 2015; Banerjee *et al.*, 2020a; Anexo 2).

Debido a relevancia de los murciélagos como reservorios de virus con preocupación en el sector salud, es importante resumir y analizar progreso del conocimiento acumulado durante el periodo de estudio sobre los virus relacionados con los murciélagos en particular aquellos relacionados a brotes como rabia, coronavirus paramyxovirus, filovirus, entre otros. Por lo anterior, la relación virus-murciélago se ha convertido en uno de los temas con mayor auge en la actualidad. Cada vez hay más estudios que muestran que una interacción coevolutiva entre virus y murciélagos (Cui *et al.*, 2007; Anexo 2; Liang *et al.*, 2021). Sin embargo, los análisis exhaustivos que combinan enfoques evolutivos y bibliométricos en el estudio del binomio virus-murciélagos siguen siendo muy limitados. Por lo que continúan preguntas sin resolver sobre las relaciones coevolutivas entre los murciélagos y sus virus hospedadores. Por lo que es importante entender y comprender esta particular interacción coevolutiva (*e.g.*, Leroy *et al.*, 2005; Banyard *et al.*, 2011; Anexo 2).

Dada la relevancia de la relación virus-murciélago por sus implicaciones ecológicas y evolutivas. El presente análisis bibliométrico tiene como objetivo describir y evaluar tanto la producción como la estructura de conocimiento para identificar las tendencias de investigación. También se busca comprender cómo ha sido la investigación de virus en murciélagos a lo largo del periodo de estudio e identificar áreas de investigación emergentes que apoyen a esclarecer esta particular relación. Así mismo, se infieren interacciones evolutivas de virus y murciélagos mediante métodos filogenéticos comparativos para revelar patrones coevolutivos entre ellos. También, se identifican las principales familias tanto de murciélagos como de virus.

2. ANTECEDENTES

A nivel bibliométrico, a pesar de que se han realizado análisis dirigidos específicamente a diferentes tipos de virus como dengue (Zyoud, 2016; Dwivedi, 2017; Maula *et al.*, 2018), Ébola (Ram *et al.*, 2015), Nipah (Safahieh *et al.*, 2013; Sanni *et al.*, 2013; Gupta *et al.*, 2018), rabia (Sachithanantham y Raja, 2015; Ahmad *et al.*, 2021), para el binomio virus-murciélago, no se realizado ninguno. Sin embargo, con el descubrimiento del virus del SARS-Cov-2 (del inglés Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2) y el brote pandémico de la COVID-19, se realizaron diversos análisis bibliométricos de la literatura los coronavirus. Varias de estas publicaciones abordan el tema de los coronavirus y su posible relación filogenética con los coronavirus detectados en murciélagos mencionando que podrían compartir un ancestro en común (Fan *et al.*, 2020; Gong *et al.*, 2020; Zhai *et al.*, 2020).

Por otra parte, también se han realizado revisiones bibliográficas que resumen el estado de conocimiento de la riqueza viral en murciélagos. Uno de los estudios más influyentes es el de Calisher *et al.* (2006; Anexo 2), en el cual, recopilaron el conocimiento sobre los virus aislados o detectados en murciélagos y encontraron a 66 virus asociados a 74 especies de murciélagos de las familias Emballonuridae, Hipposideridae, Molossidae, Mormoopidae, Nycteridae, Pteropodidae, Phyllostomidae y Vespertilionidae. La familia Vespertilionidae presentó el mayor número de especies con 22 y el género *Myotis* fue el más representativo con ocho especies. Por otro lado, la familia viral Flaviviridae fue la más representativa con 17 especies del género *flavivirus*, y el virus de Keterah fue el de mayor presencia entre diferentes especies murciélagos con 14. Sin embargo, este trabajo tiene la limitante de que la recopilación se basó solamente en la detección de virus en tejidos de murciélagos, sin tomar en cuenta otro tipo de muestras (*e.g.*, sangre, orina, saliva, etc.) donde se pueden detectar otros posibles virus.

En el caso de México, se han elaborado dos revisiones bibliográficas sobre virus asociados a murciélagos mexicanos. El primero de Colunga-Salas *et al.* (2019; Anexo 2), en el cual reunieron todos los estudios publicados sobre virus potencialmente zoonóticos detectados en mamíferos silvestres de México entre 1900 y 2018, donde registraron 27 especies de murciélagos pertenecientes a cuatro familias (Vespertilionidae, Phyllostomidae, Mormoopidae y Molossidae) asociadas a 19 especies de virus de cinco familias (Coronaviridae, Flaviviridae, Paramyxoviridae, Rhabdoviridae y Togaviridae). Dentro de sus resultados resaltaron que la familia

Coronaviridae y Paramyxoviridae se restringieron solo al orden Chiroptera dentro del grupo de los mamíferos.

En el segundo estudio, se realizó una búsqueda sobre infección natural y experimental de dengue virus en murciélagos mexicanos (2008 - 2020). Se identificó que nueve especies de cuatro familias de murciélagos hospedan el virus del dengue, donde las especies *Artibeus jamaicensis* y *Desmodus rotundus* fueron las de mayor número de casos positivos para el virus (Hernández-Aguilar *et al.*, 2021).

Dada la gran cantidad de virus que pueden albergar los murciélagos, tiene implicaciones tanto en el sector de salud humano como el animal (pérdida de la biodiversidad por introducción de nuevos virus que llevan a la disminución y/o extinción de poblaciones locales). Algunos estudios han buscado identificar los factores que expliquen la afinidad de ciertos virus a establecerse en murciélagos en diferentes niveles taxonómicos establecido por el uso de métodos filogenéticos comparativos como la señal filogenética. Que es la tendencia de las especies estrechamente relacionadas a parecerse entre sí o compartir rasgos similares, más de lo que se parecen a especies extraídas al azar de un árbol filogenético (Blomberg y Garland, 2002; Blomberg *et al.*, 2003).

Maganga *et al.* (2014; Anexo 2) determinaron que los murciélagos de gran tamaño, con áreas de distribución más grandes y fragmentadas tenían una mayor riqueza viral. Mientras que Turmelle y Olival (2009) sugirieron que el esfuerzo de muestreo, el grado de amenaza en el que se encuentra la especie y la estructura genética de la población

se correlacionan de forma positiva con la riqueza de especies virales observada en murciélagos.

Por otro lado, el estudio de Luis *et al.* (2013; Anexo 2) una de las investigaciones más influyentes en la materia, menciona que, las especies de murciélagos con camadas pequeñas, masas corporales grandes, mayor longevidad, mayor número de camadas por año y distribuciones geográficas que se superponen con otras especies de murciélagos, portan una mayor cantidad de virus.

Algunas investigaciones se han enfocado en las relaciones evolutivas entre virus y murciélagos, donde se postula que el origen de los *Alphacoronavirus* y *Betacoronavirus* ocurrió por evolución dicotómica, donde un coronavirus ancestral infectó a un murciélago y este derivó en dos linajes diferentes (Woo *et al.*, 2006; 2012; Anexo 2). Otros estudios buscan el centro de diversificación de virus en murciélagos. Por ejemplo, se ha señalado que Brasil es el centro de diversificación de *Alphacoronavirus* y *Betacoronavirus* por su alta diversidad de especies de murciélagos siendo la familia Phyllostomidae clave para su evolución (Caraballo, 2022). Por otro lado, algunas publicaciones se enfocan en determinar la antigüedad de interacción entre virus y murciélagos. En este sentido, Cui y Wang (2015; Anexo 2) evaluaron la relación evolutiva entre murciélagos y los bornavirus a partir del genoma de 10 diferentes especies de quirópteros (*Rhinolophus ferrumequinum*, *Megaderma lyra*, *Eidolon helvum*, *Pteropus alecto*, *P. vampyrus*, *Pteronotus parnellii*, *Myotis brandtii*, *M. davidii*, *M. lucifugus* y *Eptesicus fuscus*), reportando una interacción continua entre ellos desde hace 70 millones de años.

Sin embargo, los estudios mencionados anteriormente tienen limitaciones. Por ejemplo, el uso de un número pequeño de muestras de diferentes especies de murciélagos, lo que resulta en análisis sesgados. Otra limitación es que no toman en cuenta su filogenia, la cual controla la no independencia estadística de las especies debido a la ascendencia común compartida (Felsenstein, 1985). Cabe señalar, que el uso de la información filogenética del hospedador es necesario en este tipo de estudios, ya que permite el desarrollo de análisis más completos y mejores resultados.

3. JUSTIFICACIÓN

El análisis bibliométrico permitirá analizar cuantitativamente la producción de publicaciones y las citas que reciben en la investigación de virus en murciélagos del mundo. Con el fin de explorar la actividad y el impacto de investigación de forma exhaustiva de los diferentes rubros (artículos, revistas, autores, instituciones, países, palabras clave, documentos), y comprender el estado actual del conocimiento sobre la investigación de virus en murciélagos. Además, se detectarán las tendencias emergentes de investigación, así como los puntos críticos actuales. Por otra parte, se identificarán las familias virales y de murciélagos más estudiados, así como las regiones geográficas de distribución viral. Los resultados de este análisis bibliométrico pueden ser útiles para tomar decisiones estratégicas en políticas de investigación, asignación de recursos en zonas y áreas poco estudiadas.

Por otro lado, el estudio de las relaciones coevolutivas entre virus y murciélagos puede revelar los mecanismos por los cuales los virus se mantienen y se transmiten dentro de las poblaciones de murciélagos, así como los mecanismos (fisiológicos, biológicos,

ecológicos) que permiten a los murciélagos coexistir con los virus. Esta información es crucial para anticipar y prevenir posibles brotes de enfermedades zoonóticas al identificar posibles zonas de riesgo de contagio y prevenir pandemias. Además, la identificación de patrones coevolutivos puede auxiliar a los científicos para predecir qué tipo de virus tienen más probabilidades de cambiar de huésped ya sea en otras especies de murciélagos, otros mamíferos e inclusive en humanos.

La integración de los análisis evolutivos con los enfoques bibliométricos mejorará la comprensión de los procesos evolutivos que llevaron a virus y murciélagos coexistir. Estos hallazgos proporcionarán una base teórica sustancial para una comprensión más profunda del tema virus en murciélagos.

4. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

- ¿Cuál es el volumen, la tendencia de crecimiento y la distribución geográfica de los estudios sobre virus y murciélagos?
- ¿Cuáles son las revistas, instituciones y artículos de mayor impacto sobre la investigación de virus y murciélagos?
- ¿Cuáles son los autores más influyentes y sus aportaciones más importantes?
- ¿Existe una correlación entre el número de publicaciones por año y el promedio de citas recibidas?
- ¿Cuáles son las familias y géneros de murciélagos con mayor riqueza viral?
- ¿Cuáles son las familias virales con mayor presencia en las diferentes especies de murciélagos?

- ¿Cuáles son las familias virales con los valores de señal filogenética más altos?
- ¿Existen patrones evolutivos entre grupos virales y linajes de murciélagos?

5. HIPÓTESIS

- Hipótesis nula (H_0): no existe correlación entre el número de publicaciones producidas por año y el número promedio de citas recibidas por esas publicaciones (es decir, que el valor de r es 0). Nivel de significancia $\alpha = 0.05$, Nivel de confianza del 95%.
- Considerando que el origen de la relación entre virus y murciélagos se remonta a más de 30 millones de años, se esperan detectar patrones coevolutivos entre todas las familias virales detectadas y los murciélagos.

6. OBJETIVOS

6.1 General

- Describir y evaluar la producción de la investigación entre virus y murciélagos en el período de 1990-2021 destacando las tendencias y patrones en la investigación actual, así como identificar interacciones evolutivas entre los grupos.

6.2 Específicos

- Evaluar la producción, la tendencia de crecimiento de la investigación entre virus y murciélagos entre 1990-2021.

- Identificar los autores, revistas, países, instituciones y artículos más influyentes sobre virus y murciélagos.
- Detectar los virus y murciélagos más estudiados en diferentes niveles taxonómicos (familia, género, especie).
- Determinar si existe una correlación y en qué grado entre el número de publicaciones por año y el promedio de citas de estas publicaciones.
- Identificar a las familias de murciélagos con mayor número de familias virales detectadas.
- Identificar a las familias virales con mayor distribución entre las diferentes especies de murciélagos.
- Identificar a las familias virales con los valores de señal filogenética más altos.
- Determinar asociaciones evolutivas específicas entre virus y murciélagos.

7. MATERIALES Y MÉTODOS

7.1 Búsqueda de datos

Se realizó una búsqueda bibliográfica sobre la investigación de virus en murciélagos que abarcó el periodo comprendido del año 1990 al 2021 en la base de datos Scopus, que ha sido utilizada para extraer la producción científica debido a su amplia cobertura. Scopus es la base de datos científica más grande del mundo, que indexa el contenido de 25,000 títulos activos, 7,000 editores, con 4, 300 revistas en ciencias de la vida y más de 6,800 títulos en ciencias de la salud (Burnham, 2006). Numerosas revisiones también han favorecido a Scopus como la base de datos más completa para realizar análisis bibliométricos de un campo de investigación específico (Falagas *et al.*, 2008;

Baas *et al.*, 2020; Zhu y Liu, 2020). Además, cabe señalar que es compatible con la aplicación BiblioShiny, interfaz para el paquete Bibliometrix de R (Dervis, 2019), que brinda un conjunto de herramientas y los métodos principales para la investigación cuantitativa en estudios bibliométricos (Aria y Cuccurullo, 2017).

Se consideraron exclusivamente artículos de revistas científicas que hicieran referencia explícita a estudios sobre virus en murciélagos de todo el mundo. La búsqueda se realizó en los campos de título del artículo, resumen y palabras clave, usando la siguiente serie de claves de búsqueda combinada: “virus bat”, “virus murciélago México”, “fruit bat virus”, “bat virus reservoir”, “bat-borne virus”, “zoonotic diseases bat”.

Se registraron, revisaron y analizaron los artículos que cumplieran con los siguientes criterios de inclusión: 1) publicaciones entre 1990 y 2021; 2) tema central enfocado en virus detectados en murciélagos en cualquier tipo de muestra (tejido, sangre, orina, guano, saliva, serum). Mientras que los criterios de exclusión fueron los siguientes: 1) documentos que no estuvieran publicados en revistas científicas; 2) documentos que no fueran artículos científicos; 3) artículos científicos no enfocados en virus albergados en murciélagos como tema principal. Por último, se descargaron los datos bibliográficos de cada cita en formato .csv y su archivo PDF para su posterior revisión y análisis a través de softwares para análisis bibliométricos.

7.2 Depuración de los datos

Una vez recopilados los documentos, se eliminaron las referencias repetidas y se estableció un formato único de escritura para cada elemento (e.g., título, nombre de la revista, nombre del autor) del documento.

7.3 Organización de la información

Para la organización y manejo de la colección de documentos, se elaboraron 2 bases de datos. La primera base se elaboró en el gestor bibliográfico Zotero para Windows v. 6.0.4 (Roy Rosenzweig Center for History and New Media, 2016). Donde se registró la información en los campos: título, revista, año, volumen, página(s), autor de correspondencia o primer autor (en el caso de que no se especifique el autor de correspondencia), institución a la que está afiliado el autor, tema principal, tema secundario, resumen, conclusiones y número de citas usando el software Publish or Perish v. 8.1 (Harzing, 2010; Ahmi, 2021). La segunda base de datos se elaboró en “Microsoft Excel (2021)”, donde se registró la información biológica de cada publicación en los siguientes campos: título del estudio, familia, género y especie de murciélago, familia, género y especie de virus, país de colecta, método de detección del viral y tipo de muestra biológica para detección viral.

Para facilitar el análisis de la literatura, se usaron 7 de los 18 temas propuestos por Buenrostro-Silva *et al.* (2022) y se complementó con 3 de los 6 temas propuestos por Swanepoel *et al.* (2021). De acuerdo con el contenido de cada publicación, fue ubicada en alguno de estos temas según fuera el caso (Cuadro 1).

Cuadro 1. Lista de temas utilizados en este estudio con su descripción.

Temas	Alcance y descripción
Vigilancia viral	Estudios que se enfocan en determinar la aparición o distribución viral.
Reportes de casos/brotes	Estudios que describen y reportan casos aislados o brotes causados por virus relacionados a murciélagos.
Filogenia	Estudios que buscan identificar el origen de los virus y sus relaciones de parentesco.
Diagnóstico	Estudios enfocados al diagnóstico viral mediante técnicas que no incluyen la caracterización molecular.
Epidemiología	Estudios enfocados a describir la epidemiología y epizootiología de los virus.
Inmunología	Estudios que describen características inmunes a través de la presencia de anticuerpos, proteínas inmunogénicas y trastornos inmunes presentes en organismos afectados virus.
Caracterización molecular	Estudios que describen la identificación y caracterización viral mediante técnicas de biología molecular.
Hallazgos patológicos	Estudios que describen la presencia de lesiones, signos clínicos y áreas corporales afectadas por virus.
Replicación viral	Estudios que describen o determinan la replicación viral in vitro del virus.
Transmisión viral	Estudios que describen diversos tipos de transmisión viral.

7.4 Análisis de datos

7.4.1 Información general biológica

En función de la segunda base de datos (información biológica) se identificaron: 1) virus y murciélagos a nivel familia, género y especie. 2) métodos de detección viral. 3) países donde se colectaron los murciélagos con presencia de virus.

7.4.2 Análisis bibliométricos

El análisis de desempeño se efectuó a partir de los datos bibliográficos de cada publicación mediante el uso de la paquetería BiblioShiny del software R v 4.2.0 (R Core Team, 2021) de Bibliometrix, que es un entorno y ecosistema de código abierto, con

el fin de analizar la productividad científica de cada rubro (autores, revistas, publicación por año, países, instituciones).

Cuadro 2. Lista y descripción de los análisis de desempeño usados en este estudio.

Análisis	Componente	Tipo de análisis	Descripción
Productividad e impacto	Volumen o producción	Total, de publicaciones	Genera un conteo del número de artículos por año en un determinado periodo.
		Promedio de citas anuales	Genera el promedio de citas por año.
	Países	Países más productivos	Genera un conteo de los países más productivos de acuerdo con la afiliación del autor.
		Países más influyentes	Genera un conteo de los países con mayor número de citas de acuerdo con la afiliación del autor.
	Revistas	Revistas más productivas	Genera un conteo de las revistas con mayor número de artículos publicados.
		Revistas más influyentes	Genera un conteo de las revistas más citadas.
	Autores	Autores más productivos	Genera un conteo de los autores más productivos.
		Autores más influyentes	Genera un conteo de los autores más citados.
	Institutos	Instituciones más productivas	Genera un conteo de los institutos o afiliaciones más productivas.
	Documentos	Documentos más influyentes	Genera un conteo de las publicaciones más citadas.
Estructura conceptual	Palabras clave	Palabras más relevantes	Genera un conteo de las palabras clave más usadas.
	Estructura conceptual	Evolución temática*	Permite observar el cambio de los temas más importantes en distintos periodos.

* Los periodos se establecieron considerando los incrementos importantes en la producción de los trabajos.

La extracción de datos bibliográficos en Scopus permitió a Bibliometrix conectarse con su API (Interfaz de programación de aplicaciones) para recopilar metadatos automáticamente. En el Cuadro 2 se muestran los componentes y los tipos de análisis bibliométricos de desempeño que se realizaron.

7.4.3 Mapeo científico

Se elaboraron mapas bibliométricos a partir el programa VOSviewer v. 1.6.18 (Van Eck y Waltman, 2010) con la finalidad de crear una representación gráfica de la estructura conceptual e intelectual, así como la dinámica de la investigación de virus y murciélagos.

En los gráficos, el tamaño de los nodos representa el número normalizado de citas o frecuencia por cada elemento, mientras que el grosor de las líneas representa la fuerza de los vínculos. El vínculo y la proximidad entre dos ítems identifican la relación entre dos unidades de análisis. El color de los nodos o clústeres indica el grupo con el que cada ítem está asociado.

Se realizaron tres tipos de mapas bibliométricos. A) análisis de co-citación: permitió revelar la estructura intelectual, e identificar las relaciones entre ideas claves de autores y revistas en la investigación de virus y murciélagos del mundo a través de la citación simultanea de dos artículos en una tercera publicación. B) análisis de co-palabras clave: mediante una red de co-ocurrencia de palabras clave del autor se examinó el contenido real de la publicación para identificar la estructura conceptual y las relaciones existentes y/o futuras entre los diferentes temas abordados. C) análisis de acoplamiento bibliográfico: identificó la obtención de grupos de artículos con un alto grado de similitud, los cuales constituyen un frente de investigación en el tema de virus y murciélagos.

7.5 Análisis estadísticos

Para determinar la existencia de correlación entre el número de publicaciones por año y el promedio de citas recibidas de estas publicaciones, se realizó, en primer lugar, una prueba de normalidad de Shapiro-Wilk (debido a que el número de datos es menor a 50) para decidir de una prueba paramétrica o no paramétrica. Esta evaluación se realizó con la función “shapiro.test” del paquete “stats” v. 4.2.2 en el software R (R Development Core Team, 2021).

Como los resultados indicaron que los datos no siguieron una distribución normal ($p < 0,05$), en el análisis de correlación entre ambas variables se empleó el coeficiente de correlación de Spearman. Esta prueba no paramétrica adopta valores entre 1 y -1, la correlación puede ser positiva (valores cercanos a 1), negativa (valor cercano a -1) o nula (valor de 0) (Marsaglia *et al.*, 2003). Para evaluar la correlación de Spearman se utilizó la función “cor.test” del paquete “stats” v. 4.2.2 (R Development Core Team, 2021). La interpretación de los resultados se realizó bajo la metodología descrita por Rebollar y Francisco (2015) (Cuadro 3).

Cuadro 3: Interpretación del coeficiente de correlación de Spearman de Rebollar y Francisco (2015).

Valor de Rho	Significado
-1	Correlación negativa grande y perfecta
-0.9 a -0.99	Correlación negativa muy alta
-0.7 a -0.89	Correlación negativa alta
-0.4 a -0.69	Correlación negativa moderada
-0.2 a -0.39	Correlación negativa baja
-0.01 a -0.19	Correlación negativa muy baja
0	Correlación nula
0.01 a 0.19	Correlación positiva muy baja
0.2 a 0.39	Correlación positiva baja
0.4 a 0.69	Correlación positiva moderada
0.7 a 0.89	Correlación positiva alta
0.9 a 0.99	Correlación positiva muy alta
1	Correlación positiva grande y perfecta

7.6 Relaciones evolutivas murciélagos-virus

7.6.1 Selección y obtención de la filogenia de murciélagos.

Se seleccionó la hipótesis filogenética de interferencia bayesiana a nivel especie propuesta por Welch y Beaulieu (2018), que incluye el análisis de 5 marcadores genéticos (Cyt-b, RAG2, Val, 12S rRNA y 16S rRNA), y que evalúa a 793 especies de 21 familias de murciélagos a nivel mundial. A partir de esta filogenia se generaron dos versiones podadas mediante la función “drop.tip” que elimina las ramas terminales de un árbol filogenético. Esta función pertenece a la paquetería “ape” v 5.7-1 (Paradis, 2019) y permite leer y manipular árboles filogenéticos, así como análisis de datos comparativos en un marco filogenético.

En la primera versión podada se retuvo una especie de murciélago por familia en la que se hubiese detectado el virus, con el fin de identificar posibles patrones evolutivos entre las familias de murciélagos y las familias virales que hospedan. La segunda versión podada se elaboró a nivel de especies, donde se consideraron a todas las especies de murciélagos en las que se detectaron virus de acuerdo con la revisión bibliográfica de este estudio.

7.6.2 Presencia viral en murciélagos

Para determinar la presencia de virus en los murciélagos se realizaron dos matrices de datos en Excel en formato de texto plano (csv). La primera incorporó el número total de familias virales para cada familia de murciélago, mientras que la segunda integró la presencia o ausencia de las familias virales para cada especie de murciélago.

Posteriormente, se mapeó la presencia de virus en las hipótesis filogenéticas en R studio con la función “dotTree” en la paquetería “Phytools” v. 1.9-16 (Revell, 2012).

7.6.3 Análisis de diversificación de linajes a través del tiempo en murciélagos que albergan virus en el periodo de estudio

Para examinar el patrón de diversificación de linajes de murciélagos que albergan algún virus, se elaboraron gráficos LTT (Lineage-Through-Time) usando la función “ltt” del paquete “Phytools” v. 1.9-16 (Revell, 2012) en el software R (R Development Core Team, 2021). Estos gráficos de crecimiento de los linajes a través del tiempo son contrastados con la información disponible en artículos científicos, capítulos de libros sobre la diversificación e historia evolutiva de los murciélagos para inferir aquellos factores (geográficos, ecológicos, etc.) que contribuyeron a este aumento. Posteriormente, se calculó el parámetro estadístico gamma (γ), cuyo valor negativo (-) sugiere una tasa de especiación inicialmente alta y decrece con el paso del tiempo; un valor de 0 representa una diversificación constante en el tiempo; y un valor positivo (+) sugiere una tasa de especiación inicial baja que se incrementa con el tiempo (Pybus y Harvey, 2000). A partir de estos datos es posible inferir posibles patrones observables en la diversificación de los murciélagos que concuerde con la presencia viral. Por ejemplo, la presencia viral en solo alguna familia de murciélagos, con hábitos alimenticios específicos, o que se distribuyen en cierta región geográfica.

7.6.4 Análisis de disparidad a través del tiempo en la diversificación del número de familias virales en murciélagos

Para examinar la historia de la diversificación de los virus en los murciélagos se usó el total de familias virales detectadas en cada especie de murciélago y se realizó un análisis de disparidad a través del tiempo (DTT) con la función "dtt" del paquete "geiger" v. 2.0.11 (Harmon *et al.*, 2008). Este análisis indica si existe poca o mucha disparidad, es decir, determinar si los rasgos morfológicos aumentan, disminuyen o permanecen igual a medida que las especies se acumulan en el tiempo evolutivo (Murrell, 2018). A partir de estos resultados es posible generar hipótesis de los cambios del número de familias virales albergadas desde el clado más antiguo hasta los subclados más recientes de la filogenia. Para ello, se realizaron simulaciones bajo un proceso de movimiento Browniano, donde se consideró el número total de familias virales en murciélagos y los tiempos de divergencia a nivel especie de los murciélagos.

7.6.5 Señal filogenética

Para evaluar la señal filogenética entre familias virales y murciélagos a nivel especie, se utilizó la matriz de datos del apartado 7.6.2 de presencia y ausencia de las familias virales en murciélagos. Esta matriz fue analizada mediante varios paquetes bioinformáticos. Primero para evaluar qué modelo evolutivo se ajusta mejor, se utilizó la función "FitDiscrete" de la paquetería Geiger en el software R para seleccionar el modelo evolutivo Equal rates (ER), Symetric (SYM) o All rates different (ARD) de acuerdo con el criterio de información de Akaike (AIC) que busca aquel modelo que se ajuste mejor a los datos experimentales, siendo aquel con el menor valor de AIC (Akaike, 1974).

Una vez seleccionado el modelo evolutivo, se calculó la señal filogenética con la función “FitDiscrete” que genera el estadístico λ de Pagel. Este estadístico es una medida cuantitativa de la dependencia filogenética de la expresión de un rasgo con valores de 0 hasta 1. Cuando el valor de $\lambda = 0$ indica que no hay señal filogenética, es decir, los patrones de similitud de rasgos entre especies son independientes (al azar) de la filogenia. Por lo tanto, los parientes cercanos no son más similares en promedio que los parientes lejanos. En cambio, si $\lambda = 1$ indica que hay una fuerte señal filogenética, es decir, hay una dependencia filogenética en la expresión de un rasgo. Por lo tanto, las especies estrechamente relacionadas exhiben valores de rasgos similares y la similitud de los rasgos disminuye a medida que aumenta la distancia filogenética (Losos, 2008). Además, el rasgo ha evolucionado de acuerdo con el modelo de evolución del movimiento Browniano, el cual menciona que la expresión del rasgo se da de forma gradual, aleatoria y no direccional a través del tiempo (Felsenstein, 1985).

7.6.6 Reconstrucción de estados ancestrales (Presencia o Ausencia de familias virales)

La reconstrucción de estados de caracteres ancestrales (presencia o ausencia de familias virales en murciélagos) sobre la hipótesis filogenética a nivel especie, se realizó a través de un análisis de Maximum Likelihood (ML), para reconstruir la historia evolutiva de la presencia viral. Para ello, se utilizó la función “ace” del paquete “ape”, que estima los estados de caracteres ancestrales y la incertidumbre asociada, para caracteres continuos y discretos. Los valores de probabilidad en un nodo determinado

se calculan utilizando únicamente la información de las puntas (y ramas) que descienden de este nodo (Paradis, 2019). Esta evaluación se realizó para aquellas familias virales con amplia distribución geográfica, con importancia en la salud pública y con valores de lambda altos. De acuerdo con Kamilar y Cooper (2013) los valores altos de señal filogenética varían según los estudios y autores, por lo tanto, considerando los estudios de James *et al.* (2021) y Harris *et al.* (2022), establecimos valores mayores a 0.8 como altos.

8. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se registraron un total de 4,887 documentos publicados entre el año 1990 y el 2021. Con la aplicación de los criterios de exclusión y limpieza de datos se eliminaron un total de 3,149 documentos, lo que resultó en un tamaño de muestra final de 1,738 artículos. A continuación, se presentan los resultados de los diferentes análisis con base en este conjunto de datos.

8.1 Descripción de la diversidad de virus y murciélagos

8.1.1 Diversidad de murciélagos

Se documentó un total de 474 especies de murciélagos portadoras de virus, correspondientes a 131 géneros y 16 familias (Cuadro 4). Los resultados indicaron que hasta el año 2021 se han registrado virus en una tercera parte de las aproximadamente 1400 especies de murciélagos actualmente descritas (Simmons y Cirranello, 2024). Además, en las 474 especies registradas se reportó la presencia de al menos 300 virus, de los cuales al menos 100 virus son considerados zoonóticos (Weinberg y

Yovel, 2022). Este número de virus zoonóticos en murciélagos es mayor en comparación con otras ordenes de mamíferos (e.g., cingulata, lagomorpha, primates) (Olival et al., 2017; Anexo 2).

Cuadro 4: Familias de murciélagos con detección de virus, se indica el número de géneros murciélagos y especies de murciélagos, y el porcentaje de especies de murciélagos con detección de virus respecto al número total de especies de murciélagos por familia.

Familia	Número de Géneros de murciélagos	Número de Especies positivas a virus	Total, de especies de la familia	Porcentaje de especies positivas a virus (%) por familia
Vespertilionidae	32	163	493	33.06
Phyllostomidae	40	83	214	38.79
Pteropodidae	23	63	197	32.64
Molossidae	13	54	122	44.26
Rhinolophidae	1	40	102	39.22
Hipposideridae	2	22	88	25
Emballonuridae	7	11	54	20.37
Miniopteridae	1	10	35	28.57
Mormoopidae	2	7	17	41.18
Rhinonycteridae	3	5	9	55.55
Nycteridae	1	5	16	31.25
Megadermatidae	3	4	6	66.66
Natalidae	1	3	11	27.27
Noctilionidae	1	2	7	28.57
Mystacinidae	1	1	2	50
Rhinopomatidae	1	1	6	16.66
Total	132	474	1,379	34.37

Del total de especies de murciélagos portadoras de virus, se registró que el 65 % pertenecen a las familias Vespertilionidae, Phyllostomidae y Pteropodidae. La familia

Vespertilionidae registró la mayor cantidad tanto de especies de murciélagos hospederas de virus (163) como de familias virales (31). Donde destaca el género *Myotis* (murciélagos orejas de ratón), en el cual se detectaron 26 familias virales en 63 especies. Mientras que en la familia Phyllostomidae se detectó virus en 83 de las 214 especies de murciélagos, donde destacan *Artibeus*, *Platyrrhinus* y *Sturnira* como los géneros con mayor número de especies con presencia viral. Con nueve, seis y siete especies, respectivamente. La familia Pteropodidae registró 63 especies y 23 géneros positivos a virus, la mayoría pertenecientes al género *Pteropus* o zorros voladores, el más diverso de la familia.

Una hipótesis explicativa para hallar mayor concentración de virus en familias de murciélagos como Vespertilionidae, Phyllostomidae y Pteropodidae es que son las familias con la mayor riqueza de especies en murciélagos, lo que apertura diferentes nichos virales potenciales (Calisher *et al.*, 2006; Hayman, 2016; Anexo 2). Sin embargo, dentro de estas familias hay especies que tienen una mayor riqueza viral que otras. Esto puede ser la combinación de diversos factores los amplios rangos de distribución geográfica que presentan algunas especies aumentan la probabilidad de contacto con otras especies, ya sea de murciélagos u otras clases de animales, y por lo tanto, un riesgo potencial de transmisión viral (*e.g.*, *Rousettus aegyptiacus*, *Eidolon helvum*, *Desmodus rotundus*, *Myotis nattereri*; Taylor, 2019). Otro factor es la fragmentación y pérdida del hábitat que promueven los ensamblajes de especies (sobre todo generalistas) dando como resultado en áreas de mayor transmisión viral entre especies (Gay *et al.*, 2014; Rubio *et al.*, 2014).

La gran cantidad de especies de la familia Vespertilionidae que hospedan virus puede deberse a que es la familia de murciélagos más diversa con 485 especies, además de que está representada en todos los continentes (Taylor, 2019). A nivel género, la gran diversidad de especies del género *Myotis* que hospedan virus puede deberse a varios factores potenciales. Uno de ellos es que se trata del género más diverso, no solo de murciélagos sino también a nivel de mamíferos, con 139 especies descritas actualmente (Burgin *et al.*, 2018). Otro factor se relaciona con su dieta insectívora, donde pueden adquirir virus transmitidos por insectos. Por ejemplo, se han detectado genomas de virus (*e.g.*, Dicistroviridae, Iflaviridae) que infectan insectos en el guano del murciélago *Myotis* (Li *et al.*, 2010). Mientras que Kim *et al.* (2023) sugieren que factores asociados al ciclo de vida de los murciélagos, como la pérdida de inmunidad durante la hibernación, la densidad poblacional y los pulsos de nacimientos sincrónicos que aumentan la tasa de transmisión de *Lyssavirus* en murciélagos de las especies *M. myotis* y *M. blythii*.

Otros factores se podrían relacionar con los múltiples saltos de virus de otras especies de murciélagos de diferente género a especies del género *Myotis*. Un claro ejemplo, es el caso de las variantes de la rabia en los *Myotis* que habitan en Canadá, que les fueron transmitidas por especies de murciélagos de los géneros *Lasionycteris*, *Lasiurus* y *Eptesicus* (Nadin-Davis *et al.*, 2017; Anexo 2). También saltos entre especies del mismo género dan origen a nuevas cepas, como el caso del *Alphacoronavirus* BtMf-Yunnan2020 que es una nueva cepa detectada en *M. fimbriatus* (Armero *et al.*, 2022). Asimismo, se sugieren factores genéticos como los

microRNAs (miRNAs) que se encargan de la expresión génica y, por lo tanto, la producción de proteínas. Algunas de estas proteínas son esenciales para promover la proliferación de células T y B en respuesta a una infección (e.g., la proteína intercambiadora de guanina o GEF), lo que les permite tolerar cargas virales altas (Huang *et al.*, 2016).

También, se ha mencionado que el género *Myotis* ha sido clave en la diversificación y evolución de los *Alphacoronavirus*, lo cual es congruente con los registros de este estudio dada la gran cantidad de variantes de estos virus detectadas en distintas especies del género *Myotis* en todo el mundo. Por ejemplo, en Australia se detectaron estos virus en *M. macropus*; en América, en los murciélagos *M. occultus*, *M. lucifugus* y *M. volans*; en Europa, en *M. bechsteinii*, *M. blythii*, *M. dasycneme*, *M. daubentonii* y *M. myotis*; y en Asia, en *M. ricketti* (Tang *et al.*, 2006; Dominguez *et al.*, 2007; Reusken *et al.*, 2010; Falcón *et al.*, 2011; Anexo 2).

Por otro lado, la diversidad de especies de la familia Phyllostomidae que hospeda virus podría deberse a que es una de las familias de murciélagos más diversa en el Neotrópico (Rossoni *et al.*, 2017). Las diferentes especies de murciélagos filostómidos presentan una amplia variedad de dietas (insectívora, frugívora, nectívora, hematófaga y carnívora). Los virus más comunes detectados en esta familia fueron la rabia, dengue, encefalitis equina venezolana, *Pegivirus*, entre otros (Quan *et al.*, 2013; Sotomayor-Bonilla *et al.*, 2017; Seetahal *et al.*, 2020; Anexo 2). Además, se ha sugerido que algunos virus presentes, como el dengue, son el resultado de una infección mediante picaduras de mosquito en especies frugívoras (Hernández-Aguilar

et al., 2021b; Anexo 2). Como el caso de especies de los géneros *Artibeus*, *Glossophaga* y *Soricina*, que son las más frecuentes en los estudios de detección de este virus (Aguilar-Setién *et al.*, 2008; Machain-Williams *et al.*, 2013; Sotomayor-Bonilla *et al.*, 2014; Anexo 2).

Otra hipótesis sugiere que los virus en murciélagos filostómidos fueron adquiridos por sus ectoparásitos hematófagos (dípteros, chinches o garrapatas), los cuales les transmitieron los virus durante el proceso de alimentación hematófaga (Tendu *et al.*, 2022). Incluso se ha registrado que los murciélagos consumen a estos ectoparásitos cuando se acicalan, lo que podría proporcionar un modo de propagación viral (Ramanantsalama *et al.*, 2018). Por lo tanto, los ectoparásitos de murciélagos pueden desempeñar un papel importante en la transmisión de virus a los murciélagos (Tendu *et al.*, 2022).

Particularmente, en la familia Phyllostomidae se registró que el murciélago *Desmodus rotundus* o murciélago vampiro es una de las especies que hospeda gran cantidad de virus que representan a 24 familias como Coronaviridae, Arenaviridae, Retroviridae, Hantaviridae, entre otras. La gran cantidad de virus detectados en esta especie puede deberse a su dieta hematófaga. Que posibilita con mayor probabilidad la exposición de virus transmitidos a través de la sangre, provocando un aumento de la invasión de virus tanto retrovirales como no retrovirales en su genoma (Albuquerque *et al.*, 2024).

Sin embargo, a pesar de albergar virus de distintas familias, se detectó que la mayor parte de las investigaciones sobre este murciélago (168 publicaciones) se han enfocado en investigar el virus de la rabia. Con mayor énfasis la detección del virus

mediante diferentes métodos como RT-PCR, DFAT, ELISA (e.g., Ferraz *et al.*, 2007; Almeida *et al.*, 2011b; Anexo 2), y en la determinación de los perfiles antigénicos y genéticos de la rabia mediante la caracterización molecular (e.g., Velasco-Villa *et al.*, 2002; Castilho *et al.*, 2010a; Anexo 2). Cabe señalar, que *D. rotundus* transmite el virus de la rabia paralítica bovina o derriengue a través de su saliva cuando se alimenta de la sangre del ganado, la cual ataca el sistema nervioso produciendo una encefalomiелitis aguda mortal (Acha y Szyfres, 2003; Lee *et al.*, 2012; Anexo 2). Como consecuencia, la producción monetaria del sector pecuario se ha visto afectada al disminuir la producción de leche, el número cabezas de ganado y la masa muscular (Massad *et al.*, 2001). Tan solo en 1983 se estimaron pérdidas superiores a los 40 millones de dólares (Acha *et al.*, 1988).

Estos hechos condujeron a la creación de métodos para combatir el virus de la rabia. Los métodos son la aplicación de vacunas en el ganado y el uso de anticoagulantes en forma de ungüento que se aplica en el dorso y pecho de los murciélagos con el objetivo de disminuir y controlar sus poblaciones (Orugas *et al.*, 2022). El uso de la vacuna ayudó a disminuir considerablemente el contagio del virus. En ese sentido, en 1968 previo al uso de la vacuna, murieron más de 500,000 individuos de ganado en América Latina por el virus de la rabia (Arellano-Sota, 1988). Para el 2012, disminuyó a 2,770 casos de rabia en bovinos por murciélagos en América Latina, donde Brasil obtuvo el mayor registro con 1,490 seguido de México con 428 casos (FAO, 2018). Además, encontramos que Brasil fue el país con la mayor cantidad de publicaciones enfocadas a la rabia con 85. Información que concuerda con los datos de Sánchez *et*

al. (2019) quienes señalan que Brasil es uno de los países con más especies de murciélagos reportados positivos para rabia con 45. Particularmente en nuestro trabajo identificamos que esta cifra aumento a 70 especies de murciélagos.

Mientras que la adquisición diferentes familias virales (*e.g.*, Hepadnaviridae, Nodaviridae, Paramyxoviridae) por parte de un gran número de murciélagos de la familia Pteropodidae se pudo haber dado a través de su alimentación. Estos murciélagos tienen una dieta a base de frutas, que al consumirlas también llegan a ingerir insectos que se posan o están dentro de las frutas. Algunos de estos insectos son vectores de diversos virus, el resultado es la transmisión viral a murciélagos. Esta interacción podría crear un vínculo entre los viomas de los artrópodos y los murciélagos (Barclay *et al.*, 2006). Por ejemplo, se ha detectado dicistrovirus y en muestras de sangre del murciélago *Hypsignathus monstrosus* (Bennett *et al.*, 2019; Anexo 2). El virus puso haber sido adquirido al consumir a un insecto díptero asociado a la fruta. Otra ruta de adquisición de virus en murciélagos frugívoros es a través de la picadura de insectos (como dípteros) que actúan como vectores de virus (Bennett *et al.*, 2020b; Anexo 2).

La mayoría de los murciélagos de la familia Pteropodidae que hospedan virus pertenecen al género *Pteropus* o zorros voladores. Precisamente los murciélagos de este género se han registrado como reservorios naturales de los paramyxovirus con base en evidencia serológica y epidemiológica (Nipah, Hendra, Tioman) (Chua *et al.*, 2001; Field *et al.*, 2001; Anexo 2). Estos virus se distribuyen en Australia y el Sudeste asiático, y en los últimos años el número de contagios de murciélagos a humanos por

paramyxovirus ha ido en aumento. El contagio se da por contacto con hospederos intermediarios como cerdos y caballos que adquirieron el virus por la ingesta de fluidos expulsados (saliva, orina, heces) por murciélagos infectados. O por el contacto directo con los mismos fluidos que se pueden encontrar en la superficie de frutas parcialmente consumidas o en la sabia de la palma datilera (Clayton *et al.*, 2013; Anexo 2). Como consecuencia al aumento de actividades antropogénicas, por ejemplo, la deforestación de la selva para tierras agrícolas, el desarrollo urbano o construcción de granjas, que incluyen la invasión de poblaciones humanas en hábitats de vida silvestre, la caza de murciélagos con fines deportivos, culturales o de protección al ganado porcino. Todo esto ha provocado la disminución del hábitat de estos murciélagos, causando un desplazamiento a regiones urbanas, que ha propiciado el aumento del contacto entre murciélagos y humanos (Daszak *et al.*, 2006; Epstein *et al.*, 2006; Anexo 2).

Además, esta situación ha causado estrés en los *Pteropus*, alterando sus patrones de alimentación y de comportamiento, que también se relacionaría con modificaciones en su dinámica viral (la progresión y los cambios a lo largo del tiempo de las infecciones virales dentro de un organismo huésped) (Sohayati *et al.*, 2011; Subudhi *et al.*, 2019; Anexo 2). Esto se ha visto particularmente en regiones del mundo donde se concentran especies de murciélagos con alta carga viral, como en Bangladesh donde han ocurrido brotes del virus Nipah. El virus fue transmitido por la especie de murciélago *P. medius* que se alimenta de frutos nativos, pero fueron remplazados por granjas de cerdos y otros cultivos (e.g., mango, plátanos). Estos murciélagos se vieron obligados a consumir los nuevos recursos frugívoros, aumentando el contacto con los humanos y

transmitiendo el virus posiblemente a través del consumo parcial de frutos infectados (ya sea por humanos o los cerdos), que posteriormente pudieran infectar a las personas (Hahn *et al.*, 2014a).

Existen diferentes hipótesis que intentan explicar la razón de que los murciélagos son los reservorios naturales de ciertos virus. 1) la larga historia evolutiva de estos mamíferos ha propiciado que co-evolucionen con los virus, como resultado de una interacción entre ellos desde hace millones de años (Rodhain, 2015; Anexo 2; Escalera-Zamudio *et al.*, 2016; Serra-Cobo y Lopez-Roig, 2017). 2) la capacidad de los murciélagos de aumentar la actividad metabólica y temperatura corporal (a más de 40 °C). Una temperatura que se supone es menos idónea para la supervivencia del patógeno, lo que le permite controlar la infección o su propagación (Shi, 2013; Baker *et al.*, 2014; Brook y Dobson, 2015; Han *et al.*, 2015; Moratelli y Calisher, 2015; Hayman, 2016; Beena y Saikumar, 2019; Anexo 2). 3) el trabajo constante de su sistema inmune, lo que ayuda a controlar la replicación viral de forma temprana, incluso en ausencia de estimulación viral (Baker *et al.*, 2013; Zhou *et al.*, 2016; Anexo 2). Y 4) la hipótesis SILI (Susceptible-Infeccioso-Latente-Infeccioso) la cual menciona que algunos virus infectan a murciélagos susceptibles (a causa de altos niveles de estrés) llevándolos a una infección aguda. Posteriormente se convierte en una infección latente, después, el virus se reactiva en respuesta a factores fisiológicos y ambientales (Plowright *et al.*, 2016).

8.1.2 Diversidad viral

En el presente estudio se identificaron más de 300 virus de 34 familias virales detectadas en los quirópteros, donde las familias virales con mayor número de virus presentes en murciélagos fueron coronavirus, rhabdovirus, paramyxovirus, filovirus y flavivirus (Cuadro 5). Esto se relacionó con el hecho de que son las familias más extendidas geográficamente y en las que se han registrado en una gran cantidad de especies de murciélagos (Rupprecht *et al.*, 2011; Peterson *et al.*, 2004; Ruiz-Aravena *et al.*, 2022). En comparación con estudios anteriores, esta investigación arrojó una mayor cantidad de familias virales, ya que a nivel mundial Letko *et al.* (2020) detectaron a 28, mientras que Van Brussel y Holmes (2022) identificaron 32, y Hayman (2016; Anexo 2) identificó 24 familias virales.

Hasta el momento se han documentado 44 géneros en la familia Rhabdoviridae (Walker *et al.*, 2022), de los cuales tres géneros (*Lyssavirus*, *Ledantevirus* y *Vesiculovirus*) y 25 especies de estos virus se registraron en este estudio. En el género *Lyssavirus* se registró el mayor número de especies de virus (dentro de la familia Rhabdoviridae) con 18, las cuales se detectaron en 235 especies de murciélagos siendo la familia de virus con mayor distribución en los murciélagos. Se ha sugerido que los *Lyssavirus* detectados en murciélagos se originaron a partir de un rhabdovirus hospedado en insectos, el cual contrajeron los murciélagos mediante el consumo de estos, y dadas las características de los murciélagos como su amplia distribución, abundancia, diversidad, sociabilidad y vagilidad ha permitido la transmisión de

Lyssavirus entre los murciélagos (Badrane y Tordo, 2001; Anexo 2; Rupprecht *et al.*, 2011).

Cuadro 5: Lista de las familias de virus detectadas en murciélagos con el número total de publicaciones.

Familia	Número de documentos	Familia	Número de documentos
Rhabdoviridae	618	Caliciviridae	14
Coronaviridae	363	Papillomaviridae	24
Paramyxoviridae	264	Hepadnaviridae	23
Filoviridae	160	Togaviridae	21
Flaviviridae	89	Hepeviridae	18
Reoviridae	72	Phenuiviridae	18
Herpesviridae	60	Arenoviridae	15
Adenoviridae	59	Nairoviridae	15
Astroviridae	47	Bornaviridae	13
Orthomyxoviridae	47	Nodaviridae	7
Retroviridae	45	Peribunyanviridae	7
Hantaviridae	35	Anelloviridae	6
Picornaviridae	33	Asfarviridae	4
Parvoviridae	30	Bunyaviridae	3
Circoviridae	29	Pneumoviridae	2
Polyomaviridae	28	Carmotetraviridae	1
Poxviridae	24	Kolmioviridae	1

Las diferentes especies de *Lyssavirus* se han detectado en murciélagos de todo el mundo. Por ejemplo, en el continente americano se distribuye el virus de la rabia, de la cual se registró su detección en 74 especies de murciélagos, donde destacaron el género *Myotis* y las especies *Tadarida brasiliensis*, *Lasionycteris noctivagans* y *Desmodus rotundus*. Estas especies de murciélagos albergan seis variantes de las 11 descritas hasta el momento. En el caso de los murciélagos hematófagos, circulan las variantes V3, V5 y V11, mientras que en murciélagos insectívoros se han detectado

las variantes V4, V6 y V9 (Díaz *et al.*, 1994; De Mattos *et al.*, 1999; Páez *et al.*, 2007; Cisterna *et al.*, 2005; Anexo 2).

En Europa, se registró que se distribuyen el virus de Lleida, virus de Bokeloh, los Lyssavirus europeos 1 y 2. Las principales especies de murciélagos que albergan estos virus son las especies *Myotis nattereri*, *M. blythii*, *M. daubentonii*, *Miniopterus schreibersii*, *Eptesicus isabellinus* y *E. serotinus* (Fooks *et al.*, 2006; Vázquez-Morón *et al.*, 2008; Smreczak *et al.*, 2009; Freuling *et al.*, 2011; Ceballos *et al.*, 2013; Picard-Meyer *et al.*, 2019; Anexo 2).

Mientras que, en el continente africano, se registró la presencia del virus de Shimoní, virus de Lagos y el virus de Duvenhage, los cuales han sido detectados en los murciélagos de las especies *Hipposideros commersoni*, *Epomophorus wahlbergi*, *Eidolon helvum*, *Nycteris thebaica* (Markotter *et al.*, 2006; 2013; Kuzmin *et al.*, 2010a; Anexo 2). También se observó que la distribución de las diferentes especies de virus del género *Lyssavirus* se limitan a la distribución de las especies de sus murciélagos hospederos (Rupprecht *et al.*, 2011; Markotter y Coertse, 2018; Anexo 2; Shipley *et al.*, 2019).

Por otro lado, se documentó la presencia de los coronavirus en 246 especies de murciélagos de 15 de las 16 familias reportadas en este estudio (excepto Natalidae), en 63 países de los cinco continentes que los habitan. Las familias de murciélagos con mayor número de especies con detección de coronavirus fueron Vespertilionidae, Pteropodidae y Rhinolophidae con 83, 39 y 30 especies, respectivamente.

Esta gran diversidad y amplia distribución de coronavirus en murciélagos se debe probablemente a diversos factores, como su larga historia coevolutiva (Ruiz-Aravena *et al.*, 2022), resultado de mutaciones, recombinaciones, cambios de huésped y por la ecología del huésped (Drexler *et al.*, 2014; Anthony *et al.*, 2017b; Anexo 2). Algunos de estos coronavirus como los detectados en murciélagos vespertilionidos, como de la especie *Pipistrellus hesperidus* el cual se distribuye en el centro y sureste de África, tienen una similitud genética del 86% con el virus del MERS-Cov (del inglés Middle East Respiratory Síndrome Coronavirus) (Anthony *et al.*, 2017a; Anexo 2). Mientras que los coronavirus aislados en murciélagos del género *Rhinolophus* muestran hasta un 92% de similitud genética con el virus del SARS-Cov (del inglés Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus), y del 96% con el virus del SARS-Cov-2, ambos virus con origen en China (Li *et al.*, 2005; Anexo 2; Zhou *et al.*, 2020). En conjunto, estos ejemplos de porcentaje de similitud entre virus aislados en murciélagos y virus que han causado brotes zoonóticos demuestran que estos coronavirus están relacionados genómicamente y que tienen ancestría común.

Por otro lado, la capacidad de los coronavirus para infectar un nuevo huésped esta mediada por la interacción entre su dominio de unión del receptor (RBD) de la proteína de la espícula del coronavirus y el receptor del huésped (Fehr y Perlman, 2015). Por lo que pequeñas diferencias en las estructuras de los receptores pueden alterar o disminuir eficiencia de la infección del virus (Reguera *et al.*, 2014). En este sentido las diferencias en los receptores de humanos con aquellos de los coronavirus en

murciélagos dan como resultado una baja probabilidad de salto de huésped. (Frutos *et al.*, 2021).

8.1.3 Métodos de detección de virus

Las técnicas o métodos para la detección de virus en murciélagos fueron muy variadas a lo largo del periodo de investigación con un total de 25. El método con el mayor registro de uso en este estudio (n=713) fue la Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR en inglés), seguido de la Prueba de Anticuerpos Fluorescentes Directos (DFAT en inglés) con 117 estudios y el Ensayo por Inmunoabsorción Ligado a Enzimas (ELISA) con 89 publicaciones (Cuadro 6).

Cuadro 6: Lista de los principales métodos utilizados para detectar virus en murciélagos.

Prueba	Siglas en inglés	Número de trabajos
Reacción en cadena de la polimerasa de transcripción inversa	RT-PCR/PCR	713
Prueba de anticuerpos fluorescentes	FAT	117
Ensayo por inmunoabsorción ligado a enzimas	ELISA	89
Prueba de inoculación en ratón	MIT	75
Prueba rápida de inhibición de foco fluorescente	RFFIT	64
Prueba de Anticuerpos Fluorescentes Indirectos	IFAT	43
Ensayo de inmunofluorescencia	IFA	37
Western Blot	WB	29
Prueba de Inmunofluorescencia directa	DIF	26
Prueba de inoculación de cultivo de tejidos de rabia	RTCIT	24

El método más empleado, la PCR, fue desarrollada en 1983 por el Dr. Kary Mullins, para la detección de mutaciones del gen HBB que causa anemia falciforme (Saiki *et al.*, 1985). Sin embargo, fue hasta 1987 cuando se usó por primera vez como herramienta de diagnóstico viral para la identificación de secuencias del virus de

inmunodeficiencia humana (VIH) (Kwok *et al.*, 1987). Entre las ventajas de la PCR, está su facilidad de uso y el requisito previo de información de secuencia (para el diseño de cebadores). Por otro lado, existen múltiples variedades de esta técnica (e.g., PCR a tiempo real, RT-PCR) que son utilizadas dependiendo de las necesidades del investigador. La PCR se basa en la identificación de secuencias específicas del virus, puede ser utilizada tanto para los que contengan RNA (e.g., coronavirus, dengue, rabia) como DNA (e.g., adenovirus, poxvirus).

Esto ha permitido el descubrimiento de varios genotipos nuevos de virus conocidos como las nuevas variantes genéticas de *Betacoronavirus* detectados en los murciélagos frugívoros *Pteropus rufus* y *Eidolon dupreanum* (Razanajatovo *et al.*, 2015; Anexo 2), o la detección de un nuevo linaje del Usutu virus, aislado del Vespertilionido *Pipistrellus pipistrellus* (Cadar *et al.*, 2015; Anexo 2). Además, de su importante rol en el diagnóstico viral, la amplificación del genoma de los virus ha permitido caracterizar las secuencias nucleotídicas virales con el objetivo de obtener información sobre su epidemiología molecular (Pérez-Breña *et al.*, 2006; Tapia, 2015).

Mientras que el método FAT es una de las pruebas serológicas altamente sensible y específica, con resultados rápidos (Meslin *et al.*, 1996). Este método se ha utilizado ampliamente para la detección de *Lyssavirus*, por ejemplo, el European Bat Lyssavirus (EBLV), el virus rabia (Müller *et al.*, 2007b; Jakava-Viljanen *et al.*, 2010; Anexo 2). Sin embargo, en los últimos 50 años ha sido utilizados tanto en países en desarrollo como subdesarrollados, especialmente en la detección de la rabia (e.g., Zieger *et al.*, 2017; Tadeu *et al.*, 2021; Anexo 2). Por lo que ha sido nombrada la prueba estándar de oro

para el diagnóstico de la rabia (Meslin *et al.*, 1996). También puede ser utilizada para virus de otras familias como adenovirus o virus de la Influenza. Sin embargo, la sensibilidad de método es menor (Portillo y Cruz, 2000).

Este método además de identificar la presencia del virus puede ser utilizada en la vigilancia rutinaria, evaluación de riesgos en casos de exposición a mordeduras, determinación del virus en infecciones experimentales y evaluación de programas de vacunación (Mayes y Rupprecht, 2015). No obstante, este método tiene sus inconvenientes, como la necesidad suficiente de células diana, un microscopio de fluorescencia, una habitación oscura y experiencia en interpretación para distinguir la tinción específica de la no específica (Landry y Ferguson, 2010).

Por otro lado, método ELISA revolucionó el diagnóstico viral en los 90's al simplificar la detección y reducir el tiempo para obtener resultados concluyentes mediante el uso de anticuerpos monoclonales marcados con fluorescencia para unirse e iluminar anticuerpos específicos, que mejoraron la sensibilidad y especificidad del ensayo (Engvall y Perlmann, 1971; Torrance y Jones, 1981). Esta técnica aumenta los esfuerzos de vigilancia y ayuda a determinar si una especie huésped es el reservorio natural del virus (Epstein y Anthony, 2012). Por otro lado, los anticuerpos específicos pueden persistir durante años, en este sentido gracias este método se ha estimado que la prevalencia de anticuerpos del virus Nipah en especies de murciélagos del género *Pteropus* es menor al 1 % (Rahman *et al.*, 2013; Anexo 2). El método ELISA es muy útil en estudios epidemiológicos y ecológicos de la dinámica viral en huéspedes reservorios.

Sin embargo, cuando se necesita analizar un grupo de diversos virus o patógenos, carece de la flexibilidad y compatibilidad. Además, requieren de una alta calidad de antisueros, y aunque es rentable para la detección de patógenos a gran escala, es un procedimiento costoso para muestras pequeñas (Katsarou *et al.*, 2019).

8.1.4 Países con mayor detección de virus

Se detectaron virus en murciélagos para 118 países en todos los continentes, excepto la Antártida. En el continente africano se detectaron virus en 31 países, mientras que, en América en 27 países, Europa registró 26 naciones, Asia con 30 y Oceanía con 4 países. Por otro lado, a nivel país China fue el de mayor detección de virus con al menos 87 virus distintos, seguido de Brasil con 38 virus y Australia con 24 especies de virus (Figura 1).

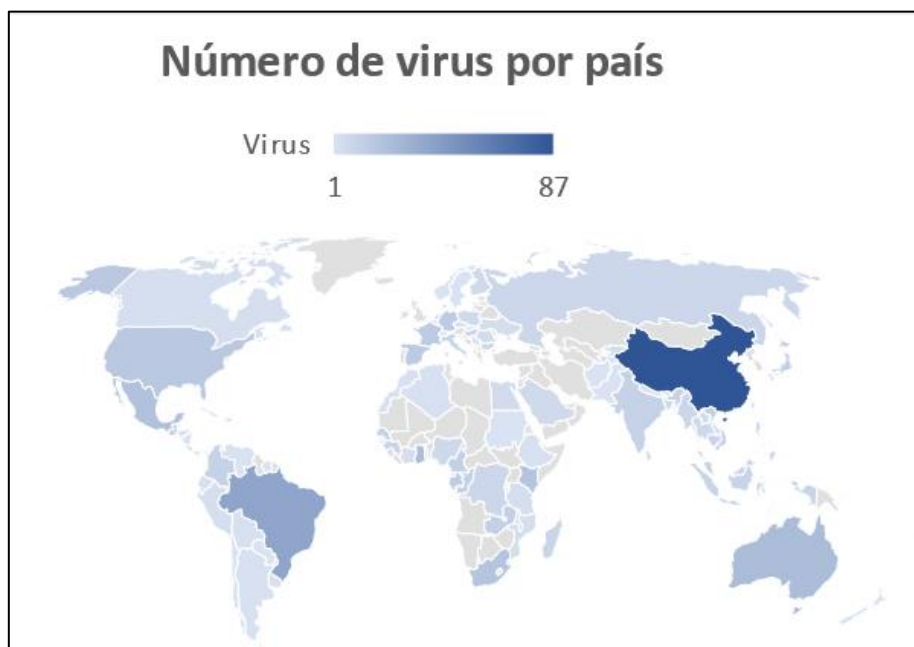


Figura 1: Número de virus detectados por país. El tono azul indica la cantidad de virus, entre más fuerte es el tono de azul es mayor el número de virus. Mientras que el color gris indica ausencia de virus detectados.

El hecho de que estos países tengan registros de una mayor cantidad de virus detectados en murciélagos puede deberse a diversos factores. 1) son de los países con mayor extensión territorial de acuerdo con Statista (2022), lo que les permite tener una gran diversidad de hábitats. 2) poseen una mayor diversidad de especies de murciélagos; por ejemplo, en Australia se han descrito 195 (Armstrong *et al.*, 2020), en Brasil 181 especies (Garbino *et al.*, 2022), China 135 especies (Jiang *et al.*, 2017) y EUA 47 especies (Harvey *et al.*, 2011). Lo cual les le puede permitir a los virus hospedarse en diversas especies. 3) son los países con mayor deforestación para convertirlas en tierras agrícolas en los últimos años. Sobre este último punto, datos de la FAO (2020) muestran que en el periodo de 2006-2016, China fue el país con mayor extensión de terrenos agrícolas con 500 millones de hectáreas (mha), seguido de EUA con cerca de los 500 mha, Australia con 400 mha y Brasil con 278 mha. La constante expansión de tierra agrícolas en estos países ha dado como resultado el asentamiento de los murciélagos en ambientes antropizados (Afelt *et al.*, 2018; Anexo 2). Aumentando las tasas de contacto entre murciélagos-humanos y, por lo tanto, un aumento de contagio viral por parte ellos (Olivero *et al.*, 2020; Anexo 2; Loh *et al.*, 2022).

Un ejemplo de ello, han sido los brotes de SARS-Cov y MERS-Cov que han afectado la salud pública (Hu *et al.*, 2015; Cui *et al.*, 2019; Anexo 2) y han sido relacionados con coronavirus detectados en murciélagos. Adicionalmente, en varias regiones del planeta, existe una cultura alimentaria humana de consumir animales vivos, lo cual aumenta el riesgo de contagio zoonótico (Tumelty *et al.*, 2023). Por ejemplo, en

comunidades de países africanos como Ghana y República del Congo es común el consumo de carne del murciélago *Eidolon helvum* en los cuales se han detectado anticuerpos y RNA relacionados a *Henipavirus* (Mickleburgh *et al.*, 2009; Weiss *et al.*, 2012a; Anexo 2). Mientras que en países asiáticos como Filipinas, Tailandia, Malasia y Bangladesh el consumo de carne de murciélago se basa principalmente en las especies del género *Pteropus* (Micklenburgh *et al.*, 2009), que han sido señalados como los reservorios principales del virus Nipah (Chong *et al.*, 2009).

Se ha detectado que los murciélagos generalistas albergan más virus que aquellos murciélagos especialistas. Por ejemplo, en Brasil identificaron una mayor frecuencia especies de coronavirus en murciélagos de las especies *Artibeus planirostris*, *Carollia perspicillata* y *Sturnira lilium*, los cuáles son considerados generalistas (Loh *et al.*, 2022). En China se han detectado un coronavirus en 38 especies de murciélagos, de los cuales 17 son murciélagos generalistas de los géneros *Rhinolophus* (Lau *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2019; Guo *et al.*, 2021; Anexo 2), *Pipistrellus* (Luo *et al.*, 2018; Lau *et al.*, 2021; Anexo 2) y *Scotophilus* (Tang *et al.*, 2006; Anexo 2). Mientras que en Australia se han detectado *Henipavirus* (Halpin *et al.*, 2000; Field *et al.*, 2001; Marsh *et al.*, 2012; Anexo 2) y *Lyssavirus* (Speare *et al.*, 1997; Gould *et al.*, 1998; Anexo 2) en murciélagos generalistas del género *Pteropus*. Los murciélagos generalistas tienen una mayor capacidad de dispersión y explotar una variedad de recursos, así como tolerar una amplia gama de hábitats, lo que lleva a mayores tasas de colonización en paisajes modificados por el hombre (Loh *et al.*, 2022).

8.2 Análisis Bibliométricos

8.2.1 Volumen y tendencia de crecimiento

En general, a lo largo del periodo estudiado se presentaron una serie de incrementos y decrementos en el número de publicaciones. La trayectoria de crecimiento se puede observar en los años 2002 (n=26), 2006 (n=42), 2010 (n=62), 2013 (n=1 00) y 2018 (n=135) y un pico máximo de 207 publicaciones en 2020, dando una tasa anual del 13.41%. La línea de tendencia con formula de $y = 3.8128x$ (Figura 2) muestra un aumento constante en el número de publicaciones, con un coeficiente de determinación de $R^2 = 0.858$, es decir, hay una relación positiva casi “perfecta” entre el tiempo y el número de publicaciones. Mientras avancen los años el número de publicaciones seguirá aumentando con respecto al año anterior.

Estos resultados demuestran la rápida expansión de la investigación de virus y murciélagos del mundo a partir del 2010, pasando de 56 publicaciones en los primeros 10 años (1990-1999) a 747 en los últimos 10 años (2012-2021). Esta tendencia de incremento es el resultado del creciente interés de los científicos por detectar e identificar a los virus que albergan los murciélagos, con el fin de determinar su riqueza viral. Por otro lado, algunos virus han sido responsables de brotes epidémicos (Wang y Anderson, 2019, Anexo 2) por lo que los científicos también investigaron una posible relación coevolutiva entre virus y murciélagos como algunos coronavirus (MERS-Cov-SARS-Cov-2) que evolucionaron de linajes ancestrales de *Betacoronavirus* de murciélagos (Ruiz-Aravena *et al.*, 2022).

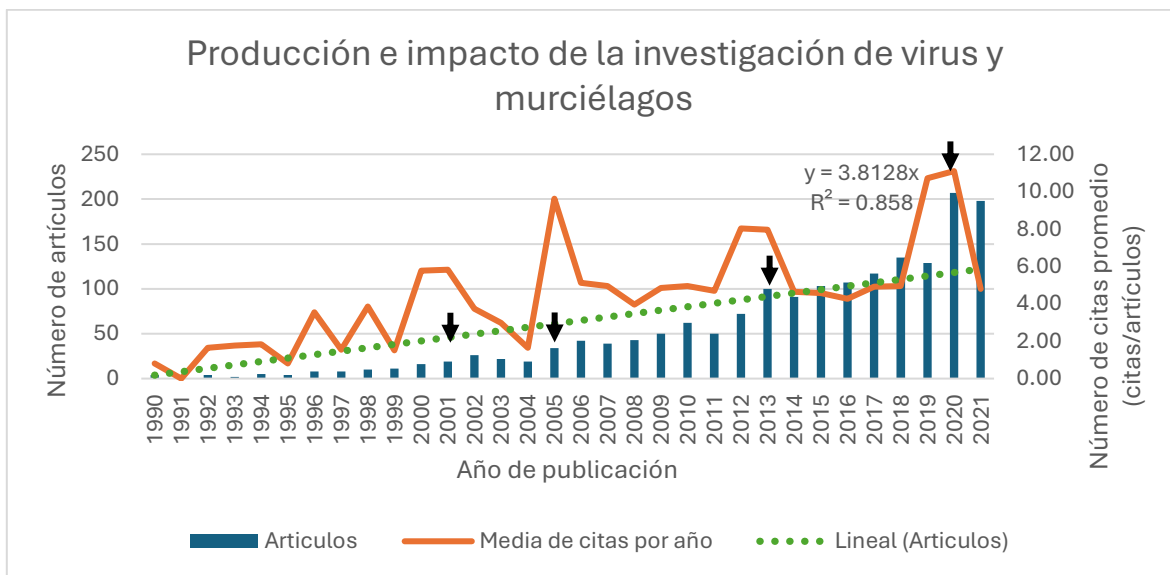


Figura 2: Crecimiento e impacto anual de la producción científica de artículos en la investigación de murciélagos-virus (1990-2021). Las barras en azul indican el número de artículos por año y la línea anaranjada la media de citas totales. La línea punteada es la línea de tendencia lineal con respecto al número de publicaciones por año. $R^2 =$ coeficiente de determinación. $y = 3.8128x$ es la fórmula de la línea de tendencia. Las flechas negras indican años con incrementos en el número de publicaciones importantes.

Por otro lado, se observó que hay aumentos tanto en la producción de artículos como en el promedio de citas en años particulares con respecto al año anterior. El primer aumento ocurrió entre los años 2000—2001 (total de 35 artículos y 5.81 citas por el total de artículos), le siguió el 2005 con 34 artículos y 9.63 citas, posteriormente en el año 2013 con 100 estudios y 7.97 citas, y finalmente el 2020 con 207 artículos y 11.1 citas (Figura 2).

Este aumento en la productividad de artículos se debe quizás a que en esos años ocurrieron brotes o pandemias causadas por virus zoonóticos. En el periodo 2000—2001 se registraron brotes del virus Nipah en Bangladesh que fueron posteriores a los primeros ocurridos en Singapur y Malasia entre 1998—1999 provocando pérdidas humanas y económicas en la porcicultura (Epstein *et al.*, 2006; Anexo 2). El 2003, que

fue marcado por el brote de SARS-Cov que se originó en el sur de China y fue denominada la primera pandemia del siglo XXI al haber registrado 916 defunciones en 29 países de los cinco continentes en 2003 (Peiris *et al.*, 2003).

Mientras que, en 2013, un año posterior al brote del coronavirus MERS-Cov que se originó en Arabia Saudita se registraron 825 casos en humanos y 356 defunciones (Feikin *et al.*, 2014). Por último, en 2020 ocurrió el brote de la COVID-19 causado por el virus del SARS-Cov-2 identificado en 2019 en Wuhan, China (Wuhan Municipal Health Commission, 2019). El cual causó una de las mayores pandemias en la historia que provocó la muerte de aproximadamente 7 millones de personas en todo el mundo, con el último reporte realizado el 8 de agosto de 2023 por la Organización Mundial de la Salud (OMS). Por lo que durante la pandemia de la COVID-19 los estudios se enfocaron en identificar el probable origen del virus (Flores-Alanis *et al.*, 2020; Wu *et al.*, 2020; Anexo 2; Zhou *et al.*, 2020) y el su mecanismo de reconocimiento mediante receptores célula (Conceicao *et al.*, 2020; Li *et al.*, 2020; Anexo 2; Shang *et al.*, 2020).

8.2.2 Distribución geográfica de las publicaciones

El mapa mundial (Figura 3) muestra los 10 países más productivos en la publicación de artículos, considerando la afiliación de los autores de correspondencia que publicaron artículos sobre la investigación de virus y murciélagos. Estos países contribuyeron con el 62.77% del total de publicaciones. Estados Unidos de América y China lideraron tanto en la productividad con 293 y 182 publicaciones, así como en el impacto en la investigación de virus y murciélagos con 16, 948 y 13,306 citas totales, respectivamente (Cuadro 7 y 8).

Ambos países sobresalieron en este aspecto debido a que son los países que han invertido mayormente en investigación y desarrollo, con el 2.94 % y 2.19 % de su PIB respectivamente, de acuerdo con el informe sobre la ciencia 2021 de la UNESCO (Schneegans *et al.*, 2021). Esto los ha llevado a contar con una infraestructura científica avanzada que permite mayor inversión en la investigación y desarrollo

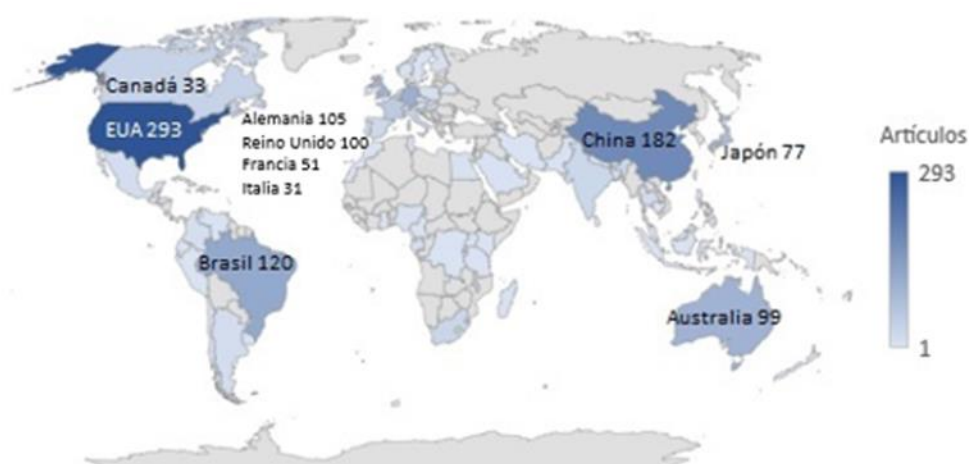


Figura 3: Mapa mundial de las publicaciones de acuerdo con el autor de correspondencia. Se señalan a los 10 países con el mayor número de publicaciones. Entre más fuerte es el tono de color azul mayor es la producción. Mientras que los países en color gris no registran artículos publicados.

Cuadro 7: Los 10 países más productivos de acuerdo con la afiliación del autor. Art= Artículos, TC= Total de citas, PC= Promedio de citas.

País	Art.	TC	PC
EUA	293	16,948	57.84
China	182	13,306	73.11
Brasil	120	1,432	11.93
Alemania	105	4,690	44.67
Reino Unido	100	3,320	33.20
Australia	99	5,470	55.25
Japón	77	1,409	18.30
Francia	51	1,877	36.80
Canadá	33	1,190	36.06
Italia	31	984	31.74

Cuadro 8: Los 10 países más citados de acuerdo con la afiliación del autor. Art= Artículos, TC= Total de citas, PC= Promedio de citas.

País	TC	PC	Art.
EUA	16,948	57.84	293
China	13,306	73.11	182
Australia	5,470	55.25	99
Alemania	4,690	44.67	105
Reino Unido	3,320	33.20	100
Francia	1,877	36.80	51
Gabón	1,797	256.71	7
Brasil	1,432	11.93	120
Japón	1,409	18.30	77
Canadá	1,190	36.06	33

científico donde se incluye el campo de la virología en sus diferentes ramas (epidemiología, genética, serología, etc.) (Colombo y Angelis, 2021). También, el hecho de haber sufrido brotes virales zoonóticos en sus territorios. Por ejemplo, en China los brotes de SARS-Cov y SARS-Cov-2 (Rosling y Rosling, 2003; Zhu *et al.*, 2020), mientras que en EUA el brote de SARS-COV-2 (CDC, 2020), han aumentado las investigaciones para comprender la relación virus-murciélago. Por lo que científicos adscritos a sus instituciones se dieron la tarea de desarrollar investigaciones para monitorear posibles zonas de brotes de virus. Por ejemplo, Deka y Morshed (2018; Anexo 2), proporcionaron mapas de probable riesgo de transmisión del virus Nipah en Sur y Sudeste de Asia. Con el objetivo de mejorar la vigilancia de este virus, y minimizar la mortalidad humana, la morbilidad a largo plazo, las dificultades económicas y posibles eventos de contagio.

Por otra parte, tanto EUA como China han realizado estudios experimentales para la creación de vacunas contra los virus, lo que ha dirigido el desarrollo de métodos para combatir la rabia (*e.g.*, Almeida *et al.*, 2005; Delpietro *et al.*, 2021; Anexo 2). Esto ha llevado a que exista una competencia entre ambos países para obtener los beneficios del reconocimiento y las patentes de las mismas vacunas, por ejemplo, la vacuna contra la COVID-19 (Martínez, 2022).

El número de estudios por país también estuvo relacionado con el origen geográfico del virus. Un hecho que ilustra esto es que la literatura enfocada en los coronavirus (SARS-Cov y SARS-Cov-2) predomina en China, que ha sido el foco de infección de estos brotes (Guangdong y Wujan). Las instituciones locales han sido las encargadas

de realizar las investigaciones como es el caso del Instituto de la Universidad de Hong Kong, que por medio de estudios filogenéticos identificaron que el SARS-Cov de humanos y el SARS-Cov de murciélagos están estrechamente relacionados dado que forman el grupo 2b de coronavirus con diferencias en los genes ORF3 y ORF8 (Lau *et al.*, 2005; Anexo 2). Por su parte, científicos del Instituto de Virología de Wuhan encontraron una alta prevalencia de anticuerpos contra el SARS-Cov en murciélagos del género *Rhinolophus* por lo que determinaron que los murciélagos son los huéspedes naturales del virus (Li *et al.*, 2005; Anexo 2). Sin embargo, es importante mencionar que, diferentes publicaciones han mencionado y apoyado la idea de que los murciélagos no son los culpables de los brotes de los diferentes coronavirus que han afectado a la población humana (Sélem-Salas, 2020; González y Medellín, 2021).

Otro ejemplo es que la literatura sobre el virus Marburg predomina en países africanos, destacando a Gabón como el de mayor impacto con 1,797 citas en tan solo 7 artículos (Cuadro 7). Estas publicaciones en su mayoría provienen del Centro Internacional de Investigaciones Médicas de Franceville, donde sugieren al murciélago *Rousettus aegyptiacus* (con distribución exclusivamente africana) como el reservorio natural de este virus (Towner *et al.*, 2007; Anexo 2). Se han reportado diversos brotes del virus Marburg en países africanos, pero el más devastador ocurrió en Angola entre 2004 y 2005 con 227 personas fallecidas (Towner *et al.*, 2006).

En cuanto a la colaboración entre países con al menos 25 artículos publicados y que alcanzaron en un mínimo de 100 citas, se presenta el mapa bibliométrico donde el tamaño de los nodos representa el número de artículos publicados por país y los

vínculos entre países representan el número de publicaciones en coautoría, entre más gruesa es la línea, la colaboración entre estos países es mayor (Figura 4). En la parte central, se ubica Estados Unidos de América (EUA) quien fue registrado como el país más productivo y el de mayor colaboración con otros países (21). Según datos de la Fundación Nacional de Ciencias de Estados Unidos, en 2018 la tasa de colaboración de EUA fue del 37%, es decir, poco más de una tercera parte de sus publicaciones las efectuaron mediante colaboraciones con instituciones de otros países.

Se registró que EUA ha colaborado en gran medida con Australia, destacando su colaboración con la Alianza Ecosalud y el Departamento de Microbiología e Inmunología de la Universidad de Servicios Uniformados de Ciencias de la Salud de Bethesda, con el Centro de Queensland para Enfermedades Infecciosas Emergentes. De estas colaboraciones, se han realizado diversos descubrimientos sobre la transmisión del virus Hendra en murciélagos, por ejemplo, Edson *et al.* (2015b; Anexo 2) identificaron que la orina es la fuente más plausible de infección de este virus en la especie *Pteropus alecto*. Mientras que Plowright *et al.* (2008; Anexo 2), hallaron que el estrés reproductivo y nutricional de los murciélagos de la especie *P. scapulatus* aumentan los niveles del virus Hendra, aumentando la probabilidad de transmisión. Por otro lado, Weir *et al.* (2021; Anexo 2), desarrollaron anticuerpos monoclonales humanos específicos que neutralizan eficazmente a los *Lyssavirus* del grupo I (e.g., ABLV, rabia, EBLV-1 y 2) a partir de la unión de dos fragmentos de antígenos (Fab) el F11 y el A6, por lo que ambos Fab podrían actuar como herramientas terapéuticas y de diagnóstico contra estos *Lyssavirus*.

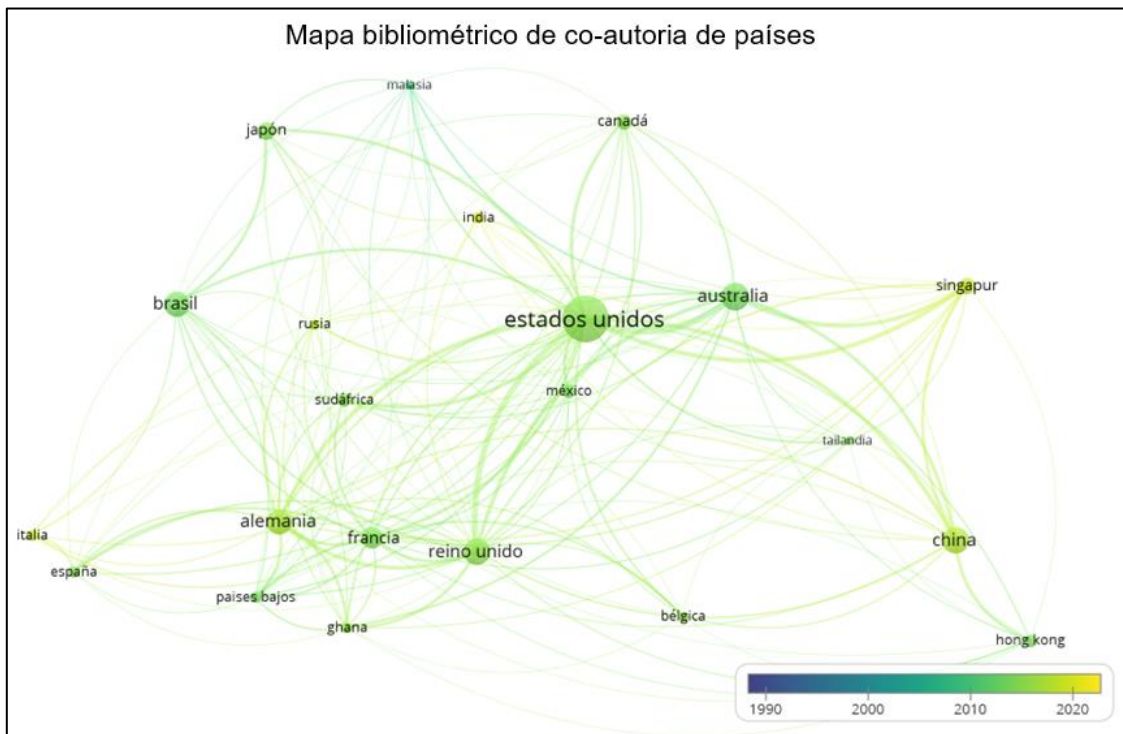


Figura 4: Mapa bibliométrico de co-autoría de países en un periodo de 2012—2018. El color de la línea indica la colaboración entre países de acuerdo con el año señalado en la barra. Con fines de representación se fijó un umbral de un mínimo de 25 publicaciones y 100 citas por artículo publicado.

En general, nuestros datos apoyan la premisa de que, a mayor porcentaje de colaboración entre distintos países, mayor es la visibilidad y citación de sus publicaciones. Al respecto, Freeman y Huang (2014) mencionan que cuando los co-investigadores pertenecen a diferentes etnias, mejoran la calidad de la publicación, dado que la diversidad étnica contribuye a la productividad al incrementar las ideas, procedimientos variados y hacer referencia a una gama más amplia de trabajos anteriores.

8.2.3 Revistas científicas

Se registró un total de 342 revistas, de las cuales diez concentraron el 38.67% del total de publicaciones (Cuadro 9). La revista más productiva fue *Emerging Infectious Diseases* con 126 artículos y 4,226 citas (segunda más citada), seguido de la revista *Viruses* con 109 publicaciones y 1,605 citas.

Cuadro 9: Lista de las 10 revistas más productivas, indicando el número de artículos por revista, su porcentaje, país de origen, número de citas y la Media Total de Citas por Artículo (MTCArt).

Revistas	Artículos	Porcentaje %	País de Origen	Citas	MTCArt
Emerging Infectious Diseases	126	7.25	EUA	4,226	33.51
Viruses	109	6.27	Suiza	1,605	14.72
Plos One	82	4.72	EUA	1,407	17.16
Journal of Virology	79	4.55	EUA	4,727	59.84
Journal of General Virology	64	3.68	Reino Unido	1,967	30.73
Archives of Virology	49	2.82	Austria	935	19.08
Scientific Reports	47	2.7	Reino Unido	406	8.64
Virus Research	43	2.47	Países Bajos	1,007	23.42
Infection, Genetics & Evolution	38	2.19	Países Bajos	413	10.87
Journal of Wildlife Diseases	35	2.01	EUA	695	19.86

La revista *Emerging Infectious Diseases* que encabeza la lista de revistas científicas más productivas es publicada por los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC). Se especializa en la publicación de investigaciones sobre enfermedades infecciosas nuevas y emergentes de todo el mundo, involucrando factores como la aparición, prevención y eliminación de las enfermedades. Además, esta indexada en varias bases de datos científicas como Scopus, Web of Science y aquellas especializadas en ciencias de la salud como y Medline, dándole un mayor

alcance y visualización. Una de las publicaciones más citadas de esta revista es la de Memish *et al.* (2013; Anexo 2), donde compararon al virus de MERS-Cov aislado de un murciélago *Taphozous perforatus* (murciélago de tumba egipcio) capturado en Arabia Saudita, con un virus MERS-Cov aislado de un humano durante la pandemia del MERS del 2012, y encontraron una similitud del 100%, sugiriendo la posibilidad de que los murciélagos podían tener un papel importante en la infección humana.

Mientras que, la revista *Viruses* publica una amplia variedad de temas enfocados en los virus como su origen, evolución estructura, genomas e inmunología viral. También diversas sociedades de todo el mundo referentes a virología están afiliadas la revista (e.g., Sociedad Americana de Virología, Sociedad Italiana de Virología, Sociedad de Australasia de Virología). El artículo más citado para esta revista fue escrito por Fan *et al.* (2019; Anexo 2), en el cual resumen el conocimiento actual sobre la diversidad viral, los huéspedes reservorios y las distribuciones geográficas de los coronavirus de murciélago en China.

En general, los autores eligieron en su mayoría revistas especializadas en tópicos de virología (debido al nombre de la revista) para publicar sus resultados. Otro punto a destacar es que gran parte de las revistas pertenecen al cuartil 1 (Q1) de acuerdo con el portal SCImago Journal Rank (siglas en ingles SJR) (SCImago, 2024), que son aquellas con el mayor factor de impacto en su categoría. Favoreciendo la visibilidad de las investigaciones de virus-murciélago y por ende un mayor número de citas.

La red bibliométrica de co-citación de revistas se agrupó en cuatro clústeres o grupos de diferente color (Figura 5). El grupo rojo agrupó 22 revistas destacando a “*Zoonoses*

and Public Health”, “Journal of Wildlife Diseases” o “Emerging Infectious Diseases” como las de mayor número de co-citaciones. El grupo verde consistió en 21 revistas, destacando a “Journal of Virology” y “Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America”. Mientras que el grupo azul se conformó por ocho revistas, siendo “General Virology” y “Virology” las de mayor número de co-citaciones. Por último, el grupo amarillo se conformó por tres revistas “Plos One”, “Ecohealth” y “Microbes and Infection”.

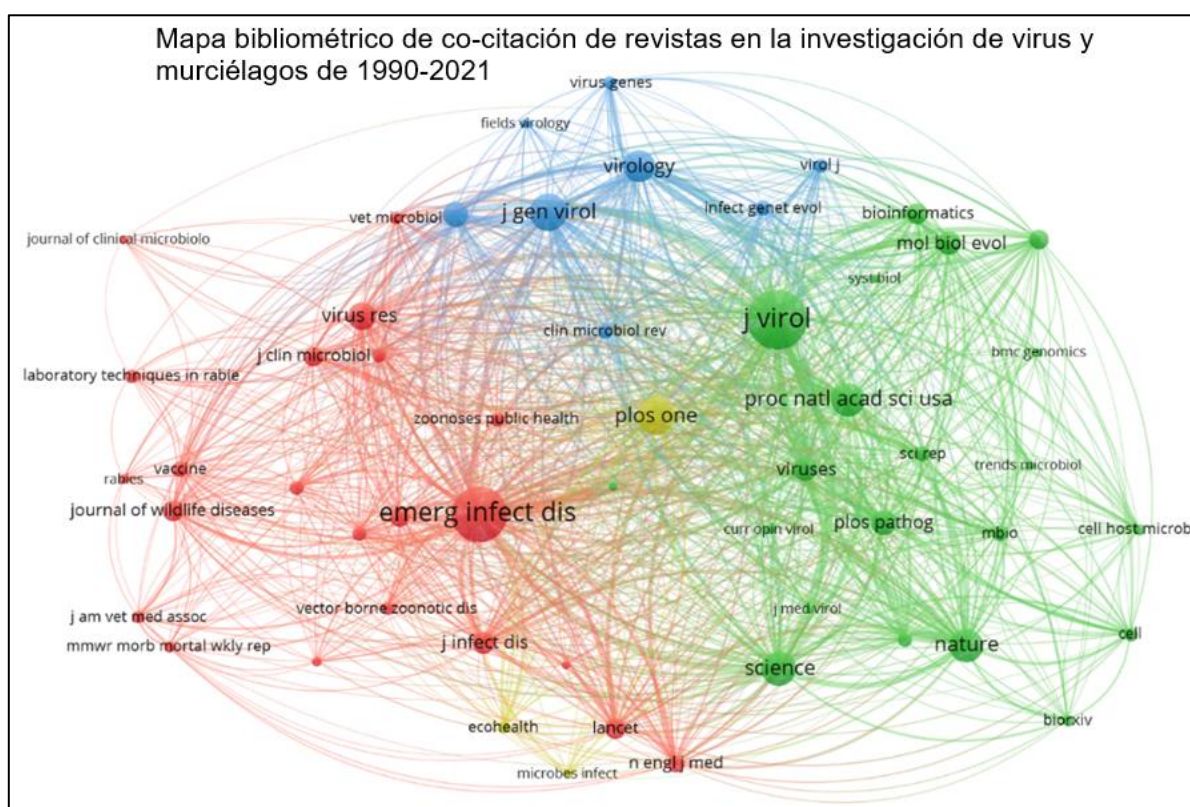


Figura 5: Mapa bibliométrico de co-citación de revistas en la investigación de virus y murciélagos de 1990-2021. Con fines de representación, se fijó un umbral de un mínimo de 100 citas por artículo publicado en una revista determinada. Se muestran las revistas con mayor número de citas, mientras que los nodos representan la cantidad de artículos co-citados publicados por una sola revista. La proximidad de los nodos refleja el grado en que las co-citaciones se derivan de esas revistas.

Estas agrupaciones se formaron a partir de las temáticas que se manejan en cada grupo de revistas. Las revistas del grupo rojo abordan temas como la aparición, transmisión, prevención, control y eliminación de las zoonosis que afectan la salud de las poblaciones de vida silvestre y de humanos. Las investigaciones publicadas en las revistas de esta agrupación han permitido la implementación de políticas públicas específicas para el control de la rabia en animales domésticos como las implementadas por el Centro Panamericano de Fiebre Aftosa y Salud Pública Veterinaria de la Organización Panamericana de Salud/Organización Mundial de la Salud (2021).

Mientras que las revistas que conforman el grupo verde publican sobre diversos temas como la replicación viral, patogénesis e interacciones virus-huésped, estudios filogenéticos, epidemiológicos (e.g., Ren *et al.*, 2008; Anexo 2; Aydillo *et al.*, 2018). Por ejemplo, Streicker *et al.* (2010; Anexo 2) mencionan que la transmisión de virus entre especies de diferentes familias de murciélagos es poco común, sin embargo, ocurre con mayor frecuencia con especies estrechamente relacionadas permitiendo la adaptabilidad del virus en su nuevo huésped.

Por otro lado, las revistas del grupo azul se enfocan en el estudio de la patogénesis molecular, fisiopatología y genética de las infecciones virales en huéspedes. Por ejemplo, en la revista *Journal of General Virology* se publicó un estudio experimental en murciélagos de la especie *Eptesicus fuscus* donde sugieren que la infección repetida a largo plazo del virus de la rabia en ellos puede proporcionar una memoria

inmunológica significativa y una menor susceptibilidad a la infección (Turmelle *et al.*, 2010c; Anexo 2).

Por último, en el grupo amarillo abordan temas de biología molecular y celular, virulencia molecular y los mecanismos de evasión. Con el objetivo de identificar aquellos virus a los que son más susceptibles los murciélagos. Un claro ejemplo, es un artículo de Hoffmann *et al.* (2013; Anexo 2) publicado en la revista *PlosOne*, donde a través de infecciones experimentales en células de murciélagos demostraron que los murciélagos son más susceptibles a paramyxovirus, filovirus y orthomyxovirus en comparación con otros virus (*e.g.*, coronavirus). Esto es debido a una barrera a nivel de receptores celulares donde las diferentes proteínas de los virus juegan un papel esencial para infectar a las células de los murciélagos. En general, este tipo de investigaciones pueden proporcionar información acerca cuales células son más susceptibles a las infecciones virales y aquellas que tienen resistencia viral para el estudio de la inmunología de los murciélagos y las interacciones con los virus.

8.2.4 Autores

Los análisis bibliométricos identificaron a los autores más productivos e influyentes en la investigación. El Dr. Linfa Wang fue el autor más productivo, presentó el mayor número de documentos (n=115; 6.61% del total), y fue el segundo autor más citado con 7,978, le siguen el Dr. Charles E. Rupprecht con 96 artículos, y el Dr. Hume Field con 65 publicaciones (Cuadro 10).

Cuadro 10: Lista de los 10 autores más productivos, donde se indica el número de publicaciones, su porcentaje total, número de citas y el instituto al que estén afiliados.

Autor	Art.	Porcentaje %	Citas	Afiliación o Instituto
Wang, L-F	115	6.61	7,978	Facultad de Medicina de Duke-NUS
Rupprecht, C. E.	96	5.52	6,835	Sociedad de Responsabilidad Limitada LYSSA
Field, H. E.	65	3.74	7,124	Alianza Ecosalud
Fooks, A. R.	58	3.34	2,158	Agencia de Sanidad Animal y Laboratorios Veterinarios
Shi Z-L	56	3.22	8,203	Instituto de Virología de Wuhan
Daszak, P.	53	3.12	7,358	Alianza Ecosalud
Drosten, C.	49	2.82	3,477	Instituto de Virología de Berlín
Drexler, J. F.	42	2.42	3,228	Charité-Universidad de Medicina de Berlín
Cramer, G.	38	2.19	4,063	Laboratorio Australiano de Salud Animal
Epstein, J. H.	36	2.07	4,977	Alianza Ecosalud

Las aportaciones de estos científicos han contribuido a una mayor comprensión entre la interacción de virus en murciélagos. Primero, Linfa Wang, autor de origen chino, es director del Programa de Enfermedades Infecciosas Emergentes de la Facultad de Medicina de Duke-Nuss en Singapur, y director ejecutivo inaugural del Programa de Investigación en Preparación y Respuesta a Epidemias (PREPARE). En las publicaciones de Linfa Wang se han enfocado en la detección y caracterización de virus albergados por murciélagos, principalmente en coronavirus y rabia, así como las enfermedades que provocan. Entre sus contribuciones más destacadas está la identificación de tres especies de murciélagos frugívoros del género *Rhinolophus* (*R. pearsonii*, *R. macrotis* y *R. ferrumequinum*) colectados en China que, de acuerdo con pruebas serológicas y moleculares, hospedan coronavirus relacionados al virus del SARS-Cov que provoca el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (Li *et al.*, 2005; Anexo

2). Otra de sus contribuciones fue la secuenciación del genoma completo de dos nuevos coronavirus (RsSHC014 y Rs3367), aislados de murciélagos de la especie *R. sinicus* en China, que por cierto tienen similitud genética del 99.9% con el SARS-Cov. También, en conjunto con investigadores de EUA y Australia, sugirieron que no son necesarios los huéspedes intermediarios para infectar a los humanos dado que el virus del SARS-Cov utiliza la enzima convertidora de angiotensina II humana (ACE2) para poder entrar a la célula (Ge *et al.*, 2013).

El Dr. Charles E. Rupprecht, con nacionalidad estadounidense, y jefe ejecutivo de la empresa LYSSA LLC (proporciona investigación y desarrollo biológico), es el mayor exponente en la investigación sobre la epidemiología, diagnóstico, prevención, control y tratamiento de la rabia, así como de otros *Lyssavirus*. Gracias a sus estudios filogenéticos se ha determinado que los saltos de huésped para el virus de la rabia ocurren con mayor frecuencia entre especies estrechamente relacionadas, y disminuye a medida que aumenta la distancia filogenética entre las especies de murciélagos, además las barreras fisiológicas o inmunológicas del huésped influyen en la probabilidad de una adaptación exitosa del virus (Streicker *et al.*, 2010; Anexo 2). También sugiere que las tasas de evolución viral son casi cuatro veces más rápidas en murciélagos con una distribución tropical y subtropical que aquellos murciélagos con distribución en zonas templadas. El Dr. Rupprecht menciona que este hecho se debe a una menor estacionalidad climática en zonas tropicales y subtropicales la cual tiene influencia en la actividad de los murciélagos (Streicker *et al.*, 2012b; Anexo 2).

Por otro lado, el Dr. Hume Field un australiano que desempeña un puesto como asesor en la Alianza Ecosalud en China y el sudeste asiático. Es una autoridad en el estudio de virus zoonóticos asociados a murciélagos. Ha desempeñado un papel clave en la identificación de murciélagos como reservorios de *Henipavirus*, virus australiano de la rabia (ABLV) y el virus del Ébola. También ha dirigido varios programas enfocados en enfermedades infecciosas (e.g., Vida Silvestre y Enfermedades Emergentes del Centro Australiano de Investigación Cooperativa de Bioseguridad para Enfermedades Infecciosas Emergentes). Sus investigaciones han detectado a murciélagos del género *Pteropus* como los principales reservorios de los *Henipavirus* (Halpin *et al.*, 2000; 2011; Yob *et al.*, 2001; Anexo 2).

En cuanto a los autores más influyentes, destacan la Dra, Shi Zhengli con 8,203 citas en 56 publicaciones, le sigue el Dr. Linfa Wang con 7,978 citas en 115 documentos (el autor más productivo). Y, el Dr. Peter Daszak con 7,358 citas en 53 artículos (Cuadro 11).

La Dra. Shi Zhengli es una viróloga china directora del Centro de Enfermedades Infecciosas Emergentes del Instituto de Virología de Wuhan. Sus investigaciones se enfocan en la epidemiología molecular y mecanismos de infección de patógenos virales transmitidos por la vida silvestre, principalmente por murciélagos. Ha sido una de las investigadoras más influyentes en el estudio de coronavirus en murciélagos, entre sus descubrimientos más destacados se encuentran la identificación en murciélagos de los géneros *Rhinolophus* y *Rousettus* de coronavirus estrechamente relacionados con el virus del SARS-Cov (Li *et al.*, 2005; Anexo 2). También se ha

enfocado en el uso del receptor ACE2 por parte del coronavirus para ingresar a las células e infectarlas por medio de un estudio experimental (Ge *et al.*, 2013; Anexo 2). Aunque la mayoría de sus investigaciones se enfocan en el estudio de coronavirus en murciélagos, también ha realizados estudios para detectar otros virus como circovirus (Ge *et al.*, 2011; Anexo 2), adenovirus (Li *et al.*, 2010b), paramyxovirus (Li *et al.*, 2008; Anexo 2), entre otros.

Cuadro 11: Lista de los 10 autores más influyentes, donde se indica el número de publicaciones, su porcentaje total de artículos, número de citas y el instituto al que estén afiliados.

Autor	Citas	Art.	Porcentaje % del total de artículos	Afiliación o Instituto
Shi Z-L	8,203	56	3.22	Instituto de Virologia de Wuhan
Wang, L-F	7,978	115	6.61	Facultad de Medicina de Duke-NUS
Daszak, P.	7,358	53	3.05	Alianza Ecosalud
Field, H. E.	7,124	65	3.74	Alianza Ecosalud
Rupprecht, C. E.	6,835	96	5.52	Sociedad de Responsabilidad Limitada LYSSA
Epstein, J. H.	4,977	36	2.07	Alianza Ecosalud
Crameri, G.	4,063	38	2.19	Laboratorio Australiano de Salud Animal
Kar Pui, L. S.	3,937	28	1.61	Departamento de Microbiología, Universidad de Hong Kong
Kwok-Yung, Y.	3,932	27	1.55	Departamento de Microbiología, Universidad de Hong Kong
Woo Chiu, P.Y.	3,919	27	1.55	Departamento de Microbiología, Universidad de Hong Kong

Por su parte el Dr. Peter Daszak, es un zoólogo británico presidente de la Alianza Ecosalud con sede en los Estados Unidos de América. Sus investigaciones se enfocan en el estudio del origen e impacto de enfermedades zoonóticas. Ha colaborado en gran medida con la Dra. Shi Zhengli del Instituto de Virología de Wuhan por lo que entre sus contribuciones más destacadas se encuentran sus estudios de coronavirus en

murciélagos las cuales ya se han mencionado anteriormente (la identificación de coronavirus en murciélagos similares al SARS-Cov, y el uso del receptor ACE2 para infectar las células) (Li *et al.*, 2005, Ge *et al.*, 2013; Anexo 2). También menciona que las enfermedades zoonóticas son predecibles por lo que ha realizado estudios para crear mapas de “puntos calientes” y determinar aquellos lugares o zonas geográficas con alta probabilidad donde surjan virus con potencial pandémico con el objetivo de prevenir pandemias (Jones *et al.*, 2008; Allen *et al.*, 2017).

8.2.5 Estructura intelectual-Autores

En el mapa bibliométrico de co-citación de autores (Figura 6) se presentaron cuatro grupos (rojo, verde, azul y amarillo), relacionados con la co-citación de autores. Se concentraron 1,000 autores con al menos 30 co-citaciones. En el grupo rojo se ubicaron aquellos autores que han realizado investigación sobre los coronavirus, destacando a la Dra. Lau Sau Kuen del Centro de Investigación de Enfermedades Infecciosas, Malasia como la autora más co-citada con 1,069. En el grupo verde se agruparon los investigadores que han publicado sobre los *Lyssavirus*, donde el Dr. Charles Rupprecht del LYSSA LLC destacó como el autor más co-citado con 1,541. En el grupo azul se ubicaron autores que han publicado sobre los paramyxovirus, destacando el Dr. Hume Field de la Organización no Gubernamental Alianza Ecosalud por ser el autor más co-citado con 1,464. Por último, el grupo amarillo concentró autores que han publicado sobre 2 temas principales: los filovirus y la inmunología de los murciélagos hacia los virus que hospedan, donde el Dr. Tony Schountz de la Universidad Estatal de Colorado es el mayor representante con 494 co-citas.

Estos autores han desempeñado un papel clave en la investigación de virus en murciélagos del mundo. Por otro lado, de las agrupaciones emergen comunidades invisibles como escuelas de pensamiento de acuerdo con el virus o la familia viral a investigar. Por ejemplo, en el grupo rojo donde los investigadores se enfocan en el estudio de los coronavirus destacan la identificación y caracterización molecular de virus como el MERS-Cov (Lau *et al.*, 2005; Anexo 2). El descubrimiento de nuevos coronavirus aislados en murciélagos (Poon *et al.*, 2005; Woo *et al.*, 2006;

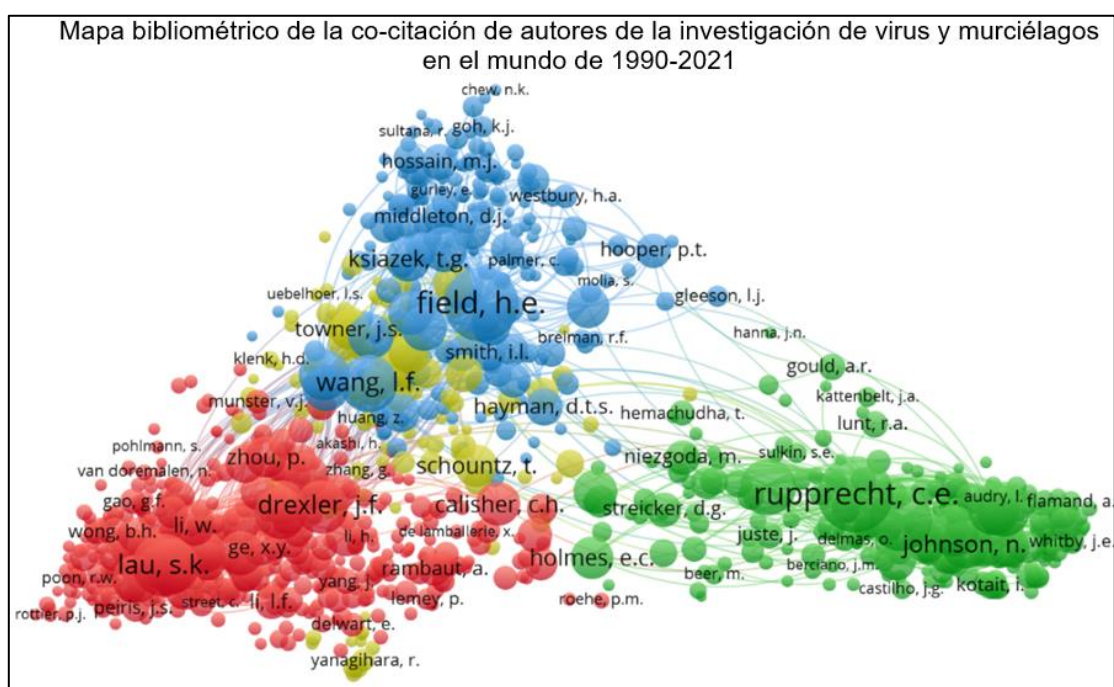


Figura 6: Mapa bibliométrico de la co-citación de autores de la investigación de virus y murciélagos en el mundo de 1990-2021 con al menos 30 citaciones. Los autores están representados por nodos, mientras que los investigadores de altos impacto muestran nodos más grandes que los de menos influencia y los vínculos entre los autores representan la co-citación del otro autor. Si el enlace es grueso significa una gran cantidad de co-citaciones.

Anexo 2) y recientemente, la búsqueda del origen del virus de SARS-Cov-2, donde sugieren que proviene de los murciélagos herradura (*Rhinolophus sp.*) (Lau *et al.*, 2020a; Anexo 2). Mientras que los estudios del grupo verde se enfocan en la familia

Rhabdoviridae en temas como la vigilancia, diagnóstico, epidemiología, patogénesis, prevención, control y su tratamiento, principalmente la rabia (e.g., Kuzmin *et al.*, 2003; Messenger *et al.*, 2003; Streicker *et al.*, 2012a; Anexo 2). En esta agrupación destaca al Dr. Charles Rupprecht como el autor más co-citado. Además, recibió el Premio al Héroe de la rabia, en el 2021, por sus destacadas contribuciones para poder eliminar el virus, además de ayudar a organizaciones y gobiernos a impulsar sus esfuerzos relacionados con la prevención, el control y el tratamiento de esta enfermedad mortal en humanos, animales domésticos y silvestres (MSD Animal Health, 2021).

Por otro lado, la agrupación azul que engloba autores que investigan a los paramyxovirus han buscado identificar a las especies de murciélagos que pueden actuar como sus reservorios naturales, destacando al Dr. Hume Field como uno de sus mayores exponentes (Halpin *et al.*, 2000; Yob *et al.*, 2001; Anexo 2). Además, junto al Dr. Wang Linfa y otros investigadores del Laboratorio Australiano de Salud Animal y el Centro de Queensland para Enfermedades Infecciosas Emergentes, aislaron en Australia el Cedar virus, un nuevo virus de la familia Paramyxoviridae que fue detectado en la orina de los murciélagos de la especie *Pteropus alecto* y que está relacionado filogenéticamente con los *Henipavirus* (Marsh *et al.*, 2012; Anexo 2).

Por último, en la agrupación de color amarillo se encuentran aquellos autores que investigan sobre los virus de la familia Filoviridae. En este sentido varios autores han realizado infecciones experimentales para determinar los factores que permiten la replicación del virus. Los resultados mostraron que la elevación de la temperatura por la acción del vuelo no afecta la replicación eficiente de los virus, teoría que previamente

ha generado discusión (O'shea *et al.*, 2014; Letko *et al.*, 2020; Levesque *et al.*, 2021; Anexo 2).

Varios de los autores más co-citados no se encuentran entre los 10 más productivos o influyentes, pero sus contribuciones conceptuales son destacadas dado que han sentado las bases de la investigación de virus y murciélagos para estudios posteriores. Por ejemplo, Charles H. Calisher fue de los primeros investigadores en considerar a los murciélagos como importantes reservorios de virus (Calisher *et al.*, 2006; Anexo 2).

8.2.6 Instituciones

Los Centros de Control y Prevención de Enfermedades (CDC) los cuales tienen sus oficinas centrales en Atlanta, Estados Unidos de América, fueron la organización con mayor número de publicaciones (474 artículos), seguido por la Universidad de Hong Kong (330) y el Instituto de Virología de Wuhan de China (241) (Cuadro 12).

Cuadro 12: Lista de las 10 instituciones más productivas, indicando el país de origen y el número de artículos publicados.

Institutos	País de origen	Artículos
Centros de Control y Prevención de Enfermedades	EUA	474
La Universidad de Hong Kong	China	330
Instituto de Virología de Wuhan	China	241
Universidad de Oxford	Reino Unido	235
Instituto Pasteur	Francia	192
Laboratorio Australiano de Salud Animal	Australia	186
Centro Médico de la Universidad de Bonn	Alemania	179
Universidad de Hokkaido	Japón	166
Universidad de Sao Paulo	Brasil	154
Escuela de Medicina Duke-Nus	Singapur	140

Los CDC son la organización más productiva por diferentes razones: 1) son una de las de mayor antigüedad con 77 años de historia; 2) realizan actividades de investigación a las enfermedades crónicas y emergentes, con el fin de monitorear, controlar y prevenir los brotes de enfermedades; 3) cuentan con personal de más de 25 países que se ve reflejado en las colaboraciones inter-institucionales. Un ejemplo de este último aspecto se puede observar en el trabajo de Towner *et al.* (2009, Anexo 2) donde investigadores de los CDC, en colaboración con instituciones locales de Uganda, sugirieron que los murciélagos de la especie *Rousettus aegyptiacus* fueron la fuente de infección del brote del virus Marburg en trabajadores de la cueva de Kitaka, donde detectó una similitud del 99.2–99.9 % entre los genomas virales aislados en murciélagos y humanos. También, correlacionaron la incidencia de contagios en humanos con el aumento de casos positivos al virus en murciélagos juveniles *R. aegyptiacus* (Schuh *et al.*, 2017).

Por otro lado, es importante resaltar que ocho de las diez instituciones más productivas fueron universidades, las cuales juegan un papel importante en el desarrollo de conocimientos de los países (Dáher *et al.*, 2018). La institución educativa con el mayor número de publicaciones fue la Universidad de Hong Kong, cuyas investigaciones se han enfocado principalmente en el estudio de los coronavirus. Entre sus investigaciones más destacadas se encuentran el hallazgo de un nuevo coronavirus del grupo I en el murciélago *Miniopterus pusillus* (Poon *et al.*, 2005; Anexo 2). Otra investigación a destacar es la detección de tres linajes diferentes de coronavirus

circulando en especies de murciélagos de China, sugiriendo que los murciélagos pueden desempeñar un papel importante en la ecología y evolución de los coronavirus (Tang *et al.*, 2006; Anexo 2). También realizaron estudios genómicos y filogenéticos donde evidenciaron la transmisión de coronavirus entre murciélagos de diferentes subórdenes (*Rousettus leschenaulti* e *Hipposideros Pomona*) (Lau *et al.*, 2012; Anexo 2).

Por último, se observó que las instituciones con mayor producción están representadas por investigadores que se encuentran entre los primeros diez más productivos o influyentes. Por ejemplo, el Instituto de Virología de Wuhan tiene la representación de la Dra. Shi Zhengli. Mientras que la Universidad de Hong Kong tiene a la Dra. Lau Susanna Kar Pui, L. S., el Dr. Kwok-Yung, Y. y el Dr. Woo Chiu, P.Y. Esto sugiere el papel prominente que han jugado estos investigadores dentro de sus instituciones al proporcionar un alto número de publicaciones, así como un alto impacto en la comunidad científica.

8.2.7 Artículos más influyentes

Los artículos más influyentes, en cuanto al número de citas, se observan en el Cuadro 13. La publicación titulada “Origin and evolution of pathogenic coronaviruses” (Cui *et al.*, 2019; Anexo 2) fue la más influyente, publicada en la revista *Nature Reviews Microbiology* (factor de impacto 47.9), con 2,027 citas en Scopus y 5,093 en Publish or Perish. Le siguió “Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses” (Li *et al.*, 2005; Anexo 2) publicado en la revista *Science* (factor de impacto 57.2), con 1,475 citas en Scopus y 2,741 en Publish or Perish.

Cuadro 13: Lista de las 20 publicaciones más citadas. Indicando el autor de correspondencia, el título del artículo, el número de citas en Scopus y en Publish or Perish, y la revista de origen.

Autor de Correspondencia	Título de la publicación y año	Citas (Scopus)	Citas (Publish or Perish)	Revista
ZhengLi, Shi	Origin and evolution of pathogenic coronaviruses (2019)	2,027	5,093	Nature reviews microbiology
ZhengLi, Shi	Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses (2005)	1,475	2,741	Science
Eric M. Leroy	Fruit bats as reservoirs of Ebola virus (2005)	1,034	1,846	Nature
Kwok-Yung Yuen	Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats (2005)	1,011	1,738	Proceedings of the National Academy of Sciences
Charles H. Calisher	Bats: important reservoir hosts of emerging viruses (2006)	920	1,618	Clinical microbiology reviews
ZhengLi, Shi	Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor (2013)	903	1,799	Nature
K B Chua	Nipah Virus: A Recently Emergent Deadly Paramyxovirus (2000)	848	1,405	Science
Suxiang Tong	New World Bats Harbor Diverse Influenza A Viruses (2013)	795	1,460	PLoS pathogens
Kwok-Yung Yuen	Discovery of Seven Novel Mammalian and Avian Coronaviruses in the Genus Deltacoronavirus Supports Bat Coronaviruses as the Gene Source of Alphacoronavirus and Betacoronavirus and Avian Coronaviruses as the Gene Source of Gammacoronavirus and Deltacoronavirus (2012)	760	1,430	Journal of virology
Suxiang Tong	A distinct lineage of influenza A virus from bats (2012)	708	1,293	Proceedings of the National Academy of Sciences,
ZhengLi, Shi	Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19 (2021)	468	2,586	Nature Reviews Microbiology
Peter Forster	Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes (2020)	464	1,008	Proceedings of the National Academy of Sciences
Peter Young	Isolation of Hendra virus from pteropid bats: a natural reservoir of Hendra virus (2000)	448	715	Journal of General Virology
W. Ian Lipkin	Middle East respiratory syndrome coronavirus in bats, Saudi Arabia (2013)	426	750	Emerging infectious diseases
Kaw Bing Chua	Isolation of Nipah virus from Malaysian Island flying-foxes (2002)	420	661	Microbes and infection
Christian Drosten	Bats host major mammalian paramyxoviruses (2012)	411	671	Nature communications
Kevin J. Oliva	Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals (2017)	393	732	Nature
ZhengLi, Shi	Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus (2017)	392	863	PLoS pathogens
Pierre E. Rollin	Isolation of Genetically Diverse Marburg Viruses from Egyptian Fruit Bats (2009)	388	617	PLoS pathogens
Angela D. Luis	A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special? (2013)	369	662	Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences

Ambos artículos se enfocaron en el estudio de coronavirus. El primero se enfocó en la distribución ecológica, la diversidad genética, la transmisión entre especies y el potencial de patogénesis de los coronavirus aislados en murciélagos relacionados con los virus del SARS-Cov y MERS-Cov. Los autores sugirieron que ambos virus tienen un origen probable en los murciélagos debido al alto porcentaje de identidad de secuencia con coronavirus respecto a murciélagos del género *Rhinolophus* y *Tylonycteris* con el 97 y 70%, respectivamente (Cui *et al.*, 2019; Anexo 2). Mientras que, en el segundo trabajo, se abordó la relación filogenética entre los coronavirus detectados en murciélagos de seis géneros (*Rousettus*, *Cynopterus*, *Myotis*, *Rhinolophus*, *Nyctalus*, y *Miniopterus*) y el virus del SARS-Cov (Li *et al.*, 2005; Anexo 2).

No obstante, la aparición de estos virus involucra diferentes hospederos intermediarios receptores de las células humanas. Por un lado, al SARS-Cov se le relaciona con la civeta africana (*Civettictis civetta*) y el receptor ACE2 (Guan *et al.*, 2003; Tu *et al.*, 2004), mientras que el MERS-Cov tiene relación con dromedarios y el receptor DPP4 (Haagmans *et al.*, 2014; Paden *et al.*, 2018).

También se observó que la mayoría de los artículos más influyentes se publicaron entre los años 2000-2013. Esto reflejó un mayor interés por parte de especialistas en el estudio de los virus en murciélagos, a partir de la aparición de diversos brotes por virus como el SARS-Cov, Marburg y el MERS-Cov, con el fin de identificar su posible origen (Leroy *et al.*, 2005; Li *et al.*, 2005; Towner *et al.*, 2009; Anexo 2).

En general, los documentos más influyentes reflejaron los siguientes puntos: 1) todas las publicaciones provienen de revistas ubicadas en el primer cuartil (Q1), es decir, que son revistas entre las más prestigiosas por tener un alto factor de impacto, 2) solo tres revistas de las más productivas *Emerging Infectious Diseases*, *Journal of Virology* y *Journal of General Virology* tienen una publicación entre las más citadas, 3) EUA y China fueron los países más influyentes, 4) la mayor parte de los documentos englobaron dos temas principales: a) la búsqueda e identificación de especies de murciélagos como reservorios naturales de virus, y b) el origen, evolución y su relación filogenética con los murciélagos.

8.2.8 Palabras clave

En la muestra de los 1,738 artículos se obtuvo un total de 2,432 palabras clave del autor. Sin embargo, para efectos prácticos de representación y análisis del mapa bibliométrico se seleccionaron solo las palabras clave cuya frecuencia fuera ≥ 10 . El resultado fue un total de 61 palabras clave del autor que se concentraron en 6 grupos diferentes (Figura 7). En el grupo rojo las palabras más predominantes fueron “evolution” y “phylogeny” con 57 y 44 co-citaciones respectivamente. En el grupo verde las palabras más recurrentes fueron “zoonosis” (132) y “epidemiology” (49). Mientras que en la agrupación azul destacan “coronavirus” (129) y “SARS-Cov-2” (87). Para el grupo amarillos predominan los términos “Ébola” (48) y “filovirus” (28). Por último, en el grupo morado resalta “rabies” (268), seguido de “*Lyssavirus*” (94).

Estas seis agrupaciones representan las principales temáticas emergentes de investigación en el estudio de virus y murciélagos del mundo. En el grupo rojo se

En el grupo verde el tema principal es la zoonosis, que en los últimos 30 años han ocurrido brotes de origen zoonóticos de distintos virus, donde los murciélagos han sido señalados como los responsables al ser los reservorios naturales de algunos de ellos (Wang *et al.*, 2008; Han *et al.*, 2015). Sin embargo, la transmisión de la mayor parte de virus de murciélagos a humanos necesita la intervención de hospederos intermediarios, como el caso del virus Hendra, transmitido de murciélagos a caballos a través del contacto de la orina de murciélagos de las especies *Pteropus alecto* y *P. conspicillatus* (Saratxaga y Esquerdo, 2018).

Mientras que en el grupo azul se enfoca en el estudio de los coronavirus, sobre todo de aquellos que han causado brotes epidémicos en la salud pública. El primero de ellos es el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS), cuyo primer brote fue en China en 2003 (Drosten *et al.*, 2003; Ksiazek *et al.*, 2003). Posteriormente se descubrió al Síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS), detectado en Arabia Saudita en 2012 (Assiri *et al.*, 2013). Hasta el 2024 se ha registrado 11,035 casos en humanos y 1,859 defunciones según datos de la Organización Mundial de la Salud (WHO, 2024).

Por otro lado, el grupo amarillo se enfoca en el estudio enfermedades de causadas por virus principalmente por filovirus (Ébola, Marburg), sus posibles reservorios naturales y la transmisión viral entre especies. Los factores que promueven la transmisión viral intraespecífica e interespecífica aún son discutidos, donde algunos autores plantean que el gregarismo (tendencia a agruparse en colonias) y la migración facilitan la transmisión viral (Calisher *et al.*, 2006; Luis *et al.*, 2013; Anexo 2). Adicionalmente, también se menciona que la dieta a base de frutas es un importante mecanismo de

transmisión viral, ya que el virus se queda en las frutas parcialmente consumidas por los murciélagos que a menudo son consumidas por otros murciélagos (e.g., los pertenecientes al género *Pteropus*) (Chua *et al.*, 2002; Anexo 2; Dobson, 2005). Estos hallazgos han permitido el desarrollo de estrategias de vigilancia para prevenir la aparición de virus zoonóticos y enfermedades emergentes.

Por último, el grupo morado se enfoca en la en la epidemiología, seroprevalencia, reservorios y detección de la rabia. Escobar *et al.* (2015; Anexo 2) reportaron 75 especies de murciélagos como positivas a la rabia y 6 variantes en Latinoamérica. Brasil lidera con 43 especies de murciélagos con detección de rabia, seguido de México con 31 especies de murciélagos y Argentina con 13. Sin embargo, el murciélago *Desmodus rotundus* se le ha registrado como el principal reservorio y causante de numerosos brotes tanto en humanos como en el ganado, debido a su amplia distribución geográfica (Favoretto *et al.*, 2002; Anexo 2). Para prevenir la transmisión del virus transmitido por murciélagos, se han desarrollado diferentes métodos como la creación de pomadas anticoagulantes que se promueve sea consumidas por los murciélagos para causarles la muerte, o el desarrollo de vacunas de inmunización activa que se aplican al ganado (Arellano-Sota, 1988; Sterner y Sun, 2004).

8.2.9 Evolución temática

La Figura 8 muestra la evolución temática de las palabras clave de los autores en la investigación del binomio murciélago-virus. En el primer período (1990-1999), que fue el de menor producción, las palabras más destacadas fueron “bats”, “vaccination”,

“rabies”, “rabies virus” y “chiroptera”. En el segundo período (2000-2004) las palabras clave destacadas fueron “rabies”, “*Lyssavirus*”, “fruit bat”, “Nipah virus” y “rabies virus”. Mientras que en el tercer período (2005-2011), la investigación se diversificó, aumentando considerablemente el número de palabras a 13, nueve de ellas sobre temas novedosos (e.g., coronavirus, herpesvirus, spillover). Por otro lado, en el cuarto período (2012-2019), los temas se redujeron considerablemente a cinco palabras clave, “bats”, “Nipah virus”, “rabies”, “Marburg virus” y “cross-species transmission”. Finalmente, en el último periodo solo se aprecian tres palabras clave, “bat”, “bats” y “sars-cov-2”.

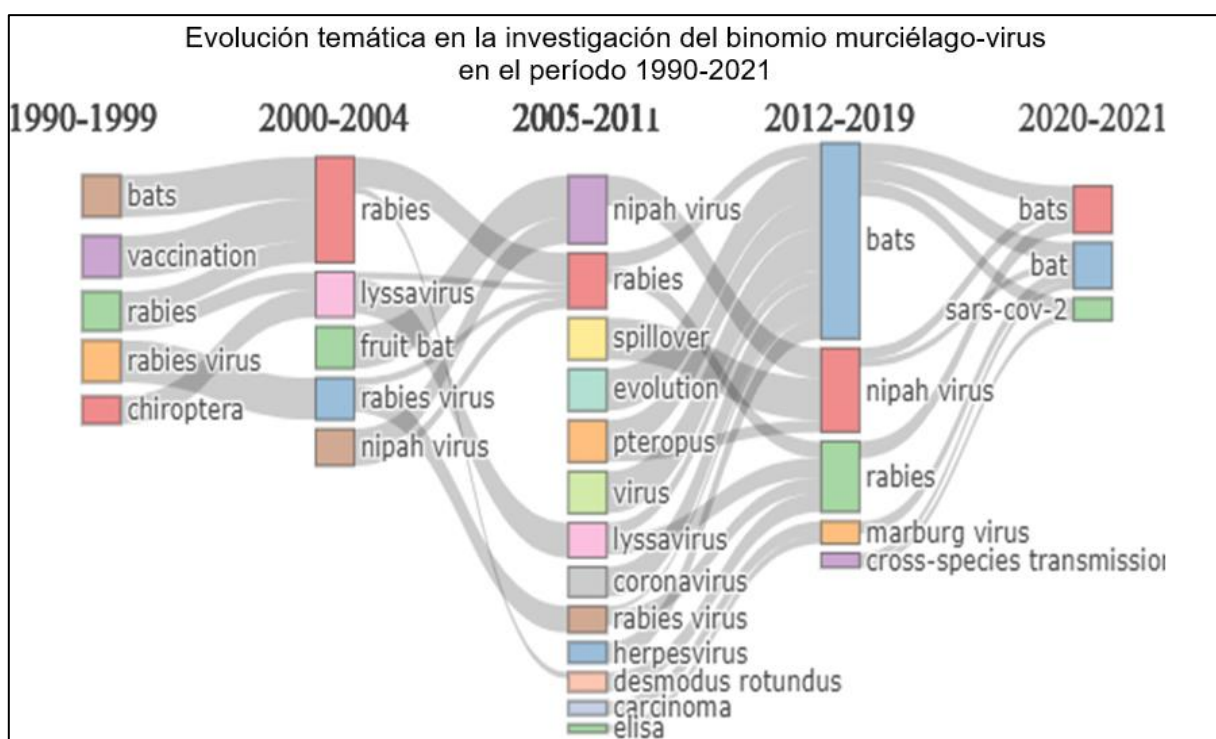


Figura 8: Evolución temática en la investigación del binomio murciélago-virus en el período 1990-2021. El tamaño de los rectángulos es proporcional a la frecuencia de ocurrencia de la palabra clave y el ancho de las líneas entre los rectángulos es proporcional al número de conexiones; los colores se asignaron de forma aleatoria.

Las palabras claves utilizadas en los artículos reflejaron los principales temas de investigación y como cambiaron a través del tiempo. Especialmente aquellos estudios

que se han publicado recientemente en comparación con los artículos publicados hace tres décadas. En el primer periodo el conocimiento sobre virus albergados en murciélagos era escaso y pocos estudios se habían desarrollado para detectar virus en ellos. Por ende, el número de virus detectados se reduce al Nipah, Hendra y rabia (Martorelli *et al.*, 1995; Young *et al.*, 1996; Philbey *et al.*, 1998; Anexo 2). Sin embargo, la atención de los científicos se enfocó en el virus de la rabia al ser un problema grave de salud tanto para los humanos como para animales salvajes, ganado y domésticos (perros y gatos). En los últimos años, el virus de la rabia ha provocado diversos brotes en países latinoamericanos (Caraballo y Alejandro, 1996; Martínez-Burnes *et al.*, 1997; Parker *et al.*, 1999; Warner *et al.*, 1999; Anexo 2). Entre 1931-1990 se notificaron 330 casos de rabia humana transmitida por murciélagos, donde Perú encabezaba la lista con 94 casos (Schneider y Santos, 1995). Ante la necesidad de erradicar el virus, en 1992 la Organización Panamericana de la Salud (OPS) promovió la vigilancia epidemiológica de la rabia salvaje transmitida por murciélagos como parte de su Plan de acción para la eliminación de la rabia urbana en las principales ciudades de América latina (Organización Panamericana de la Salud, 1983).

El plan de acción disminuyó el número de contagios en más de un 80% entre 1993-2002, en el que solo se notificaron 62 casos de rabia en humanos por transmisión de murciélagos, y más de la mitad involucraban al murciélago vampiro (Belotto *et al.*, 2005; Anexo 2). Mientras que en el sector pecuario se reportaron 31,187 casos, la mayoría en Brasil, el país con mayor ganado bovino en América Latina (Belotto *et al.*, 2005; Anexo 2). Se ha registrado que la transmisión del virus de la rabia al ganado

resulta en fuertes pérdidas económicas por la limitación de la producción ganadera y de sus derivados (Acha y Alba, 2018). Las pérdidas directas por rabia en bovinos llegan a los \$300 millones de dólares anuales y las pérdidas indirectas se estiman en \$200 millones anuales (FAO, 2018).

En el segundo período (2000-2004) los estudios se basaron principalmente en la investigación del virus Nipah, el cual causó brotes en países asiáticos (Bangladesh, India, Malasia, Singapur) entre 1998 y 2007 (Ambat *et al.*, 2019; Nazmunnaahar *et al.*, 2023). Se identificó que la transmisión del virus Nipah se dio a través de fluidos corporales de murciélagos como orina, saliva, sangre y secreciones que estaban esparcidos en la savia de la palma datilera o en frutas parcialmente consumidas. Los pobladores al recolectar la savia o las frutas entraron en contacto con estos fluidos contaminados por el virus, provocándoles la enfermedad por el virus Nipah (Uppal, 2000; Luby, 2013). Debido a este hecho, la OMSA sugirió diversas recomendaciones para prevenir el contacto entre humanos y cerdos con los murciélagos y sus fluidos. Entre las recomendaciones se encuentra el instalamiento de mallas metálicas en los cobertizos de las granjas porcinas, evitar el cultivo de los árboles frutales preferidos por los murciélagos en las proximidades, mejorar la higiene en las operaciones de producción porcina y el seguimiento del rebaño, así como el reconocimiento temprano de síntomas tanto en humanos como cerdos (Ang *et al.*, 2018; Anexo 2).

El tercer período (2005-2011) se caracterizó por la detección de al menos 18 nuevos virus y variantes en diferentes especies de murciélagos ampliando el catálogo de virus conocidos, por ejemplo, el virus de Pulau detectado en *Pteropus hypomelanus*

(Pritchard *et al.*, 2006), el virus de Broome aislado de *P. scapulatus* (Thalmann *et al.*, 2010), el Bokeloh bat lyssavirus detectado en *Myotis nattererii* (Freuling *et al.*, 2011; Anexo 2). Este aumento de virus detectados en murciélagos ha sido apoyado por el uso de técnicas moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés), así como de herramientas de bioinformática como bases de datos de genomas de virus como el GenBank (<http://www.ncbi.nih.gov/GenBank/>).

Otro ejemplo de virus detectado en este periodo fue el del subtipo del virus de la Influenza A designado como H17, detectado en murciélagos de la especie *Sturnira lilium* en Guatemala (Tong *et al.*, 2012; Anexo 2). A pesar de que los virus de la gripe se propagan fácilmente y pueden causar enfermedades en otros animales, aun no se sabe con certeza si este virus representa un riesgo para los humanos. Se han realizado ensayos donde las células humanas no favorecen el crecimiento del virus, sin embargo, hay genes del virus que son compatibles con los del virus de gripe humana por lo que aún son necesarias más pruebas (Tong *et al.*, 2012; Anexo 2).

En el cuarto período (2012-2019), se detectaron nuevos virus y nuevas variantes pertenecientes a diferentes familias (e.g., Coronaviridae, Caliciviridae, Paramyxoviridae) en distintas especies de murciélagos (Kurth *et al.*, 2012; Marsh *et al.*, 2012; Wilkinson *et al.*, 2012; Anexo 2). Con estas nuevas detecciones, los científicos realizaron estudios de caracterización genética con el objetivo de determinar qué tan estrechamente relacionados genéticamente están las nuevas variantes con aquellas ya conocidas (Wacharapluesadee *et al.*, 2013a; Lima *et al.*, 2015a; 2015b; Anexo 2). Así como identificar los cambios genéticos de estos virus y determinar cómo

afectan sus propiedades, además de registrar aquellos virus que se propagan con mayor facilidad y puedan representar un riesgo para los humanos (Tao *et al.*, 2013; Anexo 2).

Otro tema de gran interés en este periodo fue sobre el virus Marburg, debido a los brotes ocurridos en Uganda en los años 2007, 2012 y 2014 (Adjemian *et al.*, 2011; Amman *et al.*, 2012; 2014; Anexo 2). Al respecto, se han desarrollado estudios para detectar el posible reservorio del virus, siendo el murciélago *Rousettus aegypticus* el más señalado, debido a que presenta una alta seroprevalencia de anticuerpos del virus (Amman *et al.*, 2014; Pawcska *et al.*, 2018; Kajihara *et al.*, 2019; Anexo 2). Para confirmar esta sugerencia, se realizaron infecciones experimentales en *R. aegyptiacus*. Los resultados mostraron que la inmunidad contra el virus se pierde en la etapa juvenil de los murciélagos haciéndolos susceptibles al virus, además de que aumenta el riesgo de contagio y la transmisión entre los murciélagos (Amman *et al.*, 2015; Jones *et al.*, 2015; Hölzer *et al.*, 2016; Storm *et al.*, 201; Anexo 2). Por ello, los autores sugirieron la necesidad de realizar revisiones constantes en los asentamientos humanos cercanos a poblaciones de estos murciélagos, con el fin de detectar posibles transmisiones del virus.

En el último periodo (2020-2021), los murciélagos y el virus del SARS-Cov-2 fueron los temas de mayor enfoque. Al respecto, en los dos años de este periodo, las publicaciones destacaron por tener un enfoque genómico y evolutivo, con la finalidad de determinar el origen del virus (Matyášek y Kovařík, 2020; Liu *et al.*, 2021; Anexo 2). Sin embargo, a pesar de los esfuerzos de los científicos, aún no se ha logrado

determinar el origen del virus. Hasta el momento solo se ha logrado identificar al posible pariente más cercano del SARS-Cov-2, el virus RATG13, detectado en murciélagos *Rhinolophus affinis*, que comparte una similitud genética del 96% con el SARS-Cov-2 (Li *et al.*, 2020f, Anexo 2; Xu *et al.*, 2020; MacFarlane y Rocha, 2020; Zhu *et al.*, 2020). Esto quiere decir que ambos virus comparten un ancestro en común que data de hace 40-70 años (Boni *et al.*, 2020; Anexo 2). Además, el virus RATG13 no puede infectar directamente células humanas debido a la incompatibilidad de las proteínas S del virus con los receptores celulares humanos. Por lo tanto, hay suficiente evidencia para demostrar que los murciélagos no fueron los responsables de la pandemia de la COVID-19 (Galindo-González, 2021; González y Medellín, 2021).

8.3 Análisis estadísticos

El análisis de correlación de Spearman entre el número de artículos publicados por año y el promedio de citas recibidas a estas publicaciones, muestra un valor de 0.719 $p < 0.0001$. Esto significa una correlación positiva alta, es decir, a medida que la variable del número de publicaciones por año aumenta, la variable promedio de citas también tiende a aumentar. Por lo tanto, hay una tendencia de crecimiento conjunto (Figura 9).

En la figura 9 se observa una evidente correlación directa, positiva y significativa entre las variables “número de artículos” vs “promedio de citas”, por lo tanto, la hipótesis nula (H_0) la cual menciona que no existe correlación entre el número de publicaciones producidas año y el número promedio de citas recibidas por esas publicaciones, es rechazada. Esto evidencia que entre mayor sea la producción de artículos al año, el

número de citas que reciba será mayor, lo que podría representar una mayor calidad de la literatura.

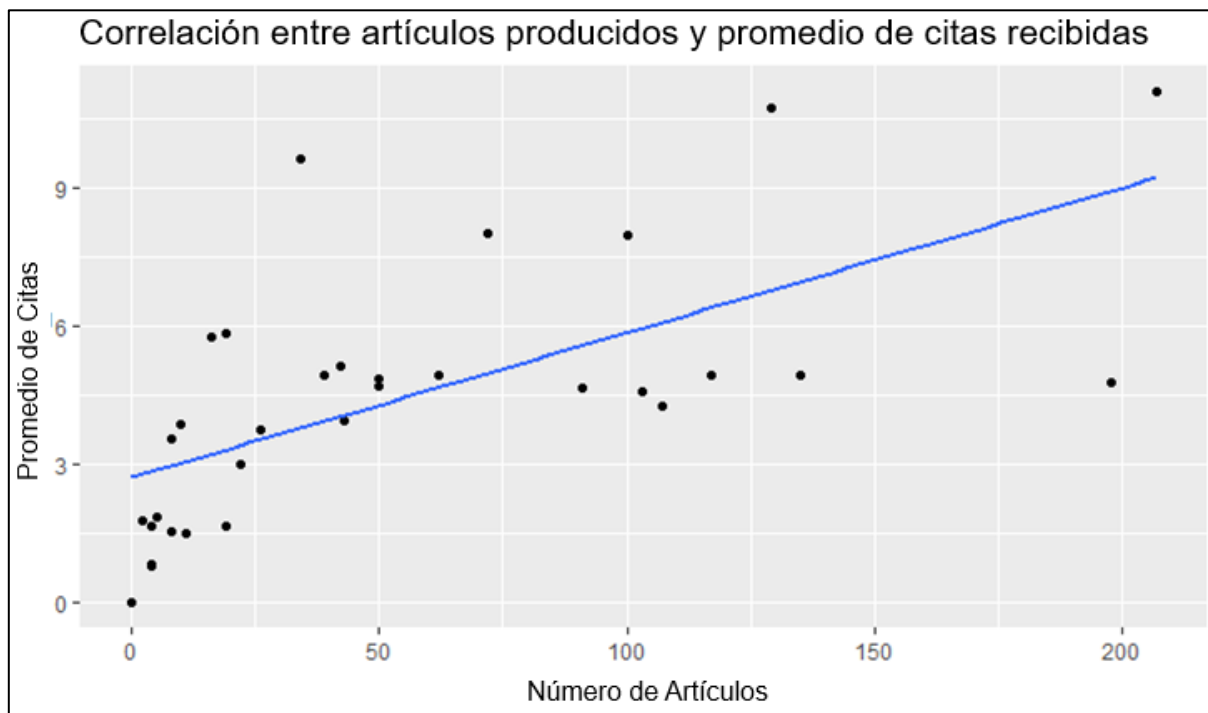


Figura 9: Diagrama de dispersión de la relación entre el número de artículos producidos por año contra el promedio de citas recibidas.

8.4 Relaciones evolutivas murciélago-virus

8.4.1 Familias virales en murciélagos

La familia de murciélagos Vespertilionidae albergó la mayor cantidad de familias virales con 31 de las 34 totales, con excepción de las familias Arenaviridae, Asfarviridae y Kolmioviridae. En orden descendiente se encuentran los Pteropódidos con 30 familias virales con excepción de las familias Peribunyaviridae, Kolmioviridae, Carnotetraviridae y Anelloviridae. Por otro lado, la familia Rhinopomatidae alberga tres familias virales (Coronaviridae, Paramyxoviridae y Peribunyaviridae) y la familia

Natalidae dos (Flaviviridae y Picornaviridae), siendo las familias de murciélagos que albergan la menor cantidad de familias virales (Figura 10).

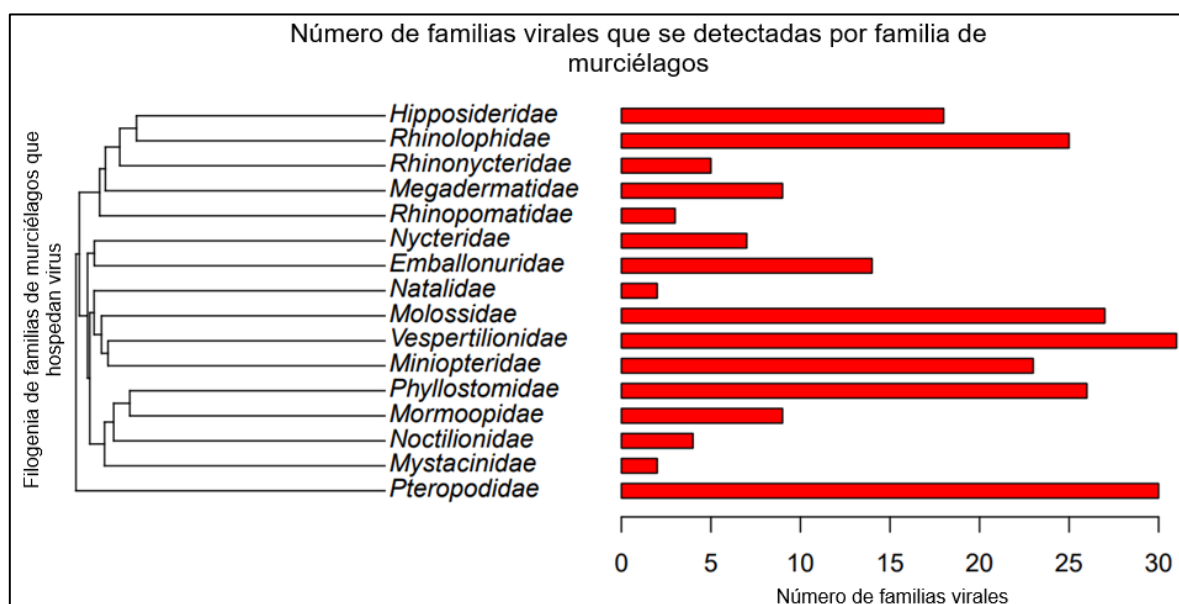


Figura 10: Árbol filogenético, a nivel de familia de murciélagos, creado a partir de la poda de la filogenia de Welch y Beaulieu (2018). La barra de color rojo indica el número de familias virales para cada familia de murciélagos.

8.4.2 Análisis de diversificación de linajes a través del tiempo las especies de murciélagos que albergan virus en el periodo de estudio.

El análisis de linaje a través del tiempo (LTT) de la hipótesis filogenética mostró una diversificación temprana de los murciélagos portadores de virus en su historia evolutiva un valor de apoyada gamma (γ) = -7.7071, $p < 0.001$ (Figura 11), que indica una tasa de especiación inicialmente alta, es decir, una explosión temprana en la diversificación de linajes. Los resultados indicaron que la diversificación data de hace 55 a 45 millones de años, durante la época del Eoceno temprano (58.8 – 48.8 millones de años).

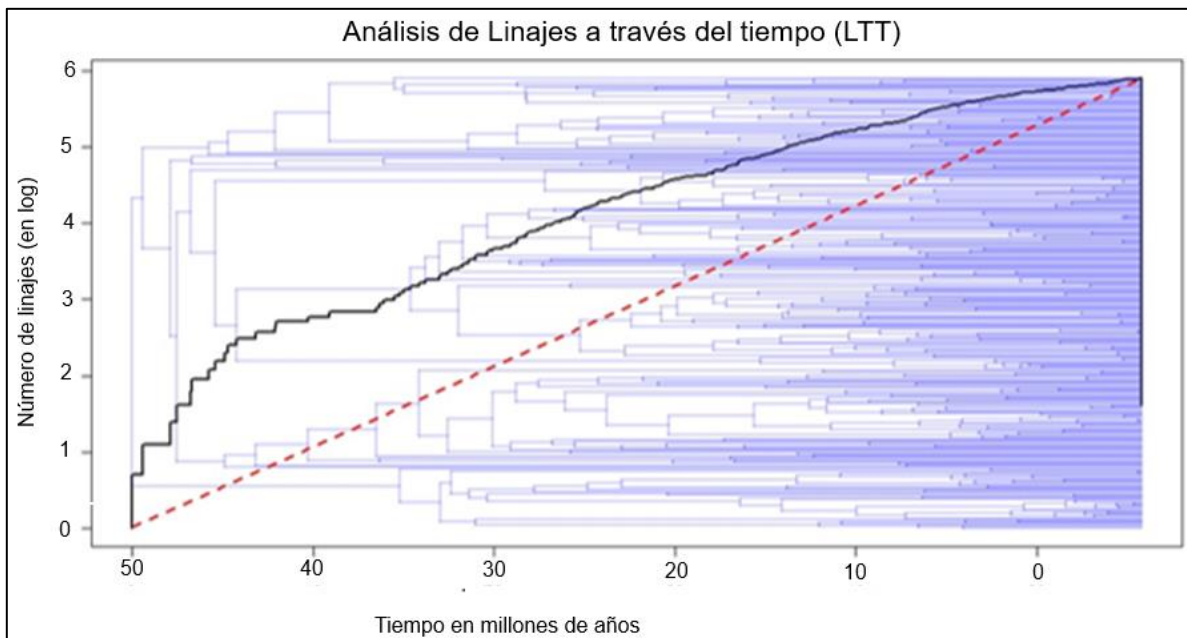


Figura 11: Tiempo y modo de diversificación macroevolutiva en murciélagos que albergan virus. Una curva de linaje a través del tiempo (LTT) muestra la acumulación de especies a lo largo del tiempo (línea continua) frente a la predicha bajo el movimiento browniano (línea discontinua).

El Eoceno temprano se caracterizó por altos niveles de temperatura, provocando una extensión geográfica de los bosques y selvas, que se extendían desde el Antártico hasta el Ártico, incluyendo Groenlandia. Este ambiente subtropical favoreció la expansión y diversidad de mamíferos (incluyendo los quirópteros). Además, la expansión provocó la proliferación de distintos tipos de plantas y árboles, proporcionando un aumento en la diversidad de presas y por ende una diversificación de los murciélagos (nectarívoros, frugívoros, insectívoros) (Springer *et al.*, 2001; Teeling *et al.*, 2005). Para el Eoceno temprano-medio, los murciélagos alcanzaron una distribución cosmopolita y se originaron 13 de las familias actualmente descritas (Teeling *et al.*, 2005), lo cual concuerda con el análisis LTT y la filogenia (Figura 10).

De acuerdo al análisis LTT, durante el Mioceno se originaron algunos géneros de murciélagos (*e.g.*, *Hypsignathus*, *Myonycteris*) de la familia Pteropodidae, así como nuevas familias como Natalidae que surgió hace 14—17 mda en la región Indo-Malaya al igual que la mitad de las familias de mamíferos conocidas hoy en día ya estaban presentes, y se presentó un intercambio de fauna en el hemisferio norte entre el Nuevo y Viejo mundo (Jiangzuo y Wang, 2023). Esta región se caracteriza por el predominio de bosques tropicales, tanto seco como lluvioso. Fue una región adecuada e idónea como hábitat para los murciélagos por la presencia de árboles tropicales e insectos (Csorba *et al.*, 2003; Foley *et al.*, 2015; Amador *et al.*, 2018). Estas estimaciones coinciden con el estudio de Teeling *et al.* (2005) y la filogenia utilizada en este trabajo.

8.4.3 Análisis de disparidad a través del tiempo en la diversificación del número de familias virales en murciélagos

El patrón general del análisis de disparidad a través del tiempo (DTT) indica que la hubo un estallido temprano en la diversificación de las familias virales en murciélagos, que posteriormente fue disminuyendo. El número de familias virales en los linajes de murciélagos fueron pareciéndose más entre sí, es decir, se fueron homogeneizando y hubo una aceleración en la adquisición de virus en los linajes de murciélagos que no los tenían y aquellos linajes que ya tenían virus no fueron adquiriendo más. (Figura 12). Además, la adquisición de virus en los murciélagos se originó, en su mayoría, en los linajes más antiguos durante la época del Eoceno temprano (hace

aproximadamente 55.8—44.68 millones de años) que coincide con la radiación evolutiva de los murciélagos (Figura 11).

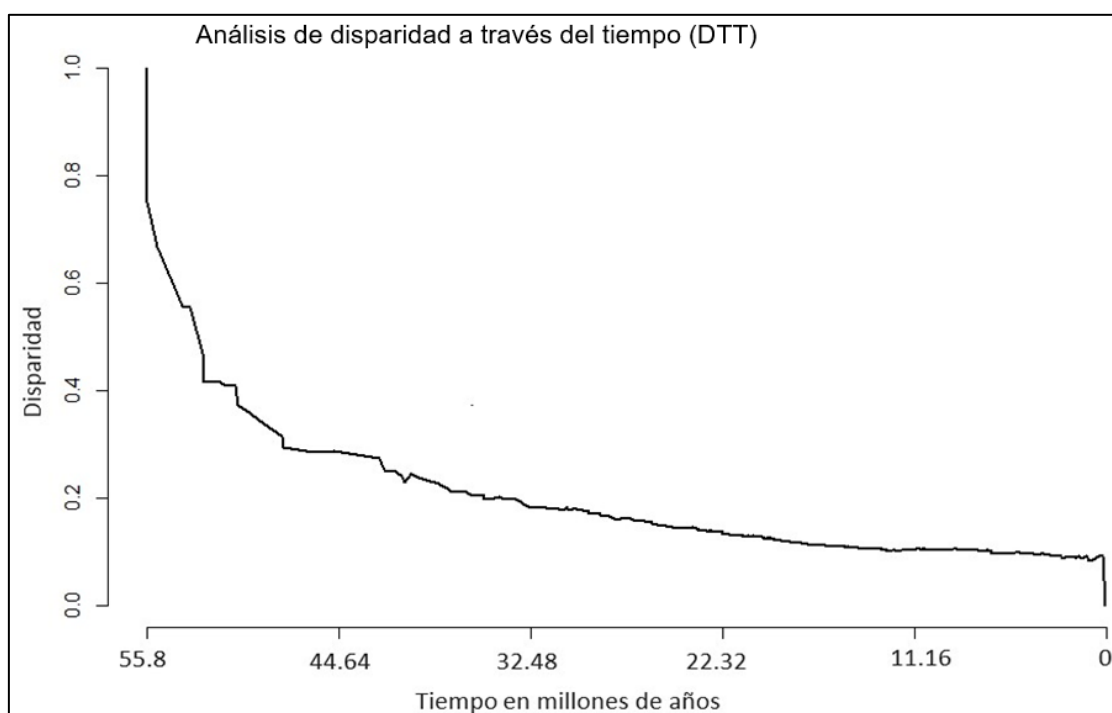


Figura 12: Gráfica que muestra la disparidad a través del tiempo del número total de familias virales hospedadas en murciélagos.

Mientras se fueron diversificando los murciélagos por la conquista de nuevos ambientes durante esta época, éstos fueron adquiriendo la mayor parte de las familias virales. Hay familias virales con registros de interacción con murciélagos más antiguas que otras. Por ejemplo, se ha estimado que la interacción entre virus de la familia Bornaviridae y murciélagos de la familia Vespertilionidae data de hace 70 millones de años (Cui y Wang, 2015; Anexo 2). Mientras que la asociación con filovirus es más reciente ya que estos virus se han mantenido en los genomas de murciélagos durante aproximadamente 13,4 millones de años (Taylor *et al.*, 2010; 2011; Anexo 2). Se ha mencionado que la disparidad tiende a alcanzar su punto máximo un poco más de la

mitad de la vida un clado bajo tasas de evolución constantes. Sin embargo, las tasas rápidas tempranas que disminuyen a través del tiempo dan como resultado una disparidad máxima temprana, las cuales son más comunes de acuerdo con el registro fósil, sugiriendo que las ráfagas tempranas de evolución sean una regla (Slater, 2015).

8.4.4 Señal filogenética y estados ancestrales

El modelo evolutivo que mejor explica las familias virales presentes en los murciélagos fue All Rates Different (ARD), excepto para cuatro familias, donde los modelos Equal Rates (ER) y Symmetrical Rates (SYM) fueron los que mejor se ajustaron (Anexo 1, Cuadro 14). Los resultados mostraron que, de las 34 familias virales identificadas como huéspedes de los murciélagos, 25 de ellas mostraron un valor mayor que cero (Figura 13). Los valores de señal filogenética tuvieron un rango de 0.06 siendo el más bajo, a 1.0 siendo más alto (Figura 13). Esto quiere decir, que la señal filogenética resultó más fuerte en algunas familias como Asfarviridae y más débil en otras familias virales como Phenuiviridae y Papillomaviridae.

Las familias virales que obtuvieron los valores más altos de señal filogenética ($\lambda = 1$) fueron Asfarviridae y Carmotetraviridae. Le siguieron las familias Hantaviridae, Rhabdoviridae y Paramyxoviridae con valores de 0.95, .0.85 y 0.83 respectivamente. Mientras que familias como Phenuiviridae y Papillomaviridae tuvieron los valores más bajos con 0.06 y 0.14 en el orden dado (Figura 13).

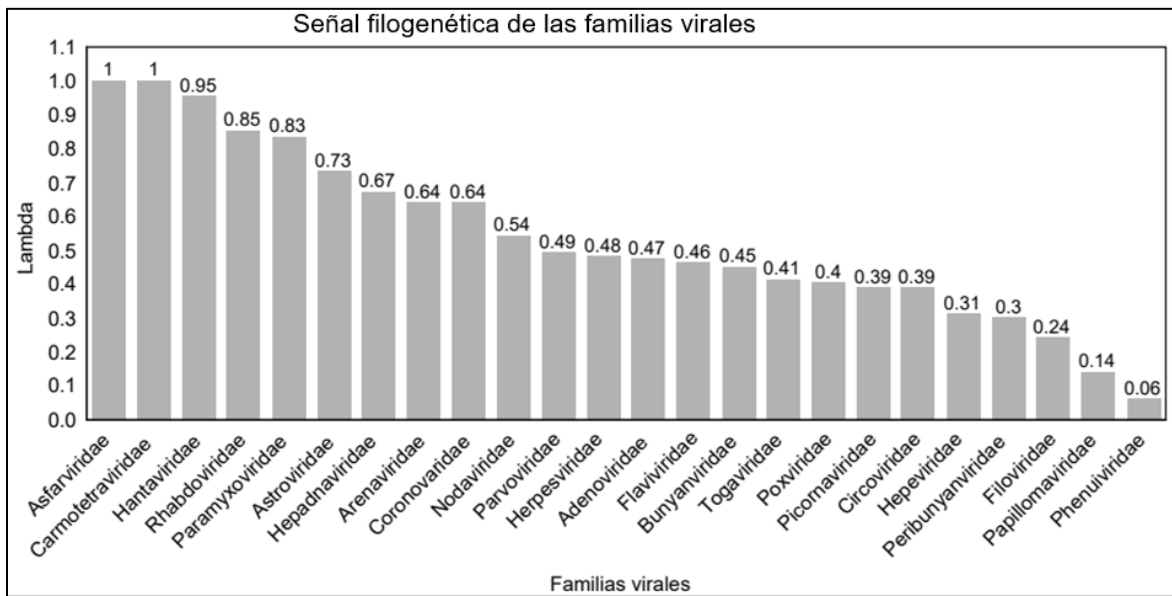


Figura 13: Señal filogenética de las familias virales con un valor de lambda (λ) > 0.

Este resultado rechaza la hipótesis de este trabajo, dado que se esperaba que todas las familias virales tuvieran valores mayores a 0. Esto pudo deberse a que pocas familias virales tuvieron presencia en una amplia diversidad de especies de murciélagos, ya sea porque hasta el momento no se han detectado por un sesgo en el muestreo, o simplemente algunas familias virales no son capaces de infectar a determinadas especies de murciélagos (González y Medellín, 2021). Sin embargo, aquellas familias con valores mayores a 0, sobre todo aquellas con valores altos (e.g., Rhabdoviridae, Hantaviridae, Paramyxoviridae) tienen implicaciones de posibles patrones coevolutivos con murciélagos.

Por otro lado, las familias virales Asfarviridae y Carmotetraviridae se detectaron en especies de murciélagos con poca relación filogenética, lo cual podría ser el resultado de poco esfuerzo de muestreo y, por lo tanto, existe un sesgo en su detección. Otra explicación podría ser que los murciélagos sean huéspedes intermediarios expuestos

ocasionalmente a través de otro huésped o reservorio desconocido (El-Shesheny *et al.*, 2024). Sin embargo, a pesar de que obtuvieron los valores más altos de señal filogenética ($\lambda = 1$) es un resultado poco fiable. Ya que la detección de las familias virales se presentó en pocas especies de murciélagos (de 1 a 3) y con dependencia filogenética moderada, cayendo en un error de tipo II (Münkemüller *et al.*, 2012).

Por un lado, los virus de la familia Asfarviridae solamente se han detectado en los murciélagos *Miniopterus schreibersii*, *Eonycteris spelaea* y *Tadarida brasiliensis*, colectados en Croacia, Singapur y Argentina, respectivamente, los cuales pertenecen a diferentes familias de quirópteros alejadas filogenéticamente (Šimić *et al.*, 2020; Paskey *et al.*, 2020; Bolatti *et al.*, 2020; Anexo 2). La adquisición del virus se debe a las garrapatas (ectoparásitos) del género *Ornithodoros*, las cuales son portadoras de estos virus y está confirmada su transmisión directa a los murciélagos (Vargas, 1984; Muñoz-Leal *et al.*, 2018).

Por otro lado, para la familia Carmotetraviridae, la presencia del Providence virus solamente se ha detectado en el guano de una sola especie de murciélago, *Barbastella barbastellus* de Hungría (Kemenesi *et al.*, 2016; Anexo 2). Este virus se detectó por primera vez en el lepidóptero *Helicoverpa zea*, considerado plaga de diversos cultivos de maíz y algodón (Pringle *et al.*, 2003). La presencia de este virus en *B. barbastellus* podría ser reflejo de su dieta hacia este insecto (Li *et al.*, 2010). Sin embargo, *H. zea* también forma parte de la dieta de otras especies de murciélagos como *Tadarida brasiliensis* (Lee y Mccracken, 2002), pero hasta el momento no se ha detectado el virus en esta especie. Otra explicación podría ser que aún no se han realizado estudios

para detectar el virus en otras especies de murciélagos. Por ello resulta importante incrementar el muestreo para estudiar la posible presencia de estos virus en otras especies de murciélagos.

Se registró que la familia Hantaviridae ($\lambda = 0.95$) está presente en el 6.5% de las especies de murciélagos que hospedan algún virus, distribuidos en ocho familias de las 16 registradas. No obstante, a pesar de tener una señal filogenética alta, los hantavirus se presentaron en murciélagos con poca cercanía filogenética (Figura 14).

Sin embargo, se observó que se encuentran presentes en varias especies de murciélagos que comparten una región geográfica. Por ejemplo, el caso de los Hantavirus detectados en murciélagos de diferentes familias en China, el murciélago *Pipistrellus abramus* (familias Vespertilionidae) y tres especies del género *Rhinolophus* (familia Rhinolophidae) (Guo *et al.*, 2013; Anexo 2). Además, se hipotetiza que el origen de estos virus es asiático debido a su posición basal en los árboles filogenéticos de sus hospedadores y por la alta diversidad genética de hantavirus en dicha zona geográfica (Guo *et al.*, 2013; Anexo 2).

Asimismo, se ha sugerido que estos virus llegaron a mamíferos del superorden Laurasiatheria a través de artrópodos por la vía sanguínea o por medio de su dieta a base de insectos, siendo los roedores los principales reservorios (Plyusnin y Morzunov, 2001). Sin embargo, el creciente número de virus encontrados en murciélagos en los últimos años (e.g., Láibin Virus en *Taphozous melanopogon* de China o Đakrông virus en *Aselliscus stoliczkanus* de Vietnam) sugiere que estos mamíferos son un grupo importante de hospederos del Hantavirus. Inclusive se ha confirmado que son sus

reservorios naturales y que coevolucionaron con ellos a lo largo de su historia evolutiva (Guo *et al.*, 2013; Zhang, 2014; Holmes y Zhang, 2015; Xu *et al.*, 2015; Arai *et al.*, 2019; Anexo 2). Particularmente, los Hantavirus en humanos fueron transmitidos por roedores (Yates *et al.*, 2002)

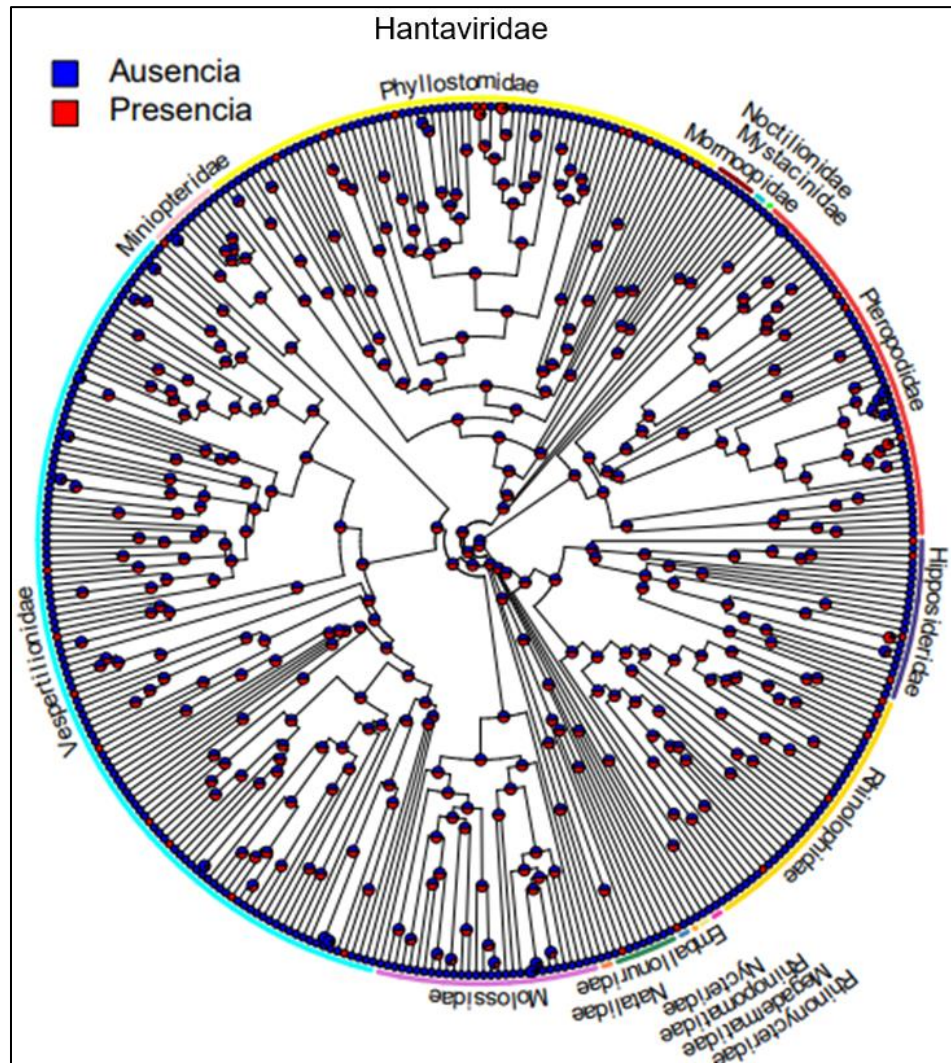


Figura 14: Las relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Hantaviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos.

Por su parte, la familia Rhabdoviridae ($\lambda = 0.85$) resultó la de mayor distribución entre las especies de murciélagos analizadas en este estudio con el 52.5 %, donde la mayoría de las especies pertenecieron a la familia Vespertilionidae. En tanto que el género viral *Lyssavirus* fue el de mayor presencia entre los murciélagos, predominando en los nodos basales de la filogenia (Figura 15).

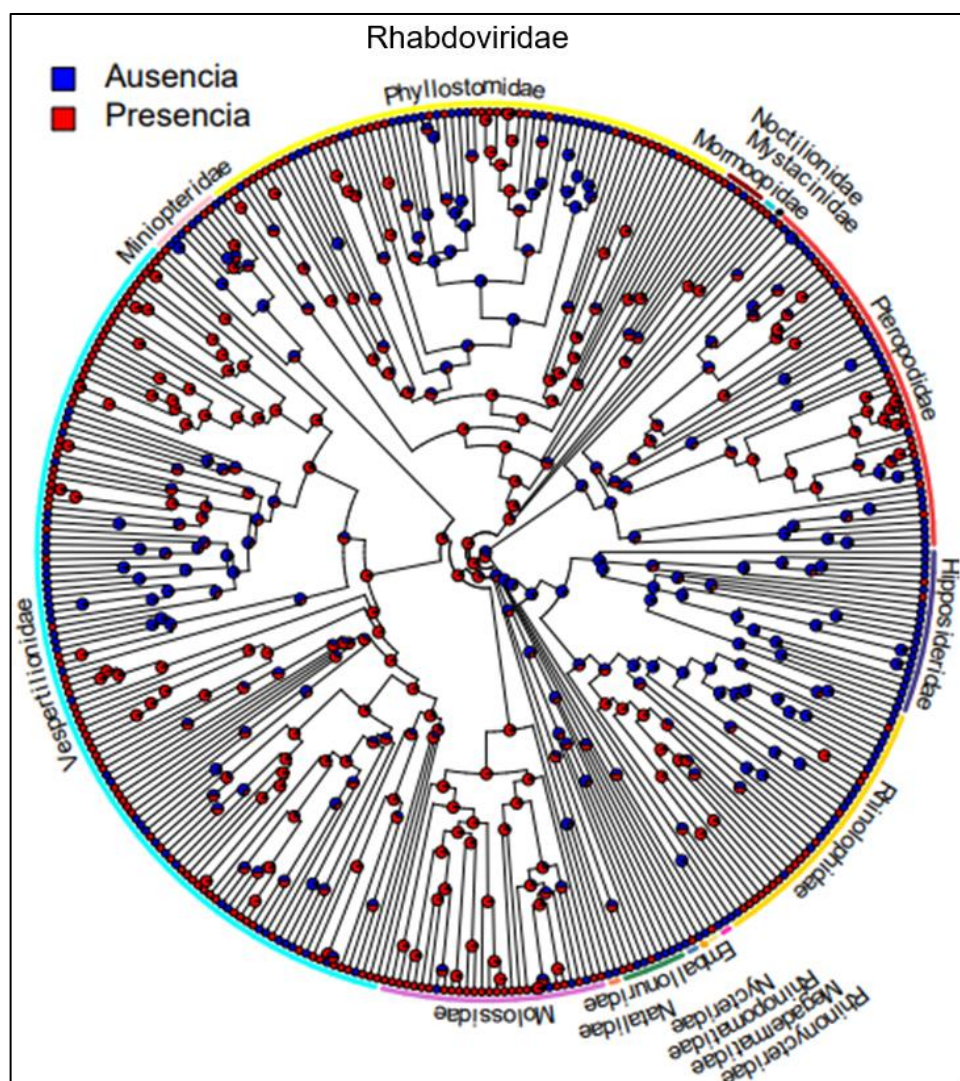


Figura 15: Las relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Rhabdoviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos.

También, en la filogenia (Figura 15) se observó que lo más probable es que el ancestro común de todos los murciélagos no tuviera presencia de rhabdovirus. Sin embargo, los descendientes más próximos a este inmediatamente fueron adquiriendo estos virus, probablemente como resultado de su dieta insectívora que como se ha mencionado anteriormente los insectos son los principales hospederos de rhabdovirus (Nault, 1997; Hogenhout *et al.*, 2003). Por lo que la presencia de estos virus se da principalmente en aquellas familias de murciélagos con una dieta insectívora como lo son Vespertilionidae, Molossidae o Moormopidae. Por otro lado, se ha mencionado que el ancestro más reciente de los *Lyssavirus* actuales data de hace aproximadamente 7,080 a 11,631 años (Badrane y Tordo, 2001; Anexo 2).

Entre los *Lyssavirus* más destacados se encuentra el virus de la rabia, que se distribuye en diferentes partes del mundo y está presente en murciélagos con diferentes hábitos alimenticios. Por ejemplo, se ha detectado en murciélagos frugívoros del género *Artibeus* (Shoji *et al.*, 2004; Cunha *et al.*, 2005; Anexo 2), insectívoros como los géneros *Molossus* y *Myotis* (Rosa *et al.*, 2011, Anexo 2), nectívoros como el murciélago *Leptonycteris nivalis* (Acha, 1968) y hematófagos como en *Desmodus rotundus* (Ferraz *et al.*, 2007; Anexo 2). No obstante, a pesar de que el virus de la rabia está presente en una gran diversidad de especies de murciélagos, la mayor atención se ha centrado en los murciélagos de la especie *D. rotundus* por sus implicaciones epidemiológicas al ganado. Estos murciélagos al ser hematófagos se alimentan de sangre de mamíferos y aves, con una preferencia por animales de ganado y como consecuencia les transmiten el virus de la rabia.

Existen varias hipótesis de cómo la rabia llegó al continente americano. En este sentido, Rupprecht *et al.* (2011) sugieren que el ancestro común más reciente de la rabia data del siglo XVII, por la introducción masiva de ganado desde Europa, facilitando la expansión de los murciélagos hematófagos y la transmisión del virus a otras especies de murciélagos.

Mientras que Li *et al.* (2023), sugieren que la rabia se originó en murciélagos de América del Norte y se extendió a través de la expansión colonial europea en el siglo XV. Otra teoría sugiere que la rabia se originó en Sudamérica en murciélagos de la especie *Tadarida brasiliensis*, y posteriormente dio origen a los linajes de rabia en *T. brasiliensis* y *D. rotundus* de Norteamérica alrededor del 1400 d.C. (Oliveira *et al.*, 2020; Anexo 2). Esta última teoría es más factible debido a que los virus de la familia Rhabdoviridae tienen un origen insectos, por lo que, la adquisición del virus de la rabia por murciélagos se dio probablemente en murciélagos insectívoros como *T. brasiliensis*.

Es evidente que el virus de la rabia se ha establecido exitosamente en diversas especies de murciélagos en América, lo cual se ha logrado mediante cambios de huésped (Streicker *et al.*, 2010; Anexo 2). Al respecto, se ha propuesto que la rápida evolución viral y la similitud biológica entre aquellas especies hospedadoras que tienen cercanía filogenética (e.g., especies del género *Myotis*) son claves para la transmisión de este virus en los murciélagos. En otras palabras, al ser especies relacionadas filogenéticamente hay una similitud en sus mecanismos inmunológicos, lo cual disminuiría los pasos necesarios para ingresar e infectar a la célula y lograr un

equilibrio entre la replicación y su eliminación viral (Kuiken *et al.*, 2006; Streicker *et al.*, 2010; Anexo 2).

La familia Paramyxoviridae ($\lambda = 0.83$) está presente en el 26.2% de las especies de murciélagos de diferentes familias. También se observó que lo más probable es que el ancestro común de todos los murciélagos tuviera presencia de paramyxovirus, sin embargo, con el paso de su historia evolutiva su presencia fue disminuyendo, no obstante, se mantuvo principalmente en murciélagos que habitan el viejo mundo con una dieta frugívora como los pteropódidos (*e.g.*, *Pteropus*, *Rousettus*), y algunos insectívoros como los del género *Miniopterus* (Figura 16).

La adquisición de virus en murciélagos frugívoros probablemente se dio por una exposición con insectos que actúan como vectores, por ejemplo, avispas de higos de la especie *Ceratosolen* y moscas de la familia Tanyderidae (Bennett *et al.*, 2019; Anexo 2). Esta exposición pudo haberse dado a través del consumo de insectos que se encuentran en las frutas, ya sea de forma incidental o como un complemento para sus dietas (Barclay *et al.*, 2006; Clulow y Blundell, 2011). Por ende, esto podría explicar la presencia de paramyxovirus en su mayoría en murciélagos frugívoros del viejo mundo en comparación con aquellos con diferentes hábitos alimenticios.

Por otro lado, el género *Pteropus* es uno de los principales hospederos de algunos paramyxovirus. Se ha sugerido que son los reservorios naturales de los virus Nipah y Hendra, ya que se han detectado anticuerpos en ellos (Drexler *et al.*, 2009; Sasaki *et al.*, 2012; Barr *et al.*, 2015; Anexo 2). También, se ha mencionado que esta asociación

entre paramyxovirus y murciélagos del género *Pteropus* se originó en nodos ancestrales de murciélagos asiáticos (O'Brien *et al.*, 2009; Chan *et al.*, 2011; Drexler

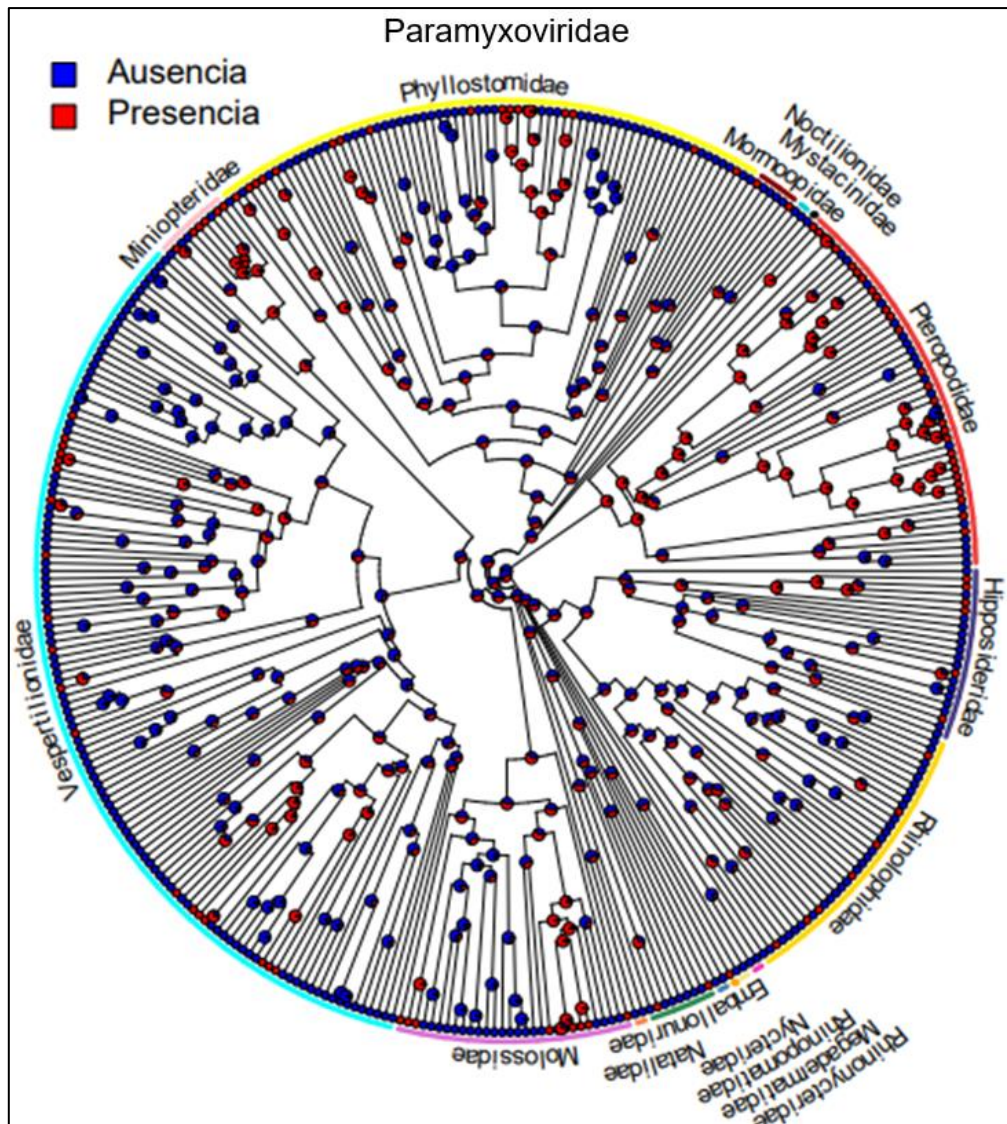


Figura 16. Relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Paramyxoviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos.

et al., 2012; Anexo 2). Estos murciélagos se dispersaron en África (Vidgen *et al.*, 2015;

Anexo 2) hace 15 y 25 millones de años a través de corredores forestales (Juste *et al.*,

1999). Posteriormente evolucionó mediante periodos de aislamientos geográficos o a través de alguna asociación regional que se dio en algún periodo de la escala de tiempo geológico (Vidgen *et al.*, 2015; Anexo 2).

Por último, para la familia viral Coronaviridae, se registró que a pesar de tener una señal filogenética media (0.64), es la segunda con mayor distribución entre especies de murciélagos con en el 51.9%. Se encuentran presentes ampliamente en diversas familias de murciélagos (*e.g.*, Vespertilionidae, Rhinolophidae, Pteropodidae, Hipposideridae) (Figura 17).

Actualmente se han generado más de 4,800 secuencias de coronavirus, aunque es posible que la diversidad de coronavirus sea mucho mayor (Ruiz-Aravena *et al.*, 2022). Se registró que estos virus se han detectado en 13 familias de murciélagos, siendo la familia Rhinolophidae la de mayor presencia. Al respecto, se ha sugerido que algunos grupos de coronavirus, como los *Betacoronavirus*, pudieron haber coevolucionado con familias de murciélagos particulares. Por ejemplo, los *Sarbecovirus* que están relacionados con el SARS de murciélagos rinolofidos, así como los *Merbecovirus* que están relacionados con el MERS-Cov de murciélagos vespertilionidos (Drexler *et al.*, 2014; Lin *et al.*, 2017; Anexo 2).

Esta posible relación coevolutiva entre coronavirus y murciélagos es apoyada por el valor de 0.64 de señal filogenética, obtenida en este estudio. Así como por las asociaciones filogenéticas y filogeográficas que existe entre ellos, y la transmisión viral entre especies (Cui *et al.*, 2007; Latinne *et al.*, 2020; Anexo 2). Por ejemplo, distintos coronavirus que comparten un ancestro común se han detectado o aislado en especies

de murciélagos del mismo género o en géneros estrechamente relacionados filogenéticamente (e.g., murciélagos del género *Pipistrellus*) (Cui *et al.*, 2007; Anexo 2).

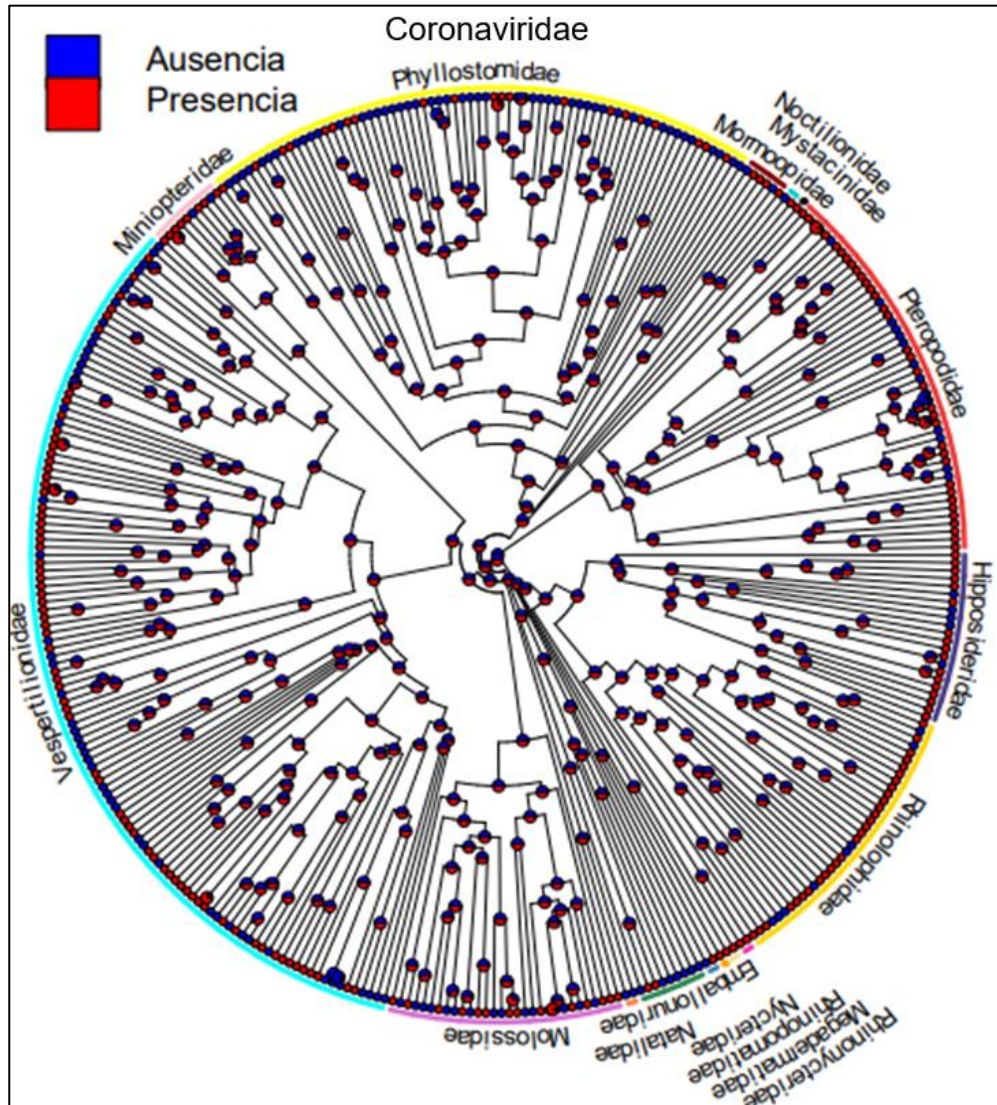


Figura 17: Relaciones filogenéticas de las especies mapeado con la presencia o ausencia de la familia viral Coronaviridae. Los gráficos circulares en los nodos internos se estimaron utilizando la reconstrucción del estado ancestral, y la proporción de cada color representa la probabilidad de que el ancestro compartido hospede el virus, rojo=presencia y azul=ausencia. Los círculos de los nodos externos representan la presencia actual (rojo) o ausencia (azul) de la familia viral. Mientras que las líneas de color indican las familias de murciélagos.

Por último, Lin *et al.* (2017; Anexo 2) detectaron coronavirus en diferentes especies de murciélagos en varias regiones de China. Por lo que han sugerido que la adquisición y propagación de los coronavirus en murciélagos se debe a las altas tasas de contacto entre especies específicas de murciélagos. Promoviendo una agrupación general de murciélagos a nivel geográfico más que a nivel taxonómico. Además, la alta diversidad de especies de murciélagos, su amplia distribución y la transmisión de coronavirus entre diferentes especies de murciélagos ha dado como resultado una alta diversidad filogenética de coronavirus (Leopardi *et al.*, 2018; Anexo 2; Caraballo, 2022; Wang *et al.*, 2023). Por lo tanto, se sugiere que los murciélagos son los huéspedes naturales de todos los coronavirus y han sido piezas clave en su ecología y evolución (Vijaykrishna *et al.*, 2007).

9. CONCLUSIONES

La mayoría de los artículos se publicaron en revistas especializadas sobre el tema de la virología y con origen en Estados Unidos de América (EUA) y Reino Unido, entre las cuales destacaron *Emerging Infectious Diseases* y *Journal of Virology*. Por su parte, EUA y China fueron los países más productivos e influyentes, ya que contaron con los registros de institutos y universidades más productivos (*e.g.*, Centros de Control y Prevención de Enfermedades de EUA, Universidad de Hong Kong e Instituto de Virología de Wuhan en China).

En estos últimos dos países (EUA y China), también se registró a los autores más influyentes y productivos. Por parte de China, se documentó al Dr. Linfa Wang, un experto investigador de coronavirus; mientras que EUA, se registró al Dr. Charles

Rupprecht, un especialista en el estudio de la rabia, donde sus contribuciones han permitido comprender de mejor manera el papel de los virus en murciélagos con el fin de diagnosticar, prevenir, controlar y eliminarlos (e.g., SARS-Cov, dengue, Ébola, rabia).

Además, los documentos más influyentes fueron aquellos que investigaron a los coronavirus detectados en murciélagos, sentando las bases de investigación sobre esta interacción entre estos virus. Mientras que la evaluación estadística rechazó la hipótesis nula (H_0) y evidenció que existe una correlación entre el número de publicaciones por año y el promedio de citas que reciben, evidenciando un aumento en la calidad de la literatura.

También se observó una clara tendencia al aumento de publicaciones durante o posterior a brotes epidémicos o pandemias por virus zoonóticos. Claramente se entiende la necesidad de identificar el probable origen del virus para determinar las causas de contagio y la forma de combatirlo y erradicarlo.

El número de especies de murciélagos que hospedan virus y el número de familias virales aumentaron en comparación con otros trabajos. Donde sus investigaciones se basaron en estudios de detección viral en tejido muscular o búsqueda de solo ciertas regiones geográficas. Este resultado más completo es gracias a una ardua revisión bibliográfica de artículos científicos.

Por otro lado, los murciélagos de las familias Vespertilionidae, Phyllostomidae y Pteropodidae presentaron el mayor número de especies que hospedan una familia

viral o más. Estas familias tienen la particularidad de ser las más diversas y las de mayor distribución en todo el mundo. Mientras que el más diverso a nivel género fue *Myotis* que hospedó la mayor cantidad de familias virales. Por lo tanto, es posible que aquellas especies de murciélagos con un rango de distribución geográfica amplia hospeden una mayor cantidad de virus que aquellas con una distribución más restringida. En cambio, las familias virales con mayor presencia en murciélagos fueron Rhabdoviridae, Coronaviridae y Paramyxoviridae, familias virales que contienen virus zoonóticos como la rabia, el SARS-Cov y el Nipah. Estas familias también tienen la particularidad de ser las de mayor distribución en el mundo.

En cuanto a la evaluación de señal filogenética, se encontró que no todas las familias virales detectadas en murciélagos presentaron valores mayores a 0, y solo en algunas familias virales se observaron patrones coevolutivos, por lo que la hipótesis de este trabajo en la cual se espera detectar interacciones evolutivas en todas las familias virales detectadas y los murciélagos hospederos a nivel familia, es rechazada. Las familias virales Hantaviridae, Rhabdoviridae y Paramyxoviridae presentaron los valores más altos de entre todas las familias virales evaluadas (con excepción de Carmotetraviridae y Asfarviridae). Estas familias se encontraron presentes en especies de murciélagos con estrecha relación filogenética o en especies que presentan una distribución geográfica similar.

Por otro lado, se observaron patrones evolutivos entre familias virales y familias de murciélagos. Los paramyxovirus presentaron una afinidad hacia murciélagos con una dieta frugívora (e.g., Pteropodidos), mientras que los rhabdovirus fueron

documentados, en mayor frecuencia, en la familia Vespertilionidae. Mientras que los coronavirus se registraron, en mayor medida, en murciélagos insectívoros de las familias Rhinolophidae y Vespertilionidae. Estos patrones de distribución viral en los murciélagos sugieren relaciones coevolutivas y ecológicas específicas (e.g. cambios de huésped en especies estrechamente relacionadas lo que superar el sistema inmune, mayores tasas de contacto interespecífica debido a la simpatría, cambios de huésped en linajes hermanos) lo que resalta la compleja interacción entre los virus y sus hospederos murciélagos.

Por último, resultó notoria la existencia de un sesgo de información en países con alta diversidad de especies de murciélagos (principalmente países de centro y sur América como Costa Rica, Colombia, entre otros) y con numerosos brotes de enfermedades en poblaciones humanas (principalmente países africanos como Uganda, Nigeria, Guinea Ecuatorial, otros países), por lo que es imperativo incrementar los esfuerzos de muestreo en especies de murciélagos de estas regiones geográficas, sobre todo de aquellas especies que presentan una estrecha relación filogenética con especies en las que se ha detectado un gran número de virus.

Finalmente, a pesar de que en los últimos años los estudios evolutivos entre virus y murciélagos han aumentado continúa existiendo desinformación para entender cómo algunos virus fueron adquiridos por los murciélagos y cómo éstos han sido capaces de mantenerlos.

10. BIBLIOGRAFÍA

- Albuquerque, N. K., Silva, S. P., Aragão, C. F., Cunha, T. C. A., Paiva, F. A., Coelho, T. F., & Cruz, A. C. R. (2024). Virome analysis of *Desmodus rotundus* tissue samples from the Amazon region. BMC genomics, 25(1), 34. doi: 10.1186/s12864-023-09950-w. PMID: 38177994.
- Abundes-Gallegos, J., Salas-Rojas, M., Galvez-Romero, G., Perea-Martínez, L., Obregón-Morales, C. Y., Morales-Malacara, J. B., Chomel, B. B., Stuckey, M. J., Moreno-Sandoval, H., García-Baltazar, A., Noguera-Torres, B., Zuñiga, G., & Aguilar-Setién, A. (2018). Detection of dengue virus in bat flies (Diptera: Streblidae) of common vampire bats, *Desmodus rotundus*, in Progreso, Hidalgo, Mexico. Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.), 18(1), 70–73. doi: 10.1089/vbz.2017.2163
- Acha Jamet, P. N. (1968). Epidemiología de la rabia bovina paralítica transmitida por los quirópteros. Boletín de la Oficina Sanitaria Panamericana (OSP). 64(5), 411-430. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/12741>
- Acha, P. N., & Alba, A. M. (2018). Economic losses due to *Desmodus rotundus*. Natural history of vampire bat. A. M. Greenhall and U. Schmidt, (eds). En CRC Press eBooks (pp. 207-214). doi: 10.1201/9781351074919-14
- Acha, P. N., & Szyfres, B. (2003). Zoonosis Y Enfermedades Transmisibles Comunes Al Hombre Y a Los Animales (3a ed.). Washington: Pan American Health Organization.
- Acha, P. N., Malaga-Alba, A., Greenhall, A. M., & Schmidt, U. (1988). Natural history of vampire bats. En CRC Press eBooks. doi: 10.1201/9781351074919
- Adjemian, J., Farnon, E. C., Tschioke, F., Wamala, J. F., Byaruhanga, E., Bwire, G., Kansime, E., Kagirita, A., Ahimbisibwe, S., Katunguka, F., Jeffs, B., Lutwama, J. J., Downing, R., Tappero, J. W., Formenty, P., Amman, B. R., Manning, C., Towner, J. S., Nichol, S. T., & Rollin, P. E. (2011). Outbreak of Marburg hemorrhagic fever among miners in Kamwenge and Ibanda districts, Uganda, 2007. The Journal of Infectious Diseases, 204(suppl_3), S796-S799. doi: 10.1093/infdis/jir312.
- Ahmad, T., Haroon, Khan, M. M., Murad, M. A., Baig, M., Murtaza, B. N., Khan, M. M., Harapan, H., & Jin, H. (2021). Research Trends in rabies vaccine in the last three decades: A Bibliometric Analysis of Global perspective. Human Vaccines & Immunotherapeutics, 17(9), 3169-3177. doi: 10.1080/21645515.2021.1910000.
- Ahmi, A. (2021). Bibliometric Analysis for Beginners: A starter guide to begin with a bibliometric study using Scopus dataset and tools such as Microsoft Excel, Harzing's Publish or Perish and VOSviewer software. Disponible en: <https://aidi-ahmi.com/index.php/bibliometric-analysis-for-beginners>
- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on Automatic Control, 19(6), 716-723. doi: 10.1109/tac.1974.1100705.
- Allen, T., Murray, K. A., Zambrana-Torrel, C., Morse, S. S., Rondinini, C., Di Marco, M., Breit, N., Olival, K. J., & Daszak, P. (2017). Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. Nature communications, 8(1), 1-10. doi: 10.1038/s41467-017-00923-8.

- Almeida, F. C., Giannini, N. P., Simmons, N. B., & Helgen, K. M. (2014). Each flying fox on its own branch: a phylogenetic tree for *Pteropus* and related genera (Chiroptera: Pteropodidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 77, 83-95. doi: 10.1016/j.ympev.2014.03.009.
- Amador, L. I., Arévalo, R. L. M., Almeida, F. C., Catalano, S. A., & Giannini, N. P. (2018). Bat systematics in the light of unconstrained analyses of a comprehensive molecular supermatrix. *Journal of Mammalian Evolution*, 25(1), 37-70. doi: 10.1007/s10914-016-9363-8.
- Ambat, A. S., Zubair, S. M., Prasad, N., Pundir, P., Rajwar, E., Patil, D. S., & Mangad, P. (2019). Nipah virus: A review on epidemiological characteristics and outbreaks to inform public health decision making. *Journal of Infection and Public Health*, 12(5), 634–639. doi: 10.1016/j.jiph.2019.02.013
- Andersen, K. G., Rambaut, A., Lipkin, W. I., Holmes, E. C., & Garry, R. F. (2020). The proximal origin of SARS-COV-2. *Nature Medicine*, 26(4), 450-452. doi: 10.1038/s41591-020-0820-9.
- Arellano-Sota, C. (1988). Vampire Bat-Transmitted rabies in cattle. *Clinical Infectious Diseases*, 10(Supplement_4), S707-S709. doi: 10.1093/clinids/10.supplement_4.s707.
- Aria, M., & Cuccurullo, C. (2017). Bibliometrix: an R-tool for comprehensive science mapping analysis. *Journal of Informetrics*, 11(4), 959-975. doi: 10.1016/j.joi.2017.08.007.
- Armero, A., Li, R., Bienes, K. M., Chen, X., Li, J., Xu, S., Chen, Y., Hughes, A. C., Berthet, N., & Wong, G. (2022). *Myotis fimbriatus* virome, a window to virus diversity and evolution in the genus *Myotis*. *Viruses*, 14(9), 1899. doi: 10.3390/v14091899.
- Armstrong, K. N., Reardon, T., & Jackson, S. M. (2020). A current taxonomic list of Australian Chiroptera. In *Austr. Bat. Soc. Versión 2020-06-09*. Disponible en: <http://ausbats.org.au/species-list/4593775065>, 2020.
- Assiri, A. M., McGeer, A., Perl, T. M., Price, C. S., Rabeeah, A. A. A., Cummings, D. A. T., Alabdullatif, Z. N., Assad, M., Al-Mulhim, A. A., Makhdoom, H. Q., Madani, H., Alhakeem, R. F., Al-Tawfiq, J. A., Cotten, M., Watson, S. J., Kellam, P., Zumla, A., & Memish, Z. A. (2013). Hospital outbreak of Middle East respiratory syndrome coronavirus. *The New England Journal of Medicine*, 369(5), 407-416. doi: 10.1056/nejmoa1306742.
- Aydillo, T., Ayllón, J., Pavlisin, A., Martínez-Romero, C., Tripathi, S., Mena, I., Moreira-Soto, A., Vicente-Santos, A., Corrales-Aguilar, E., Schwemmle, M., & García-Sastre, A. (2018). Specific mutations in the PB2 protein of influenza A virus compensate for the lack of efficient interferon antagonism of the NS1 protein of Bat influenza A-Like viruses. *Journal of Virology*, 92(7), 10-1128. doi: 10.1128/jvi.02021-17
- Baas, J., Schotten, M., Plume, A., Côté, G., & Karimi, R. (2020). Scopus as a curated, high-quality bibliometric data source for academic research in quantitative science studies. *Quantitative science studies*, 1(1), 377-386. doi: 10.1162/qss_a_00019

- Baker, M. L., Schountz, T., & Wang, L. F. (2013). Antiviral immune responses of bats: a review. *Zoonoses and public health*, 60(1), 104-116. doi: 10.1111/j.1863-2378.2012.01528.x.
- Banyard, A. C., Hayman, D. T. S., Johnson, N., & McElhinney, L. M. (2011). Bats and lyssaviruses. En *Advances in Virus Research*, 79, 239-289. doi: 10.1016/b978-0-12-387040-7.00012-3
- Barclay, R. M., Barclay, L. E., & Jacobs, D. S. (2006). Deliberate insectivory by the fruit bat *Rousettus aegyptiacus*. *Acta Chiropterologica*, 8(2), 549-553. doi: 10.3161/1733-5329(2006)8[549:DIBTFB]2.0.CO;2
- Blomberg, S. P., & Garland, T. (2002). Tempo and Mode in Evolution: Phylogenetic inertia, adaptation and Comparative Methods. *Journal of Evolutionary Biology*, 15(6), 899-910. doi: 10.1046/j.1420-9101.2002.00472.x
- Blomberg, S. P., Garland, T., & Ives, A. R. (2003). Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution*, 57(4), 717-745. doi: 10.1111/j.0014-3820.2003.tb00285.x
- Briner, R. B., & Denyer, D. (2012). Systematic review and evidence synthesis as a practice and scholarship tool. *The Oxford Handbook of Evidence-Based Management*. En Oxford University Press eBooks (pp. 112-129). doi: 10.1093/oxfordhb/9780199763986.013.0007.
- Broadus, R. N. (1987). Toward a definition of “bibliometrics”. *Scientometrics*, 12(5-6), 373-379. doi: 10.1007/bf02016680.
- Buenrostro-Silva, A., García-Grajales, J., Sánchez-Nava, P., & Ruiz-Gómez, M. D. L. (2022). What do we know about sea turtle fibropapillomatosis studies in the American continent? A bibliographic review. *Latin american journal of aquatic research*, 50(3), 343-353. doi: 10.3856/vol50-issue3-fulltext-2787.
- Caraballo, D. A. (2022). Cross-Species Transmission of Bat coronaviruses in the Americas: Contrasting patterns between *Alphacoronavirus* and *Betacoronavirus*. *Microbiology spectrum*, 10(4), e01411-22. doi: 10.1128/spectrum.01411-22.
- Caraballo, D. A., Sabio, M. S., Colombo, V. C., Piccirilli, M. G., Vico, L., Hirmas Riade, S. M., Campos, J., Martínez, G., Beltrán, F., Baumeister, E., & Cisterna, D. M. (2022). The role of Molossidae and Vespertilionidae in shaping the diversity of alphacoronaviruses in the Americas. *Microbiology Spectrum*, 10(6), e03143-22. doi: 10.1128/spectrum.03143-22
- CDC Covid-19 Response Team. (2020). Severe outcomes among patients with coronavirus disease 2019 (COVID-19)—United States, Febrero 12–Marzo 16, 2020. *Morbidity and mortality weekly report*, 69(12), 343-346. doi: 10.15585/mmwr.mm6912e2.
- Centro Panamericano de Fiebre Aftosa y Salud Pública Veterinaria de la Organización Panamericana de Salud/Organización Mundial de la Salud. (2021). Programa Regional de las Américas para la prevención y el control de la rabia transmitida por murciélagos hematófagos (*D. Rotundus*) en animales de producción susceptibles

- Chan, L. M., Goodman, S. M., Nowak, M., Weisrock, D. W., & Yoder, A. D. (2011). Increased population sampling confirms low genetic divergence among *Pteropus* (Chiroptera: Pteropodidae) fruit bats of Madagascar and other western Indian Ocean islands. *PLOS Currents*, 3, RRN1226. doi: 10.1371/currents.rn1226
- Chong, H. T., Abdullah, S., & Tan, C. T. (2009). Nipah virus and bats. *Neurology Asia*, 14(1), 73-6. Disponible en: http://www.neurology-asia.org/articles/20091_073.
- Clulow, S., & Blundell, A. T. (2011). Deliberate insectivory by the fruit bat *Pteropus poliocephalus* by aerial hunting. *Acta Chiropterologica*, 13(1), 201-205. doi: 10.3161/150811011X578750
- Cobo, M. J., López-Herrera, A. G., Liu, X., & Herrera, F. (2011). Science mapping software tools: review, analysis, and cooperative study among tools. *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 62(7), 1382-1402. doi: 10.1002/asi.21525.
- Colombo, S., & Angelis, I. D. (2021). La República Popular China y Estados Unidos: revolución científico-tecnológica y disputa tecnológica en el siglo XXI. *Revista mexicana de ciencias políticas y sociales*, 66(243), 163-189. doi: 10.22201/fcpys.2448492xe.2021.243.72582.
- Conceicao, C., Thakur, N., Human, S., Kelly, J., Logan, L., Bialy, D., Bhat, S., Stevenson-Leggett, P., Zagrajek, A. K., Hollinghurst, P., Varga, M., Tsirigoti, C., Tully, M., Chiu, C., Moffat, K., Silesian, A. P., Hammond, J. A., Maier, H. J., Bickerton, E., Shelton, H., Dietrich, I., Graham, S. C., & Bailey, D. (2020). The SARS-COV-2 spike protein has a broad tropism for mammalian ACE2 proteins. *PLOS Biology*, 18(12), e3001016. doi: 10.1371/journal.pbio.3001016
- Crane, D. (1969). Social structure in a group of scientists: A test of the «Invisible College» hypothesis. *American Sociological Review*, 34(3), 335-352. doi: 10.2307/2092499.
- Csorba, G., Ujhelyi, P., & Thomas, N. M. (2003). *Horseshoe Bats of the World* (Chiroptera: Rhinolophidae). Alana Books, Bishop's Castle, 160 pp. doi: 10.1644/05-MAMM-R-426R.1.
- Dáher Nader, J. E., Panunzio, A. P., & Hernández Navarro, M. I. (2018). La investigación científica: una función universitaria a considerar en el contexto ecuatoriano. *Edumecentro*, 10(4), 166-179. Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?pid=S2077-28742018000400011&script=sci_arttext.
- Daszak, P., Plowright, R. K., Epstein, J. H., Pulliam, J., Abdul Rahman, S., Field, H. E., Jamaluddin, A., Sharifah, S. H., Smith, C. S., Olival, K. J., Luby, S., Halpin, K., Hyatt, A. D., & Cunningham, A. A. (2006). The emergence of Nipah and Hendra virus: pathogen dynamics across a wildlife-livestock-human continuum. En *Disease Ecology*, Oxford University Press. (pp. 186–201). doi: 10.1093/acprof:oso/9780198567080.003.0013
- Dervis, H. (2019). Bibliometric analysis using Bibliometrix an R package. *Journal of scientometric research*, 8(3), 156-160. doi: 10.5530/jscires.8.3.32.
- Dobson, A. (2005). What links bats to emerging infectious diseases? *Science*, 310(5748), 628-629. doi: 10.1126/science.1120872

- Donthu, N., Kumar, S., Mukherjee, D., Pandey, N., & Lim, W. M. (2021). How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. *Journal of business research*, 133, 285-296. doi: 10.3201/eid1809.111607.
- Drexler, J. F., Corman, V. M., & Drosten, C. (2014). Ecology, Evolution and classification of Bat coronaviruses in the aftermath of SARS. *Antiviral Research*, 101, 45-56. doi: 10.1016/j.antiviral.2013.10.013.
- Drosten, C., Günther, S., Preiser, W., Van Der Werf, S., Brodt, H., Becker, S., Rabenau, H. F., Panning, M., Kolesnikova, L., Fouchier, R. A. M., Berger, A., Burguière, A., Cinatl, J., Eickmann, M., Escriou, N., Grywna, K., Kramme, S., Manuguerra, J., Müller, S., Rickerts, V., Stürmer, M., Vieth, S., Klenk, H. D., Osterhaus, A. D., Schmitz, H., & Doerr, H. W. (2003). Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine*, 348(20), 1967-1976. doi: 10.1056/nejmoa030747.
- Dwivedi, S. (2017). Dengue Research: Three dimensional bibliometric study of the global research output during 1989-2015. *DESIDOC Journal of Library & Information Technology*. 37(3), 180-185. doi: 10.14429/djlit.37.3.10857.
- El-Shesheny, R., Franks, J., Kandeil, A., Badra, R., Turner, J., Seiler, P., Marathe, B., Jeevan, T., Kercher, L., Hu, M., Sim, Y. E., Hui, K. P. Y., Chan M. C. W., Thompson, A. J., McKenzie, P., Govorkova, E. A., Russell, C. J., Vogel, P., Paulson, J. C., Peiris, J. S. M., Webster, R. G., Ali, M. A., Kayali, G., & Webby, R. J. (2024). Cross-species spill-over potential of the H9N2 bat influenza A virus. *Nature Communications*, 15(1), 3449. doi: 10.1038/s41467-024-47635-4
- Engvall, E., & Perlmann, P. (1971). Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) quantitative assay of immunoglobulin G. *Immunochemistry*, 8(9), 871-874. doi: 10.1016/0019-2791(71)90454-x.
- Epstein, J. H., Islam, A., Ali Khan, S., Sanchez, M., Olival, K., Khan, M., Kilpatrick, A. M., Hossein, M. J., Anthony, S. J., Cramer, G., Gurley, E. S., Briese, T., Wang, L., Lipkin, W. I., Luby, S. P., & Dasak, P. (2012). Understanding the ecology of Nipah virus in Pteropodid bats in Bangladesh. In *International Conference on Emerging Infectious Diseases (ICEID)*. Atlanta, March (pp. 11-14).
- Epstein, J. H., & Anthony, S. J. (2017). Viral discovery as a tool for pandemic preparedness. *Rev. Sci. Tech*, 36, 499-512. doi: 10.20506/rst.36.2.2669.
- Epstein, J. H., & Field, H. E. (2015). Anthropogenic Epidemics: The Ecology of Bat-Borne Viruses and Our Role in their Emergence. *Bats and viruses: a new frontier of emerging infectious diseases*, Wang LF & Cowled C, (eds), John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, New Jersey, 249-279. doi: 10.1002/9781118818824.ch10
- Escalera-Zamudio, M., Rojas-Anaya, E., Kolokotronis, S., Taboada, B., Loza-Rubio, E., Méndez-Ojeda, M. L., Arias, C. F., Osterrieder, N., & Greenwood, A. D. (2016). Bats, primates, and the evolutionary origins and diversification of mammalian gammaherpesviruses. *MBio*, 7(6), e01425-16. doi: 10.1128/mbio.01425-16.
- Falagas, M. E., Pitsouni, E., Malietzis, G., & Pappas, G. (2008). Comparison of PubMed, Scopus, Web of Science, and Google Scholar: Strengths and weaknesses. *The FASEB Journal*, 22(2), 338-342. doi: 10.1096/fj.07-9492Isf

- Fan, J., Gao, Y., Zhao, N., Dai, R., Zhang, H., Feng, X., Shi, G., Tian, J., Chen, C., Hambly, B. D., & Bao, S. (2020). Bibliometric analysis on COVID-19: a comparison of research between English and Chinese studies. *Frontiers in public health*, 8, 477. doi: 10.3389/fpubh.2020.00477.
- FAO, Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2018). Núcleo de capacitación en Políticas Públicas. Rabia de los herbívoros y «Una Salud». Avanzando hacia una gestión sanitaria integrada. [Internet]. Disponible en: [http:// www.fao.org/home/es/](http://www.fao.org/home/es/)
- FAO, Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2020). Uso de la tierra en la agricultura según las cifras. [Internet]. Disponible en: <https://www.fao.org/sustainability/news/detail/es/c/1279267/#:~:text=La%20superficie%20de%20tierra%20destinada,y%20pastizales%20para%20el%20pastoreo.>
- Fehr, A. R., & Perlman, S. (2015). Coronaviruses: an overview of their replication and pathogenesis. *Coronaviruses: methods and protocols*, 1282, 1-23. doi: 10.1007/978-1-4939-2438-7_1.
- Feikin, D. R., Alraddadi, B., Qutub, M., Shabouni, O., Curns, A., Oboho, I. K., Tomczyk, S. M., Wolff, B., Watson, J. T., & Madani, T. A. (2015). Association of higher MERS-CoV virus load with severe disease and death, Saudi Arabia, 2014. *Emerging infectious diseases*, 21(11), 2029-2035. doi: 10.3201/eid2111.150764.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4), 783-791. doi: 10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x.
- Flores-Alanis, A., Sandner-Miranda, L., Delgado, G., Cravioto, A., & Morales-Espinosa, R. (2020). The receptor binding domain of SARS-COV-2 spike protein is the result of an ancestral recombination between the BAT-COV RATG13 and the Pangolin-COV MP789. *BMC Research Notes*, 13(1), 398. doi: 10.1186/s13104-020-05242-8
- Foley, N. M., Thong, V. D., Soisook, P., Goodman, S. M., Armstrong, K. N., Jacobs, D. S., Puechmaille, S. J., & Teeling, E. C. (2015). How and why overcome the impediments to resolution: Lessons from rhinolophid and hipposiderid bats. *Molecular Biology and Evolution*, 32(2), 313-333. doi: 10.1093/molbev/msu329.
- Freeman, R. B., & Huang, W. (2014). Collaboration: strength in diversity. *Nature*, 513(7518), 305. doi: 10.1038/513305a.
- Frutos, R., Serra-Cobo, J., Pinault, L., Lopez Roig, M., & Devaux, C. A. (2021). Emergence of bat-related betacoronaviruses: hazard and risks. *Frontiers in microbiology*, 12, 591535. doi: 10.3389/fmicb.2021.591535.
- Galindo-González, J. (2021). SARS-CoV-2, los murciélagos no son los responsables. *Cuadernos de biodiversidad*, 61, 17-21. doi: 10.14198/cdbio.2021.61.02
- Galindo-González, J., & Medellín, R. A. (2021). Los murciélagos y la COVID-19, una injusta historia. *CIENCIA ergo sum*, 28(2), 1–8. doi: 10.30878/ces.v28n2a10
- Garbino G.S.T., Gregorin R., Lima I.P., Loureiro L., Moras L., Moratelli R., Nogueira M.R., Pavan A.C., Tavares V.C., Nascimento M.C., Novaes, R.L.M., Peracchi A.L. (2022). Updated checklist of Brazilian bats: versão 2020. Comitê da Lista de

Morcegos do Brasil—CLMB. Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (Sbeq). Disponible en: <https://www.sbeq.net/lista-de-especies>

- Gay, N., Olival, K. J., Bumrungsri, S., Siriaronrat, B., Bourgarel, M., & Morand, S. (2014). Parasite and viral species richness of Southeast Asian bats: Fragmentation of area distribution matters. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 3(2), 161-170. doi: 10.1016/j.ijppaw.2014.06.003.
- Ge, X. Y., Wang, N., Zhang, W., Hu, B., Li, B., Zhang, Y. Z., Zhou, J.H., Luo, C. M., Yang, X. L., Wu, L. J., Wang, B., Zhang, Y., Li, Z. X., & Shi, Z. L. (2016). Coexistence of multiple coronaviruses in several bat colonies in an abandoned mineshaft. *Virologica Sinica*, 31, 31-40. doi: 10.1007/s12250-016-3713-9.
- Ge, X., Li, J. L., Yang, X., Chmura, A. A., Zhu, G., Epstein, J. H., Mazet, J. A. K., Hu, B., Zhang, W., Cheng, P., Zhang, Y. J., Luo, C. M., Teng, B., Wang, N., Zhu, Y., Cramer, G., Zhang, S. Y., Wang, L., Daszak, P., & Shi, Z. L. (2013). Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*, 503(7477), 535-538. doi: 10.1038/nature12711.
- Gong, Y., Ma, T. C., Xu, Y. Y., Yang, R., Gao, L. J., Wu, S. H., Li, J., Yue, M. L., Liang, H. G., He, X., & Yun, T. (2020). Early research on COVID-19: a bibliometric analysis. *The Innovation*, 1(2), 100027. doi: 10.1016/j.xinn.2020.100027.
- González, J. G., & Medellín, R. A. (2021). Los murciélagos y la COVID-19, una injusta historia. *Ciencia ergo sum*, 28(2), 1–8. doi: 10.30878/ces.v28n2a10
- Guan, Y., Zheng, B., He, Y., Liu, X. L., Zhuang, Z., Cheung, Y. M., Luo, S., Li, P. H., Zhang, L. J., Guan, Y., Butt, K. M., Wong, K. H., Chan, K., Lim, W., Shortridge, K. F., Yuen, K., Peiris, J. S. M., & Poon, L. L. M. (2003). Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science*, 302(5643), 276-278. doi: 10.1126/science.1087139.
- Gupta, B., Ahmed, K. M., & Gupta, R. (2018). Nipah Virus Research: A scientometric assessment of global publications output during 1999-2018. *International Journal of Medicine and Public Health*, 8(2), 48-55. doi: 10.5530/ijmedph.2018.2.11.
- Haagmans, B. L., Dhahiry, S. H. A., Reusken, C., Raj, V. S., Galiano, M., Myers, R., Godeke, G. J., Jonges, M., Farag, E., Diab, A., Ghobashy, H., Alhajri, F., Al-Thani, M. H., Al-Marri, S., Romaini, H. E. A., Khal, A. A., Bermingham, A., Osterhaus, A. D. M. E., Al-Hajri, M., & Koopmans, M. (2014). Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus in Dromedary Camels: an outbreak investigation. *Lancet Infectious Diseases*, 14(2), 140-145. doi: 10.1016/s1473-3099(13)70690-x.
- Harmon, L. J., Weir, J. T., Brock, C. D., Glor, R. E., & Challenger, W. (2008). GEIGER: Investigating Evolutionary Radiations. *Bioinformatics*, 24(1), 129-131. doi: 10.1093/bioinformatics/btm538.
- Harris, C., Brummitt, N., Cobbold, C. A., & Reeve, R. (2022). Strong phylogenetic signals in global plant bioclimatic envelopes. *Global Ecology and Biogeography*, 31(11), 2191-2203. doi: 10.1111/j.0014-3820.2003.tb00285.x.
- Harvey, M. (2011). *Bats of the United States and Canada*. En Johns Hopkins University Press eBooks, MD, USA, 203 pp. doi: 10.1353/book.10333.

- Harzing, A. W. (2010). The publish or perish book. Melbourne, Australia: Tarma Software Research, 278 pp. Disponible en: <https://harzing.com/publications/publish-or-perish-book/pdf>
- Hasöksüz, M., Kilic, S., & Saraç, F. (2020). Coronaviruses and sars-cov-2. Turkish journal of medical sciences, 50(9), 549-556. doi: 10.3906/sag-2004-127.
- Hernández-Aguilar, I., Monterrubio, L., Santos Moreno, A., Naranjo Piñera, E. J., & Gutiérrez, N. (2021). Lista de los murciélagos hospederos del virus del dengue en México. En Miguel Ángel P. M et al. (Eds.), Estudios sobre la biodiversidad tropical mexicana: conservación y aprovechamiento sustentable, (pp. 247-261). UNICACH. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/358117196_Lista_de_los_murcielagos_hospederos_del_virus_del_dengue_en_Mexico
- Hogenhout, S. A., Redinbaugh, M. G., & Ammar, E. (2003). Plant and animal rhabdovirus host range: A bug's view. Trends in Microbiology, 11(6), 264-271. doi: 10.1016/s0966-842x(03)00120-3.
- Hu, B., Ge, X., Wang, L. F., & Shi, Z. (2015). Bat origin of human coronaviruses. Virology journal, 12, 1-10. doi: 10.1186/s12985-015-0422-1.
- Huang, Z., Jebb, D., & Teeling, E. C. (2016). Blood miRNomes and transcriptomes reveal novel longevity mechanisms in the long-lived bat, *Myotis myotis*. BMC genomics, 17, 1-15. doi: 10.1186/s12864-016-3227-8.
- James, T. D., Salguero-Gómez, R., Jones, O. R., Childs, D. Z., & Beckerman, A. P. (2021). Bridging gaps in demographic analysis with phylogenetic imputation. Conservation Biology, 35(4), 1210-1221. doi: 10.1111/cobi.13658.
- Jiang, Z., Liu, S., Wu, Y., Jiang, X., & Zhou, K. (2017). China's mammal diversity. Biodiversity Science, 25(8), 886. doi: 10.17520/biods.2014202
- Jiangzuo, Q., & Wang, S. Q. (2023). Northeastern Asia humidification at the end of the Miocene drives the boost of mammalian dispersals from the Old to New World. Journal of Palaeogeography, 12(1): 50-68. doi: 10.1016/j.jop.2022.09.002
- Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. Nature, 451(7181), 990-993. doi: 10.1038/nature06536.
- Jonsson, C. B., Figueiredo, L. T. M., & Vapalahti, O. (2010). A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. Clinical Microbiology Reviews, 23(2), 412-441. doi: 10.1128/cmr.00062-09.
- Juste, B. J., Álvarez, Y., Tabarés, E., Garrido-Pertierra, A., Ibáñez, C., & Bautista, J. M. (1999). Phylogeography of African fruit bats (Megachiroptera). Molecular Phylogenetics and Evolution, 13(3), 596-604. doi: 10.1006/mpev.1999.0669
- Kamilar, J. M., & Cooper, N. (2013). Phylogenetic signal in primate behaviour, ecology and life history. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 368(1618), 20120341. doi: 10.1098/rstb.2012.0341.
- Katsarou, K., Bardani, E., Kallemi, P., & Kalantidis, K. (2019). Viral detection: past, present, and future. BioEssays, 41(10), 1900049. doi: 10.1002/bies.201900049.

- Khan, M. A., Pattnaik, D., Ashraf, R., Ali, I., Kumar, S., & Donthu, N. (2021). Value of Special Issues in the Journal of Business Research: A Bibliometric Analysis. *Journal of Business Research*, 125, 295-313. doi: 10.1016/j.jbusres.2020.12.015.
- Kieny, M., Lathe, R., Drillien, R., Spehner, D., Skory, S., Schmitt, D., Wiktor, T. J., Koprowski, H., & Lecocq, J. (1984). Expression of rabies virus glycoprotein from a recombinant vaccinia virus. *Nature*, 312(5990), 163-166. doi: 10.1038/312163a0.
- Kim, Y., Leopardi, S., Scaravelli, D., Zecchin, B., Priori, P., Festa, F., Drzewnioková, P., De Benedictis, P., & Nouvellet, P. (2023). Transmission dynamics of lyssavirus in *Myotis myotis*: mechanistic modelling study based on longitudinal seroprevalence data. *Proceedings of the Royal Society B*, 290(1997), 20230183. doi: 10.1098/rspb.2023.0183.
- Klimpel, S., & Mehlhorn, H. (2016). Bats (Chiroptera) as vectors of diseases and parasites. Klimpel S, Mehlhorn K, (eds), *En Parasitology research monographs*, Berlin; Heidelberg: Springer-Verlag, (pp. 25-131). doi: 10.1007/978-3-642-39333-4.
- Ksiazek, T. G., Erdman, D. D., Goldsmith, C. S., Zaki, S. R., Peret, T. C. T., Emery, S., Tong, S., Urbani, C. E., Comer, J. A., Lim, W., Rollin, P. E., Dowell, S. F., Ling, A., Humphrey, C. D., Shieh, W., Guarner, J., Paddock, C. D., Rota, P. A., Fields, B. S., DeRisi, J., Yang, J. Y., Cox, N., Hughes, J. M., LeDuc, J. W., Bellini, W. J., & Anderson, L. J. (2003). A novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine*, 348(20), 1953-1966. doi: 10.1056/nejmoa030781.
- Kuiken, T., Holmes, E. C., McCauley, J., Rimmelzwaan, G. F., Williams, C. S., & Grenfell, B. T. (2006). Host species barriers to influenza virus infections. *Science (New York, N.Y.)*, 312(5772), 394–397. doi: 10.1126/science.1122818.
- Kwok, S., Mack, D. H., Mullis, K. B., Poiesz, B., Ehrlich, G., Blair, D., Friedman-Kien, A., & Sninsky, J. J. (1987). Identification of human immunodeficiency virus sequences by using in vitro enzymatic amplification and oligomer cleavage detection. *Journal of virology*, 61(5), 1690-1694. doi: 10.1128/JVI.61.5.1690-1694.1987.
- Landry, M. L., & Ferguson, D. (2010). Cytospin-enhanced immunofluorescence and impact of sample quality on detection of novel swine origin (H1N1) influenza virus. *Journal of clinical microbiology*, 48(3), 957-959. doi: 10.1128/JCM.01678-09.
- Lee, Y. F., & McCracken, G. F. (2002). Foraging activity and food resource use of Brazilian free-tailed bats, *Tadarida brasiliensis* (Molossidae). *Ecoscience*, 9(3), 306-313.
- Letko, M., Seifert, S. N., Olival, K. J., Plowright, R. K., & Munster, V. J. (2020). Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. *Nature Reviews Microbiology*, 18(8), 461-471. doi: 10.1038/s41579-020-0394-z.
- Li, G., Zhang, Y., He, H.-L., Chen, C.-Y., Li, X., Xiao, Y., Yan, Z.-B., Chu, Y., Luo, J., & Guo, X.-F. (2023). Evolution and distribution of rabies viruses from a panorama view. *Microbiology Spectrum*, 11(5), e0525722. doi: 10.1128/spectrum.05257-22

- Li, L., Victoria, J. G., Wang, C., Jones, M., Fellers, G. M., Kunz, T. H., & Delwart, E. (2010). Bat guano virome: predominance of dietary viruses from insects and plants plus novel mammalian viruses. *Journal of Virology*, 84(14), 6955–6965. doi: 10.1128/JVI.00501-10
- Liang, J., Zhu, C., & Zhang, L. (2021). Cospeciation of coronavirus and paramyxovirus with their bat hosts in the same geographical areas. *BMC Ecology and Evolution*, 21(1), 148. doi: 10.1186/s12862-021-01878-7.
- Loh, E. H., Nava, A., Murray, K. A., Olival, K. J., Guimarães, M., Shimabukuro, J., Zambrana-Torrel, C., Fonseca, F. R., de Oliveira, D. B. L., Campos, A. C. A., Durigon, E. L., Ferreira, F., Struebig, M. J., & Daszak, P. (2022). Prevalence of bat viruses associated with land-use change in the Atlantic Forest, Brazil. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 12, 921950. doi: 10.3389/fcimb.2022.921950.
- Losos, J. B. (2008). Phylogenetic niche conservatism, phylogenetic signal and the relationship between phylogenetic relatedness and ecological similarity among species. *Ecology Letters*, 11(10), 995-1003. doi: 10.1111/j.1461-0248.2008.01229.x
- Luby, S. P. (2013). The pandemic potential of Nipah virus. *Antiviral Research*, 100(1), 38–43. doi: 10.1016/j.antiviral.2013.07.011
- MacFarlane, D., & Rocha, R. (2020). Guidelines for communicating about bats to prevent Persecution in the time of COVID-19. *Biological Conservation*, 248, 108650. doi: 10.1016/j.biocon.2020.108650.
- Marsaglia, G., Tsang, W. W., & Wang, J. (2003). Evaluating Kolmogorov's distribution. *Journal of statistical software*, 8, 1-4. doi: 10.18637/jss.v008.i18
- Martínez, N. (2022). La producción y el flujo del conocimiento en la carrera internacional por las vacunas de COVID-19. *Foro internacional*, 62(1), 47-101. doi: <https://doi.org/10.24201/fi.v62i1.2879>
- Massad, E., Coutinho, F. A. B., Burattini, M. N., Sallum, P. C., & López, L. F. (2001). A mixed Ectoparasite–Microparasite model for Bat-Transmitted rabies. *Theoretical Population Biology*, 60(4), 265-279. doi: 10.1006/tpbi.2000.1494.
- Maula, A. W., Fuad, A., & Utarini, A. (2018). Ten-years trend of dengue research in Indonesia and South-East Asian Countries: A bibliometric analysis. *Global Health Action*, 11(1), 1504398. doi: 10.1080/16549716.2018.1504398.
- Mayes, B., & Rupprecht, C. E. (2015). Direct fluorescent antibody test for rabies diagnosis. In *Current Laboratory Techniques in Rabies Diagnosis, Research and Prevention*, Volume 2 (pp. 83-92). Academic Press. doi: 10.1016/B978-0-12-801919-1.00008-7
- Mehlhorn, H., & Klimpel, S. (2014). Bats (Chiroptera) as Vectors of Diseases and Parasites: Facts and Myths. Springer Berlin Heidelberg (Eds.).
- Meslin, F. X., Kaplan, M. M., Koprowski, H., & World Health Organization. (1996). *Laboratory techniques in rabies*. 4th ed. World Health Organization. Disponible en: <https://iris.who.int/handle/10665/38286>
- Mickleburgh, S., Waylen, K., & Racey, P. (2009). Bats as bushmeat: a global review. *Oryx*, 43(2), 217-234. doi: 10.1017/S0030605308000938

- Morse, S. S., Mazet, J. A., Woolhouse, M., Parrish, C. R., Carroll, D., Karesh, W. B., Zambrana-Torrel, C., Lipkin, W. I., & Daszak, P. (2012). Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis. *The Lancet*, 380(9857), 1956-1965. doi: 10.1016/S0140-6736(12)61684-5.
- MSD Animal Health. (2021). Dr Charles E. Rupprecht. Disponible en: https://www.emergence-msd-animal-health.com/rabies_heroes/dr-charles-e-rupprecht/
- Münkemüller, T., Lavergne, S., Bzeznik, B., Dray, S., Jombart, T., Schiffrers, K., & Thuiller, W. (2012). How to measure and test phylogenetic signal. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(4), 743-756. doi: 10.1111/j.2041-210X.2012.00196.x
- Muñoz-Leal, S., Barbier, E., Soares, F., Bernard, E., Labruna, M. B., & Dantas-Torres, F. (2018). New records of ticks infesting bats in Brazil, with observations on the first nymphal stage of *Ornithodoros hasei*. *Experimental and Applied Acarology*, 76(4), 537-549. doi: 10.1007/s10493-018-0330-3.
- Murrell, D. J. (2018). A global envelope test to detect non-random bursts of trait evolution. *Methods in Ecology and Evolution*, 9(7), 1739-1748. doi: 10.1111/2041-210X.13006
- Naciones Unidas. (2024). [Internet]. Las muertes por COVID-19 sumarían 15 millones entre 2020 y 2021. Consultado el 28 de abril de 2024. Disponible en: <https://www.un.org/es/desa/las-muertes-por-covid-19-sumarían-15-millones-entre-2020-y-2021>
- Nault, L. R. (1997). Arthropod transmission of plant viruses: a new synthesis. *Annals of the entomological Society of America*, 90(5), 521-541. doi: 10.1093/aesa/90.5.521
- Nazmunna, Ahmed, I., Roknuzzaman, A. S. M., & Islam, M. R. (2023). The recent Nipah virus outbreak in Bangladesh could be a threat for global public health: A brief report. *Health Science Reports*, 6(7), e1423. doi: 10.1002/hsr2.1423.
- O'Brien, J., Mariani, C., Olson, L. E., Russell, A. L., Say, L., Yoder, A. D., & Hayden, T. J. (2009). Multiple colonisations of the Western Indian Ocean by *Pteropus* fruit bats (Megachiroptera: Pteropodidae): the furthest islands were colonised first. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 51(2), 294-303. doi: 10.1016/j.ympev.2009.02.010
- O'Shea, T. J., Cryan, P. M., Cunningham, A. A., Fooks, A. R., Hayman, D. T. S., Luis, A. D., Peel, A. J., Plowright, R. K., & Wood, J. (2014). Bat flight and zoonotic viruses. *Emerging Infectious Diseases*, 20(5), 741-745. doi: 10.3201/eid2005.130539
- Olivero, J., Fa, J. E., Farfán, M. Á., Márquez, A. L., Real, R., Juste, J., Leendertz, S. A. J., & Nasi, R. (2020). Human activities link fruit bat presence to Ebola virus disease outbreaks. *Mammal Review*, 50(1), 1-10. doi: 10.1111/mam.12173
- Organización Panamericana de la Salud (OPS). (1983). Plan de Acción para la Eliminación de la Rabia Urbana en las Principales Ciudades de América Latina
- Orugas, A., Pally, I., Ramos, A., & Gutiérrez, M. (2022). Murciélagos: Análisis de su problemática y alternativas de mitigación. *Revista Estudiantil Agro-Vet*, 6(2), 56-70. Disponible en: <https://agrovvet.umsa.bo/index.php/AGV/article/view/132>

- Paden, C. R., Yusof, M. F., Hammadi, Z. M. A., Queen, K., Tao, Y., Eltahir, Y. M., Elsayed, E. A., Marzoug, B. A., Bensalah, O. K., Khalafalla, A. I., Mulla, M. A., Khudhair, A., Elkheir, K. A., Issa, Z., Pradeep, K., El-Saleh, F., Imambaccus, H., Sasse, J., Weber, S., Shi, M., Zhang, J., Li, Y., Pham, H., Kim, L., Hall, A. J., Gerber, S. I., Al Hosani, F. I., Tong, S., & Muhairi, S. S. M. A. (2018). Zoonotic origin and transmission of Middle East Respiratory syndrome coronavirus in the UAE. *Zoonoses and Public Health*, 65(3), 322-333. doi: 10.1111/zph.12435.
- Paradis E, Schliep K (2019). "ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R." *Bioinformatics*, 35, 526-528. doi:10.1093/bioinformatics/bty633.
- Peiris, J. S. M., Yuen, K. Y., Osterhaus, A. D. M. E., & Stöhr, K. (2003). The severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine*, 349(25), 2431–2441. doi: 10.1056/nejmra032498.
- Pérez-Breña, P., Pozo, F., & Casas, I. (2006). Utilidad de las técnicas de diagnóstico virológico en las infecciones respiratorias en pediatría. *Anales de Pediatría Continuada*, 4(4), 228–232. [https://doi.org/10.1016/S1696-2818\(06\)73617-4](https://doi.org/10.1016/S1696-2818(06)73617-4)
- Peterson, A. T., Bauer, J. T., & Mills, J. N. (2004). Ecologic and geographic distribution of filovirus disease. *Emerging Infectious Diseases*, 10(1), 40–47. doi: 10.3201/eid1001.030125.
- Plowright, R. K., Peel, A. J., Streicker, D. G., Gilbert, A. T., McCallum, H., Wood, J., Baker, M. L., & Restif, O. (2016). Transmission or within-host dynamics driving pulses of zoonotic viruses in reservoir–host populations. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(8), e0004796. doi: 10.1371/journal.pntd.0004796
- Plyusnin, A., & Morzunov, S. P. (2001). Virus evolution and genetic diversity of hantaviruses and their rodent hosts. En *Springer eBooks* (pp. 47-75). doi: 10.1007/978-3-642-56753-7_4.
- Portillo, C. M., & Cruz, J. (2000). Implementación del método rápido de diagnóstico de virus por inmunofluorescencia en niños hospitalizados por infecciones respiratorias agudas. *Revista chilena de pediatría*, 71(1), 72-77. doi: 10.4067/S0370-41062000000100016
- Pringle, F. M., Johnson, K. N., Goodman, C. L., McIntosh, A. H., & Ball, L. A. (2003). Providence virus: a new member of the Tetraviridae that infects cultured insect cells. *Virology*, 306(2), 359-370. doi: 10.1016/s0042-6822(02)00052-1.
- Pritchard, A. E. (1969). Statistical bibliography or bibliometrics. *Journal of Documentation*, 25, 348. <http://ci.nii.ac.jp/naid/10016754266>.
- Pybus, O. G., & Harvey, P. H. (2000). Testing macro-evolutionary models using incomplete molecular phylogenies. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 267(1459), 2267-2272. doi: 10.1098/rspb.2000.1278.
- R Core Team. (2021). R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.
- Ram, Shri & Kataria, Sanjay & Anbu, John. (2015). Bibliometric Study of the Literature on Ebola Virus Research. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 2020, 476567. doi: 10.1016/j.tmaid.2015.02.007

- Ramanantsalama, R. V., Andrianarimisa, A., Raselimanana, A. P., & Goodman, S. M. (2018). Rates of hematophagous ectoparasite consumption during grooming by an endemic Madagascar fruit bat. *Parasites & Vectors*, 11, 1-8. doi: 10.1186/s13071-018-2918-1.
- Rebollar, A. M., & Francisco, W. C. (2015). Correlación entre actividades de interacción social registradas con nuevas tecnologías y el grado de aislamiento social en los adultos mayores. *Revista mexicana de ingeniería biomédica*, 36(3), 181-190. doi: 10.17488/RMIB.36.3.4
- Reguera, J., Mudgal, G., Santiago, C., & Casasnovas, J. M. (2014). A structural view of coronavirus–receptor interactions. *Virus research*, 194, 3-15. doi: 10.1016/j.virusres.2014.10.005.
- Revell, L. J. (2012). Phytools: an R package for phylogenetic comparative biology (and other things). *Methods in Ecology and Evolution*, 3(2), 217-223. doi: 10.1111/j.2041-210x.2011.00169.x.
- Rosling, L., & Rosling, M. (2003). Pneumonia causes panic in Guangdong province. *BMJ*, 326(7386), 416. doi: 10.1136/bmj.326.7386.416.
- Rossoni, D. M., Assis, A. P. A., Giannini, N. P., & Marroig, G. (2017). Intense natural selection preceded the invasion of new adaptive zones during the radiation of New World leaf-nosed bats. *Scientific Reports*, 7(1), 11076. doi: 10.1038/s41598-017-08989-6.
- Rousseau, D. M. (2012). *The Oxford Handbook of Evidence-Based Management*. En Oxford University Press eBooks. doi: 10.1093/oxfordhb/9780199763986.001.0001.
- Roy Rosenzweig Center for History and New Media. (2016) Zotero [Computer software]. Retrieved from www.zotero.org/download
- Roychowdhury, K., Bhanja, R., & Biswas, S. (2022). Mapping the research landscape of Covid-19 from social sciences perspective: a bibliometric analysis. *Scientometrics*, 127(8), 4547-4568. doi: 10.1007/s11192-022-04447-x.
- Rubio, A. V., Ávila-Flores, R., & Suzán, G. (2014). Responses of small mammals to habitat fragmentation: epidemiological considerations for rodent-borne hantaviruses in the Americas. *EcoHealth*, 11, 526-533. doi: 10.1007/s10393-014-0944-9.
- Ruiz-Aravena, M., McKee, C., Gamble, A., Lunn, T. J., Morris, A., Snedden, C. E., Yinda, C. K., Port, J. R., Buchholz, D. W., Yeo, Y. Y., Faust, C. L., Jax, E., Dee, L., Jones, D. N., Kessler, M. K., Falvo, C. A., Crowley, D., Bharti, N., Brook, C. E., Aguilar, H. C., Peel, A. J., Restif, O., Schountz, T., Parrish, C. R., Gurley, E. S., Lloyd-Smith, J. O., Hudson, P. J., Munster, V. J., & Plowright, R. K. (2022). Ecology, evolution and spillover of coronaviruses from bats. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 299-314. doi: 10.1038/s41579-021-00652-2.
- Rupprecht, C. E., Turmelle, A. S., & Kuzmin, I. V. (2011). A perspective on lyssavirus emergence and perpetuation. *Current Opinion in Virology*, 1(6), 662-670. doi: 10.1016/j.coviro.2011.10.014.

- Sachithanantham, S., & Raja, S. (2015). Scientometric Analysis of Rabies Research literature in India: 1950–2014. *Scientometrics*, 105(1), 567-575. doi: 10.1007/s11192-015-1694-3.
- Safahieh, H., Sanni, S. A., Zainab, A., Abrizah, A., & Raj, R. G. (2013). Evaluating the growth pattern and relative performance in Nipah virus research from 1999 to 2010. *Malaysian Journal of Library & Information Science*, 18(2), 14-24. Disponible en: <http://mjs.um.edu.my/index.php/MJLIS/article/view/1865>.
- Saiki, R. K., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K. B., Horn, G. T., Erlich, H. A., & Arnheim, N. (1985). Enzymatic amplification of β -globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science*, 230(4732), 1350-1354. doi: 10.1126/science.2999980.
- Sánchez, M. D. P., Díaz Sanchez, O. A., Sanmiguel, R. A., Ramirez, A. A., & Escobar, L. (2019). Rabia en las Américas, varios desafíos y «Una Sola Salud: artículo de revisión. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 30(4), 1361-1381. doi: 10.15381/rivep.v30i4.17149.
- Sanni, S. A., Safahieh, H., Zainab, A., Abrizah, A., & Raj, R. G. (2013). Evaluating the growth pattern and relative performance in Nipah virus research from 1999 to 2010. *Malaysian Journal of Library & Information Science*, 18(2), 14-24. Disponible en: <http://mjs.um.edu.my/index.php/MJLIS/article/view/1865>.
- Saratxaga, E. A., & Esquerdo, M. R. P. (2018). Conocimientos básicos sobre enfermedades víricas emergentes: apuntes para atención primaria (parte 2). *Fmc*, 25(2), 72. doi: 10.1016/j.fmc.2017.06.006.
- Schneegans, S., Lewis, J., & Straza, T. (2021). The race against time for smarter development. *UNESCO Science Report: The race against time for smarter development*, Paris: UNESCO, 30-78.
- Schneider, M. C., & Santos, C. (1995). Algunas consideraciones sobre la rabia humana transmitida por murciélago. *Salud Pública de México*, 37(4), 354-362. Disponible en: <https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/17296/v86n6p495.pdf?sequence=1&isAllowed=y#:~:text=La%20enfermedad%20curs%C3%B3%20forma%20paral%C3%ADtica,animales%20como%20en%20las%20personas.&text=La%20rabia%20transmitida%20por%20murci%C3%A9lagos%20representa%20un%20riesgo%20de%20salud,y%20transmisores%20de%20la%20rabia>.
- Schuh, A. J., Amman, B. R., Jones, M. E. B., Sealy, T. K., Uebelhoer, L. S., Spengler, J. R., Martin, B. E., Coleman-McCray, J. A. D., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2017). Modelling filovirus maintenance in nature by experimental transmission of Marburg virus between Egyptian rousette bats. *Nature Communications*, 8(1), 14446. doi: 10.1038/ncomms14446
- SCImago, (nd). SJR — SCImago Journal & Country Rank [Portal]. Recuperado el 10 de Octubre de 2024 de <http://www.scimagojr.com>
- Sélem-Salas, C. I. (2020). Los murciélagos como “chivo expiatorio” de la pandemia COVID-19. *Bioagrociencias*, 13(2), 90-97. doi:10.56369/BAC.3590

- Serra-Cobo, J., & Lopez-Roig, M. (2017). Bats and emerging infections: an ecological and virological puzzle. *Emerging and Re-emerging Viral Infections: Advances in Microbiology, Infectious Diseases and Public Health*, 6, 35-48. doi: 10.1007/5584_2016_131
- Shang, J., Ye, G., Shi, K., Wan, Y., Luo, C., Aihara, H., Geng, Q., Auerbach, A., & Li, F. (2020). Structural basis of receptor recognition by SARS-COV-2. *Nature*, 581(7807), 221-224. doi: /10.1038/s41586-020-2179-y
- Shipley, R., Wright, E., Selden, D., Wu, G., Aegerter, J., Fooks, A. R., & Banyard, A. C. (2019). Bats and viruses: Emergence of novel lyssaviruses and association of bats with viral zoonoses in the EU. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 4(1), 31. doi: 10.3390/tropicalmed4010031.
- Simmons, N.B. & A.L. Cirranello. (2024). Bat Species of the World: A taxonomic and geographic database. Version 1.5. [Base de datos]. <https://batnames.org/>
- Slater, G. J. (2015). Not-so-early bursts and the dynamic nature of morphological diversification. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(12), 3595-3596. doi: 10.1073/pnas.1502204112
- Smith, J. S., Orciari, L. A., & Yager, P. A. (1995). Molecular Epidemiology of rabies in the United States. *Seminars in Virology*, 6(6), 387-400. doi: 10.1016/s1044-5773(05)80016-2
- Speare, R., Skerratt, L., Foster, R., Berger, L., Hooper, P., Lunt, R., Blair, D., Hansman, D., Goulet, M., & Cooper, S. (1997). Australian bat lyssavirus infection in three fruit bats from north Queensland. *Communicable diseases intelligence*, 21(9), 117-119. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9145563/>
- Springer, M. S., Teeling, E. C., Madsen, O., Stanhope, M. J., & de Jong, W. W. (2001). Integrated fossil and molecular data reconstruct bat echolocation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(11), 6241-6246. doi: 10.1073/pnas.111551998.
- Statista Search Department. (2022). 30 países más grandes del mundo por superficie total en 2024 (en kilómetros cuadrados) <https://es.statista.com/estadisticas/635141/paises-mas-grandes-del-mundo/>
- Statista Search Department. (2023). Número de personas fallecidas a causa del coronavirus en el mundo a fecha de 8 de agosto de 2023, por país [Infografía]. Statista. <https://es.statista.com/estadisticas/1095779/numero-de-muertes-causadas-por-el-coronavirus-de-wuhan-por-pais/>
- Sterner, R. T., & Sun, B. (2004). Relative factor costs of wildlife rabies impacts in the U.S. *Proceedings of the Vertebrate Pest Conference*, 21(21), 185-189. Disponible en: <https://escholarship.org/content/qt8pm7r417/qt8pm7r417.pdf?t=ptavwo>
- Swanepoel, H., Crafford, J. E., & Quan, M. (2021). A scoping review of viral diseases in African ungulates. *Veterinary Sciences*, 8(2), 17. doi: 10.3390/vetsci8020017
- Tapia, L. I. (2015). Laboratorio de virología en la práctica clínica. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 26(6), 744-752. doi: 10.1016/j.rmcl.2015.11.003
- Taylor, M. (2019). *Bats: An illustrated guide to all species*. 1era edición. Ivy Press. 400 pp.

- Teeling, E. C., Springer, M. S., Madsen, O., Bates, P., O'Brien, S. J., & Murphy, W. J. (2005). A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science*, 307(5709), 580-584. doi: 10.1126/science.1105113.
- Tendu, A., Hughes, A. C., Berthet, N., & Wong, G. (2022). Viral hyperparasitism in bat ectoparasites: Implications for pathogen maintenance and transmission. *Microorganisms*, 10(6), 1230. doi: 10.3390/microorganisms10061230.
- Torrance, L., & Jones, R. A. C. (1981). Recent developments in serological methods suited for use in routine testing for plant viruses. *Plant Pathology*, 30(1), 1-24. doi: 10.1111/j.1365-3059.1981.tb01218.x.
- Towner, J. S., Khristova, M. L., Sealy, T. K., Vincent, M. J., Erickson, B. R., Bawiec, D. A., Hartman, A. L., Comer, J. A., Zaki, S. R., Ströher, U., Gomes da Silva, F., del Castillo, F., Rollin, P. E., Ksiazek, T. G., & Nichol, S. T. (2006). Marburgvirus genomics and association with a large hemorrhagic fever outbreak in Angola. *Journal of Virology*, 80(13), 6497–6516. doi: 10.1128/JVI.00069-06.
- Tu, C., Cramer, G., Kong, X., Chen, J., Sun, Y., Yu, M., Xiang, H., Xia, X., Liu, S., Ren, T., Yu, Y., Eaton, B. T., Huang, X., & Wang, L. (2004). Antibodies to SARS Coronavirus in Civets. *Emerging Infectious Diseases*, 10(12), 2244-2248. doi: 10.3201/eid1012.040520.
- Tumelty, L., Fa, J. E., Coad, L., Friant, S., Mbane, J., Kamogne, C. T., Tata, C. Y., & Ickowitz, A. (2023). A systematic mapping review of links between handling wild meat and zoonotic diseases. *One Health*, 17, 100637. doi: 10.1016/j.onehlt.2023.100637.
- Turmelle, Amy S., and Kevin J. Olival. "Correlates of viral richness in bats (order Chiroptera)." *EcoHealth*, 6,(2009), 522-539. doi: 10.1007/s10393-009-0263-8.
- Uppal, P. K. (2000). Emergence of Nipah virus in Malaysia. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 916(1), 354–357. doi: 10.1111/j.1749-6632.2000.tb05312.x
- Van Brussel, K., & Holmes, E. C. (2022). Zoonotic disease and virome diversity in bats. *Current Opinion in Virology*, 52, 192-202. doi: 10.1016/j.coviro.2021.12.008.
- Van Eck, N., & Waltman, L. (2010). Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. *Scientometrics*, 84(2), 523-538. doi: 10.1007/s11192-009-0146-3.
- Vargas, V. M. (1984). Occurrence of the bat tick *Ornithodoros (Alectorobius) Kelleyi* Cooley & Kohls (Acari: Argasidae) in Costa Rica and its relation to human bites. *PubMed*, 32(1), 103-107. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6535178>.
- Vijaykrishna, D., Smith, G. J. D., Zhang, J. X., Peiris, M., Chen, H., & Guan, Y. (2007). Evolutionary insights into the ecology of coronaviruses. *Journal of Virology*, 81(8), 4012-4020. doi: 10.1128/jvi.02605-06.
- Walker, P. J., Freitas-Astúa, J., Bejerman, N., Blasdel, K. R., Breyta, R., Dietzgen, R. G., Fooks, A. R., Kondo, H., Kurath, G., Kuzmin, I. V., Ramos-González, P. L., Shi, M., Stone, D. M., Tesh, R. B., Tordo, N., Vasilakis, N., Whitfield, A. E., & ICTV Report Consortium. (2022). ICTV virus taxonomy profile: Rhabdoviridae 2022. *Journal of General Virology*, 103(6), 001689. doi: 10.1099/jgv.0.001689.

- Wang, L. F., Mackenzie, J. S., & Eaton, B. T. (2008). Disease outbreaks caused by emerging paramyxoviruses of bat origin. *Emerging infections in Asia*, 193-208. doi: 10.1007/978-0-387-75722-3_12.
- Wang, Z., Huang, G., Huang, M., Dai, Q., Hu, Y., Zhou, J., & Wei, F. (2023). Global patterns of phylogenetic diversity and transmission of bat coronavirus. *Science China Life sciences*, 66(4), 861-874. doi: 10.1007/s11427-022-2221-5.
- Wasik, B. R., de Wit, E., Munster, V., Lloyd-Smith, J. O., Martinez-Sobrido, L., & Parrish, C. R. (2019). Onward transmission of viruses: how do viruses emerge to cause epidemics after spillover?. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 374(1782), 20190017. doi: 10.1098/rstb.2019.0017.
- Weinberg, M., & Yovel, Y. (2022). Revising the paradigm: are bats really pathogen reservoirs or do they possess an efficient immune system? *iScience*, 25(8), 104782. doi: 10.1016/j.isci.2022.104782.
- Weiss, S., Nowak, K., Fahr, J., Wibbelt, G., Mombouli, J. V., Parra, H. J., Wolfe, N. D., Schneider, B. S., & Leendertz, F. H. (2012). Henipavirus-related sequences in fruit bat bushmeat, Republic of Congo. *Emerging infectious diseases*, 18(9), 1536. doi: 10.3201/eid1809.111607.
- Welch, J., & Beaulieu, J. M. (2018). Predicting extinction risk for data deficient Bats. *Diversity*, 10(3), 63. doi: 10.3390/d10030063.
- WHO. (2024). MERS situation update, May 2024. Disponible en: <https://www.emro.who.int/health-topics/mers-cov/mers-outbreaks.html>
<https://es.statista.com/estadisticas/635141/paises-mas-grandes-del-mundo/>
- Wuhan Municipal Health Commission. (2019). Report of clustering pneumonia of unknown etiology in Wuhan City. Disponible en <http://wjw.wuhan.gov.cn/front/web/showDetail/2019123108989>
- Xu, X., Chen, P., Wang, J., Feng, J., Zhou, H., Li, X., Zhong, W., & Hao, P. (2020). Evolution of the novel coronavirus from the ongoing Wuhan outbreak and modeling of its spike protein for risk of human transmission. *Science China-life Sciences*, 63(3), 457-460. doi: 10.1007/s11427-020-1637-5.
- Yates, T. L., Mills, J. N., Parmenter, C. A., Ksiazek, T. G., Parmenter, R. R., Vande Castle, J. R., Calisher, C. H., Nichol, S. T., Abbott, K. D., Young, J. C., Morrison, M. L., Beaty, B. J., Dunnum, J. L., Baker, R. J., Salazar-Bravo, J., & Peters, C. J. (2002). The ecology and evolutionary history of an emergent disease: hantavirus pulmonary syndrome. *Bioscience*, 52(11), 989-998. doi: 10.1641/0006-3568(2002)052[0989:TEAEHO]2.0.CO;2
- Zhai, F., Zhai, Y., Cong, C., Song, T., Xiang, R., Feng, T., Liang, Z., Zeng, Y., Yang, J., Yang, J., & Liang, J. (2020). Research progress of coronavirus based on bibliometric analysis. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(11), 3766. doi: 10.3390/ijerph17113766.
- Zhou, H., Ji, J., Chen, X., Bi, Y., Li, J., Wang, Q., Hu, T., Song, H., Zhao, R., Chen, Y., Cui, M., Zhang, Y., Hughes, A. C., Holmes, E. C., & Shi, W. (2021). Identification

of novel bat coronaviruses sheds light on the evolutionary origins of SARS-CoV-2 and related viruses. *Cell*, 184(17), 4380-4391. doi: 10.1016/j.cell.2021.06.008.

- Zhou, P., Yang, X., Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Hao, R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C., Chen, H. D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R., Liu, M. Q., Chen, Y., Shen, X., Wang, X., Zheng, X. S., Zhao, K., Chen, Q. J., Deng, F., Liu, L. L., Yan, B., Zhan, F. X., Wang, Y. Y., Xiao, G. F., & Shi, Z. L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270-273. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7.
- Zhu, J., & Liu, W. (2020). A tale of two databases: the use of Web of Science and Scopus in academic papers. *Scientometrics*, 123(1), 321-335. doi: 10.1007/s11192-020-03387-8.
- Zhu, N., Zhang, D., Wang, W., Li, X., Yang, B., Song, J., Zhao, X., Huang, B., Shi, W., Lu, R., Niu, P., Zhan, F., Ma, X., Wang, D., Xu, W., Wu, G., Gao, G. F., & Tan, W. (2020). A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *The New England Journal of Medicine*, 382(8), 727-733. doi: 10.1056/nejmoa2001017.
- Zupic, I., & Cater, T. (2015). Bibliometric methods in management and organization. *Organizational Research Methods*, 18(3), 429-472. doi: 10.1177/1094428114562629.
- Zyoud, S. H. (2016). Dengue Research: A bibliometric analysis of worldwide and Arab publications during 1872–2015. *Virology Journal*, 13, 78. doi: 10.1186/s12985-016-0534-2.

11.ANEXO 1

Cuadro 14: Señal filogenética y modelos evolutivos con mejor ajuste de acuerdo con el criterio de Akaike para cada familia viral.

Familia	Modelo	AIC	Log-lh	Lamba (λ)
Adenoviridae	ARD	288.9207	-142.460355	0.487991
Anelloviridae	ARD	17.79175	-6.845873	0
Arenaviridae	ARD	73.29629	-34.648143	0.659763
Asfarviridae	SYM y ER	35.4713	-16.736064	1
Astroviridae	ARD	327.1751	-161.587527	0.733908
Bornaviridae	ARD	88.18969	-42.094844	0
Bunyaviridae	ARD	38.53049	-17.280243	0.456323
Caliciviridae	ARD	73.1822	-34.5911	0
Carmotetraviridae	SYM y ER	16.67282	-6.3372	1
Circoviridae	ARD	196.3088	-96.154394	0.397019
Coronaviridae	ARD	502.4307	-249.215356	0.642047
Filoviridae	ARD	375.6504	-185.825181	0.309514
Flaviviridae	ARD	450.0745	-223.037234	0.473792
Hantaviridae	ARD	234.6005	-115.300271	0.953684
Hepadnaviridae	ARD	147.3184	-71.659186	0.672194
Hepeviridae	ARD	115.3399	-55.669941	0.394815
Herpesviridae	ARD	327.2369	-161.618451	0.494111
Kolmioviridae	ARD	38.76022	-17.380112	0
Nairoviridae	ARD	186.8431	-88.421572	0
Nodaviridae	SYM y ER	37.02938	-17.514689	0.641883
Orthomyxoviridae	ARD	306.7066	-151.353278	0
Papillomaviridae	ARD	116.3375	-56.16846	0.249277
Paramyxoviridae	ARD	404.4334	-200.216724	0.833491
Parvoviridae	ARD	181.1747	-88.587342	0.549866
Peribunyaviridae	ARD	73.2962	-34.648143	0.317826
Phenuiviridae	ARD	148.0828	-72.041419	0.146657
Picornaviridae	ARD	229.9117	-112.955843	0.405904
Pneumoviridae	ARD	38.81269	-17.406343	0
Polyomaviridae	ARD	234.8343	-115.417159	0
Poxviridae	ARD	109.7647	-52.88237	0.409591
Reoviridae	ARD	299.9117	-147.759437	0
Retroviridae	ARD	230.3246	-113.16229	0.067436
Rhabdoviridae	SYM y ER	464.0287	-231.014356	0.85147
Togaviridae	ARD	268.8893	-132.444651	0.454359

Cuadro 15: Lista de las especies de murciélagos hospederos de virus. Se marca con una “x” la presencia de la familia viral en las especies de murciélagos.

[illegible]

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Rhinolophidae	<i>Rhinolophus landeri</i>	X	X		X		X							X	X																				
	<i>Rhinolophus lepidus</i>													X	X	X									X										
	<i>Rhinolophus luctus</i>									X			X																						
	<i>Rhinolophus macrotis</i>	X														X																			
	<i>Rhinolophus malayanus</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus marshali</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus megaphylla</i>	X				X																													
	<i>Rhinolophus mehelyi</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus monoceros</i>	X						X																											
	<i>Rhinolophus pearsonii</i>	X		X	X	X							X		X	X				X							X								
	<i>Rhinolophus pusillus</i>	X	X				X		X	X		X			X	X	X		X																
	<i>Rhinolophus rex</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus rhodesiae</i>	X					X																												
	<i>Rhinolophus rouxii</i>								X							X																			
	<i>Rhinolophus rufus</i>	X			X																														
	<i>Rhinolophus sedulus</i>															X																			
	<i>Rhinolophus shameli</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus siamensis</i>									X																									

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Rhinolophidae	<i>Rhinolophus simulator</i>		X	X								X																							
	<i>Rhinolophus sinicus</i>	X	X	X		X	X	X	X			X	X		X	X		X																	
	<i>Rhinolophus smithersi</i>		X																																
	<i>Rhinolophus stheno</i>	X																																	
	<i>Rhinolophus swinnyi</i>		X																																
	<i>Rhinolophus thomasi</i>	X		X	X			X																											
	<i>Rhinolophus trifoliatius</i>	X																																	
Hipposideridae	<i>Hipposideros abae</i>	X			X		X											X									X								
	<i>Hipposideros armiger</i>	X	X		X	X	X	X	X			X	X	X	X	X																			
	<i>Hipposideros ater</i>	X																																	
	<i>Hipposideros bicolor</i>	X							X																										
	<i>Hipposideros caffer</i>	X	X		X		X					X	X		X												X	X							
	<i>Hipposideros cervinus</i>	X																																	
	<i>Hipposideros cineraceus</i>	X					X	X	X																										
	<i>Hipposideros commersoni</i>	X	X	X	X										X																				
	<i>Hipposideros curtus</i>	X																																	
	<i>Hipposideros cyclops</i>				X		X										X																		

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyaviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Hipposideridae	<i>Hipposideros diadema</i>	X			X																X				X										
	<i>Hipposideros fuliginosus</i>	X																																	
	<i>Hipposideros galeritus</i>	X				X																													
	<i>Hipposideros jonesi</i>				X																														
	<i>Hipposideros lankadiva</i>								X																										
	<i>Hipposideros larvatus</i>	X																																	
	<i>Hipposideros lekagulo</i>	X																																	
	<i>Hipposideros pratti</i>	X										X				X																			
	<i>Hipposideros ruber</i>	X			X	X	X	X					X				X	X									X								
	<i>Hipposideros speoris</i>								X																										
	<i>Hipposideros turpis</i>				X																														
	<i>Aselliscus stoliczkanus</i>	X						X				X																							
Noctilionidae	<i>Noctilio albiventris</i>		X																																
	<i>Noctilio leporinus</i>	X	X		X																						X								

		Espece	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyaviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
	Rhinopomatidae	<i>Rhinopoma hardwickii</i>	X					X							X																					
	Rhinonycteridae	<i>Trienops afer</i>	X													X																				
		<i>Trienops menamena</i>	X	X				X								X																				
		<i>Trienops persicus</i>	X																			X														
		<i>Paratrienops furculus</i>						X								X																				
		<i>Rhinonycteris aurantia</i>	X																																	
	Mystacinidae	<i>Mystacina tuberculata</i>	X																						X											
	Nycteridae	<i>Nycteris gambiensis</i>	X	X						X																										
		<i>Nycteris hispida</i>				X			X																											
		<i>Nycteris macrotis</i>	X							X																										
		<i>Nycteris nana</i>											X																							
		<i>Nycteris thebaica</i>	X	X												X																				

		Espece	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Natalidae	<i>Natalus lanatus</i>														X																					
	<i>Natalus mexicanus</i>									X																										
	<i>Natalus stramineus</i>									X																										
Megadermatidae	<i>Macroderma gigas</i>	X	X																																	
	<i>Cardiaderma afra</i>							X								X																				
	<i>Cardiaderma cor</i>	X		X				X																												
	<i>Megaderma lyra</i>	X			X	X				X						X								X												
Miniopteridae	<i>Miniopterus africanus</i>	X	X	X																																
	<i>Miniopterus fuliginosus</i>	X		X	X			X		X				X	X	X	X	X		X		X														
	<i>Miniopterus griveaudi</i>	X						X								X																				
	<i>Miniopterus inflatus</i>	X			X			X								X									X											
	<i>Miniopterus magnater</i>	X														X																				
	<i>Miniopterus minor</i>	X			X			X								X																				
	<i>Miniopterus natalensis</i>	X	X		X	X		X		X																										
	<i>Miniopterus pusillus</i>	X													X	X	X									X										
	<i>Miniopterus schreibersii</i>	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X		X	X	X	X	X	X	X	X		X		X	X			X			X	X		X		

		Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
	Miniopteridae	<i>Miniopterus sororculus</i>					X									X																				
	Mormoopidae	<i>Mormoops megalophylla</i>	X				X																													
		<i>Mormoops blainvelli</i>	X																																	
		<i>Pteronotus alitus</i>					X														X															
		<i>Pteronotus davyi</i>	X	X	X					X																										
		<i>Pteronotus parnellii</i>	X	X		X	X	X		X														X												
		<i>Pteronotus personatus</i>	X																																	
		<i>Pteronotus rubiginosus</i>		X																		X														
	Emballonuridae	<i>Balantiopteryx plicata</i>								X																										
		<i>Coleura afra</i>				X		X		X					X	X										X										
		<i>Coleura kibomalandy</i>						X																												
		<i>Emballonura monticola</i>								X																										
		<i>Saccolaimus flaviventris</i>	X																																	
		<i>Saccolaimus peli</i>				X																														
		<i>Peropteryx macrotis</i>																											X							

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Emballonuridae	<i>Peropteryx leucoptera</i>								X																		X								
	<i>Taphozous melanopogon</i>	X	X	X		X	X	X				X													X										
	<i>Taphozous perforatus</i>	X							X																		X								
	<i>Diclidurus albus</i>	X																																	
Molossidae	<i>Tadarida aegyptiaca</i>		X																			X													
	<i>Tadarida brasiliensis</i>	X	X	X	X	X	X		X	X		X			X		X		X		X			X			X		X		X				
	<i>Tadarida condylur</i>				X				X																										
	<i>Tadarida macrotis</i>		X																						X										
	<i>Tadarida plicata</i>		X																																
	<i>Tadarida pumila</i>				X																														
	<i>Tadarida teniotis</i>	X	X									X									X						X								
	<i>Chaerephon aloysiisabaudiae</i>											X																							
	<i>Chaerephon ansorgei</i>		X		X																														

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae		
Molossidae	<i>Chaerephon jobensis</i>	X																																			
	<i>Chaerephon leucogaster</i>						X								X																						
	<i>Chaerephon major</i>				X																																
	<i>Chaerephon nigeriae</i>						X																														
	<i>Chaerephon plicata</i>	X																		X				X													
	<i>Chaerephon pumila</i>	X	X		X				X						X		X											X									
	<i>Chaerephon pusillus</i>	X	X																																		
	<i>Mops condylurus</i>	X	X		X	X	X		X		X				X		X							X													
	<i>Mops congicus</i>				X																																
	<i>Mops leucostigma</i>		X				X								X																						
	<i>Mops midas</i>	X	X				X								X																						
	<i>Mops nanulus</i>				X																																
	<i>Mops niveiventer</i>				X																																
	<i>Mops thersites</i>				X																																
	<i>Eumops auripendulus</i>		X																																		
	<i>Eumops bonariensis</i>		X																																		
	<i>Eumops glaucinus</i>	X	X						X			X																	X								
	<i>Eumops maurus</i>								X																												

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyaviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Molossidae	<i>Eumops patagonicus</i>		X																																
	<i>Eumops perotis</i>		X						X																					X					
	<i>Molossus ater</i>		X						X																										
	<i>Molossus bornesi</i>		X																																
	<i>Molossus coibensis</i>		X	X						X											X			X											
	<i>Molossus currentium</i>	X	X																																
	<i>Molossus major</i>								X																										
	<i>Molossus molossus</i>	X	X	X		X			X		X			X	X	X	X		X	X			X	X			X	X	X		X	X			
	<i>Molossus pretiosus</i>								X																										
	<i>Molossus rufus</i>	X	X						X			X									X							X		X					
	<i>Molossus sinaloae</i>		X						X																										
	<i>Otomops madagascariensis</i>		X				X																												
	<i>Otomops martiensseni</i>	X		X	X		X		X							X																			
	<i>Sauromys petrophilus</i>		X																																
	<i>Cynomops abrasus</i>	X	X																																
	<i>Cynomops planirostris</i>	X	X								X																								
	<i>Molossops neglectus</i>		X																																
	<i>Molossops temiminckii</i>								X												X	X						X							

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae	
Molossidae	<i>Mormopterus acetabulosus</i>						X																													
	<i>Mormopterus francoismoutini</i>	X					X								X																					
	<i>Mormopterus jugularis</i>	X	X				X																													
	<i>Myopterus whitleyi</i>				X																															
	<i>Promops macrotis</i>		X																																	
	<i>Nyctinomops femorosaccus</i>		X																																	
	<i>Nyctinomops laticaudatus</i>	X	X																																	
	<i>Nyctinomops macrotis</i>		X						X																											
Phyllostomidae	<i>Artibeus cinereus</i>								X																											
	<i>Artibeus concolor</i>		X						X																											
	<i>Artibeus fimbriatus</i>		X																																	
	<i>Artibeus intermedius</i>		X				X		X																			X								
	<i>Artibeus jamaicensis</i>	X	X		X		X		X						X	X	X		X									X								
	<i>Artibeus lituratus</i>	X	X		X	X	X	X	X			X					X		X	X					X			X							X	
	<i>Artibeus obscurus</i>	X	X				X	X											X																	
	<i>Artibeus planirostris</i>	X	X	X	X		X	X	X										X					X				X							X	
	<i>Artibeus turpis</i>																											X								
	<i>Desmodus rotundus</i>	X	X	X	X	X	X	X	X	X		X		X	X	X	X	X	X	X		X			X			X	X	X	X	X				X

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae	
Phyllostomidae	<i>Diaemus youngi</i>	X									X										X															
	<i>Diphylla ecaudata</i>	X					X	X											X		X							X		X						
	<i>Macritus californicus</i>	X																																		
	<i>Macrotus waterhousii</i>	X																																		
	<i>Anoura caudifer</i>	X	X					X																					X							
	<i>Anoura geoffroyi</i>	X	X						X											X	X							X								
	<i>Sturnira angeli</i>																				X															
	<i>Sturnira erythronos</i>	X																																		
	<i>Sturnira hondurensis</i>	X																																		
	<i>Sturnira lilium</i>								X										X									X								
	<i>Sturnira ludovici</i>								X																			X								
	<i>Sturnira parvidens</i>								X																			X								
	<i>Sturnira tildae</i>		X																		X															
	<i>Trachops cirrhosus</i>	X	X					X	X																				X							
	<i>Phyllostomus discolor</i>	X	X							X									X										X							
	<i>Phyllostomus elongatus</i>		X				X																													
	<i>Phyllostomus hastatus</i>		X					X	X										X	X									X							
	<i>Macronycteris vittatus</i>		X																																	

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyaviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carnotetraviridae	Arenaviridae
	<i>Glossophaga commissarisi</i>						X		X																										
Phyllostomidae	<i>Glossophaga morenoi</i>		X				X																												
	<i>Glossophaga soricina</i>	X	X	X			X		X			X							X									X							
	<i>Vampyrum spectrum</i>	X																																	
	<i>Lonchorhina aurita</i>	X	X																																
	<i>Mimon koepckeae</i>								X																										
	<i>Uroderma bilobatum</i>		X						X			X	X					X										X							
	<i>Uroderma magnirostrum</i>		X																																
	<i>Uroderma convexum</i>								X																										
	<i>Vampyrops helleri</i>																											X							
	<i>Dermanura gnoma</i>						X	X																											
	<i>Dermanura phaeotis</i>	X	X				X		X																			X							
	<i>Dermanura tolteca</i>		X						X																										
	<i>Dermanura watsoni</i>								X																										
	<i>Brachyphylla cavernarum</i>		X																																
	<i>Rhinophylla pumillo</i>		X				X												X																
	<i>Rhinophylla fischeriae</i>		X																																
	<i>Lophostoma brasiliense</i>		X																																

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyanviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Phyllostomidae	<i>Lophostoma silvicola</i>		X																																
	<i>Carollia brevicauda</i>	X	X				X		X										X																
	<i>Craollia castanea</i>	X																	X									X							
	<i>Carollia perspicillata</i>	X	X	X	X	X	X	X	X			X							X									X	X			X			X
	<i>Carollia sowelli</i>	X						X	X																			X							
	<i>Carollia subrufa</i>		X					X																											
	<i>Micronycteris hirsuta</i>	X																																	
	<i>Micronycteris megalotis</i>		X				X																												
	<i>Micronycteris microtis</i>		X																																
	<i>Platyrrhinus brachycephalus</i>			X					X																										
	<i>Platyrrhinus helleri</i>								X																			X							
	<i>Platyrrhinus incarum</i>	X																																	
	<i>Platyrrhinus infuscus</i>						X																												
	<i>Platyrrhinus lineatus</i>	X	X										X																						
	<i>Platyrrhinus recifinus</i>																			X															
	<i>Leptonycteris curasoae</i>		X				X		X																										
	<i>Leptonycteris nivalis</i>		X																																
	<i>Leptonycteris yerbabuenae</i>		X																		X														

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Phyllostomidae	<i>Hylonycteris godmani</i>								X																										
	<i>Hylonycteris underwoodi</i>								X																										
	<i>Vampyroides caraccioli</i>		X															X																	
	<i>Vampyroides major</i>																	X																	
	<i>Vampyressa pusilla</i>																										X								
	<i>Vampyressa brocki</i>								X																										
	<i>Lionycteris spurreli</i>		X																																
	<i>Chiroderma villosum</i>						X		X																										
	<i>Lichonycteris obscura</i>		X																																
	<i>Lonchophylla thomasi</i>		X						X											X															
	<i>Trinycteris nicefori</i>		X																																
	<i>Vampyrus bidens</i>		X															X																	
	<i>Mesophylla macconellii</i>	X																																	
	<i>Haplonycteris fischeri</i>	X							X																										
	<i>Hsunnycteris thomasi</i>	X							X																										
	<i>Centurio senex</i>								X																										
	<i>Choeroniscus godmani</i>								X																										
	<i>Choeronycteris spp</i>		X																																

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyaviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Pteropodidae	<i>Rousettus aegyptiacus</i>	X	X	X	X		X		X		X	X			X		X		X		X			X	X	X	X	X		X					
	<i>Rousettus amplexicaudatus</i>	X	X		X			X				X																							
	<i>Rousettus leschenaulti</i>	X	X	X	X	X	X	X		X		X	X	X	X				X					X		X		X		X					X
	<i>Rousettus madagascariensis</i>		X		X		X																												
	<i>Micropterus pusillus</i>	X	X		X																						X								
	<i>Epomops buettikoferi</i>		X		X		X											X																	
	<i>Epomops doszsonii</i>		X																																
	<i>Epomops franqueti</i>	X			X											X									X		X								
	<i>Macroglossus sobrinus</i>	X			X																														
	<i>Macroglossus minimus</i>	X			X	X			X																										
	<i>Megaloglossus woermanii</i>	X			X				X								X																		
	<i>Eidolon dupreanum</i>	X					X													X															
	<i>Eidolon helvum</i>	X	X	X	X	X	X		X		X	X		X		X	X		X		X	X	X	X	X		X	X		X					
	<i>Myonycteris angolensis</i>	X																																	
	<i>Myonycteris leptodon</i>				X																														
	<i>Myonycteris torquata</i>	X	X		X		X																		X										
	<i>Eonycteris spelaea</i>	X		X	X	X	X		X	X	X	X		X	X						X	X		X	X						X		X		X

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Pteropodidae	<i>Cynopterus brachyotis</i>	X			X		X		X																X										
	<i>Cynopterus horsfieldii</i>	X																																	
	<i>Cynopterus sphinx</i>	X	X		X	X	X		X			X				X		X			X			X											
	<i>Epomophorus gambianus</i>	X	X		X		X		X					X				X																	
	<i>Epomophorus labiatus</i>	X							X																										
	<i>Epomophorus wahlbergi</i>	X	X		X				X																										
	<i>Hypsignathus monstrosus</i>	X	X		X		X											X							X										
	<i>Lissonycteris angolensis</i>	X		X	X							X																							
	<i>Nanonycteris veldkampii</i>	X			X		X																												
	<i>Dobsonia andersoni</i>	X					X																												
	<i>Dobsonia magna</i>						X					X																							
	<i>Dobsonia moluccensis</i>	X		X			X											X		X															
	<i>Syconycteris australis</i>					X						X																							
	<i>Scotonycteris ophiodon</i>				X																														
	<i>Scononycteris zenkeri</i>				X																														
	<i>Casinycteris argyrenis</i>				X																														
	<i>Acerodon celebensis</i>	X		X			X														X														
	<i>Acerodon jubatus</i>				X																														

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae	
Pteropodidae	<i>Ptenochirus jagori</i>	X			X																X															
	<i>Dyacopterus spadiceus</i>	X																																		
	<i>Megaerops ecaudatus</i>	X																																		
	<i>Megaerops kustomoi</i>	X																																		
	<i>Megaerops niphanae</i>	X																																		
	<i>Pteropus admiralitatum</i>						X																													
	<i>Pteropus alecto</i>	X	X		X	X	X	X	X			X							X			X						X								
	<i>Pteropus conspicillatus</i>	X	X				X					X																								
	<i>Pteropus dasmayallus</i>								X					X																						
	<i>Pteropus giganteus</i>	X	X				X		X															X												
	<i>Pteropus gouldii</i>								X																											
	<i>Pteropus hypomelanus</i>						X					X																								
	<i>Pteropus leschenaultii</i>						X																													
	<i>Pteropus lylei</i>	X	X				X		X													X														
	<i>Pteropus medius</i>	X	X				X																													
	<i>Pteropus melanotus</i>						X																													
	<i>Pteropus neohibernicus</i>	X					X																													
	<i>Pteropus niger</i>		X																																	

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae		
Pteropodidae	<i>Pteropus poliocephalus</i>	X	X				X					X																X									
	<i>Pteropus rodricensis</i>		X																																		
	<i>Pteropus rufus</i>	X	X		X		X																														
	<i>Pteropups scapulatus</i>	X	X				X		X			X																		X							
	<i>Pteropus seychellensis</i>		X																																		
	<i>Pteropus tonganus</i>						X			X																											
	<i>Pteropus vampyrus</i>	X	X	X	X	X	X					X										X															
Vespertilionidae	<i>Myotis albesce</i>		X									X																									
	<i>Myotis alcathoe</i>	X					X			X									X		X																
	<i>Myotis altarium</i>													X																							
	<i>Myotis austroriparius</i>		X																																		
	<i>Myotis bechsteinii</i>	X	X				X								X		X	X	X																		
	<i>Myotis blythi</i>	X	X														X																				
	<i>Myotis bocagii</i>				X																																
	<i>Myotis bombinus</i>	X								X																											
	<i>Myotis brandtii</i>	X	X		X															X				X													
	<i>Myotis californicus</i>	X	X	X																																	
	<i>Myotis capaccinii</i>	X	X				X									X				X																	

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyanviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae		
Vespertilionidae	<i>Myotis chiloensis</i>		X																																		
	<i>Myotis chinensis</i>	X			X								X		X																						
	<i>Myotis ciliolabrum</i>		X																																		
	<i>Myotis condilurus</i>								X																												
	<i>Myotis dasycneme</i>	X	X											X	X										X												
	<i>Myotis daubentonii</i>	X	X						X		X	X			X	X		X	X		X	X			X												
	<i>Myotis davidii</i>	X		X	X	X	X		X				X			X			X				X		X												
	<i>Myotis elegans</i>		X						X																												
	<i>Myotis emarginatus</i>		X				X			X		X			X		X		X		X																
	<i>Myotis escalerae</i>	X	X																		X																
	<i>Myotis evotis</i>	X	X																																		
	<i>Myotis fimbriatus</i>	X			X								X		X		X																				
	<i>Myotis formosus</i>	X													X																						
	<i>Myotis fortidens</i>																																				
	<i>Myotis goudoti</i>		X				X									X																					
	<i>Myotis gracilis</i>		X																																		
	<i>Myotis grisescens</i>		X																																		
	<i>Myotis hajastanicus</i>		X																																		

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Vespertilionidae	<i>Myotis horsfieldii</i>	X		X				X							X		X																		
	<i>Myotis ikonnikovi</i>	X																																	
	<i>Myotis keenii</i>		X																								X								
	<i>Myotis laniger</i>	X							X																										
	<i>Myotis leasuri</i>		X																							X									
	<i>Myotis leibi</i>		X																																
	<i>Myotis levis</i>		X																																
	<i>Myotis longipes</i>	X																																	
	<i>Myotis lucifugus</i>	X	X	X	X	X			X										X		X		X					X							
	<i>Myotis macrodactylus</i>	X					X		X	X					X		X																		
	<i>Myotis macropus</i>	X																																	
	<i>Myotis melanorhinus</i>		X																																
	<i>Myotis myotis</i>	X	X		X							X		X	X	X	X		X		X						X								
	<i>Myotis mystacinus</i>	X	X				X		X			X			X		X		X		X														
	<i>Myotis nattereri</i>	X	X						X			X			X						X														
	<i>Myotis nigricans</i>	X	X					X				X																X							
	<i>Myotis occultus</i>	X																																	
	<i>Myotis oxygnathus</i>	X												X					X																
	<i>Myotis pequinus</i>	X		X									X		X	X	X																		

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Vespertilionidae	<i>Myotis petax</i>	X	X				X			X					X																				
	<i>Myotis pilosus</i>						X		X						X																				
	<i>Myotis punicus</i>	X	X																																
	<i>Myotis ricketii</i>	X			X	X				X		X	X		X	X	X				X			X											
	<i>Myotis riparius</i>	X	X																																
	<i>Myotis septentrionalis</i>		X						X																			X							
	<i>Myotis sibiricus</i>								X																										
	<i>Myotis siligorensis</i>	X							X																										
	<i>Myotis sodalis</i>		X																																
	<i>Myotis thysanodes</i>		X																																
	<i>Myotis tricolor</i>		X		X										X												X								
	<i>Myotis velifer</i>	X	X													X					X														
	<i>Myotis volans</i>	X	X																																
	<i>Myotis welwitschii</i>		X		X																														
	<i>Myotis yumanensis</i>		X																																
	<i>Eptesicus andersoni</i>								X																										
	<i>Eptesicus brasiliense</i>		X																																
	<i>Eptesicus capensis</i>		X																								X								

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae		
Vespertilionidae	<i>Eptesicus diminutus</i>																				X																
	<i>Eptesicus furinalis</i>		X	X																	X							X									
	<i>Eptesicus fuscus</i>	X	X	X	X	X	X		X												X		X					X	X		X						
	<i>Eptesicus hottentotus</i>		X		X																							X									
	<i>Eptesicus isabellinus</i>	X	X														X				X																
	<i>Eptesicus nilsonii</i>	X	X													X	X		X						X			X									
	<i>Eptesicus serotinus</i>		X		X	X		X				X		X	X		X	X			X			X	X		X										
	<i>Lasiurus blossevillei</i>		X						X																												
	<i>Lasiurus borealis</i>		X																																		
	<i>Lasiurus cinereus</i>		X																																		
	<i>Lasiurus ega</i>		X																																		
	<i>Lasiurus egregius</i>		X																																		
	<i>Lasiurus intermedius</i>		X																																		
	<i>Lasiurus seminolus</i>		X																																		
	<i>Lasiurus xanthinus</i>		X																																		
	<i>Pipistrellus abramus</i>	X	X					X	X						X	X	X	X																			
	<i>Pipistrellus aegyptius</i>															X																					
	<i>Pipistrellus ceylonicus</i>		X						X									X																			

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Powiridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Vespertilionidae	<i>Pipistrellus coromandra</i>	X																																	
	<i>Pipistrellus deserti</i>	X																																	
	<i>Pipistrellus hesperidus</i>	X	X				X																												
	<i>Pipistrellus kuhlii</i>	X	X				X					X			X		X								X		X								
	<i>Pipistrellus minus</i>	X																																	
	<i>Pipistrellus nanus</i>	X					X														X														
	<i>Pipistrellus nanulus</i>				X																														
	<i>Pipistrellus nathusii</i>	X	X							X		X			X		X										X			X					
	<i>Pipistrellus pipistrellus</i>	X	X	X	X		X		X					X	X		X		X		X		X		X		X								
	<i>Pipistrellus pygmaeus</i>	X	X												X		X		X		X														
	<i>Histiotus furinalis</i>		X																																
	<i>Histiotus montanus</i>		X																																
	<i>Histiotus velatus</i>		X																																
	<i>Plecotus auritus</i>	X	X									X		X	X		X		X		X														
	<i>Plecotus austriacus</i>	X	X				X	X													X	X													
	<i>Plecotus macrobullaris</i>		X																																
	<i>Plecotus sacrimontis</i>												X																						
	<i>Vespertilio murinus</i>	X	X									X			X		X		X																

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae	
Vespertilionidae	<i>Vespertilio sinensis</i>	X							X	X							X																			
	<i>Vespertilio superans</i>	X					X																													
	<i>Scotophilus dinganii</i>	X	X		X				X																											
	<i>Scotophilus heathii</i>	X																	X									X								
	<i>Scotophilus kuhlii</i>	X	X	X	X		X	X	X					X	X	X					X				X				X							
	<i>Scotophilus leucogaster</i>	X	X																						X											
	<i>Scotophilus nux</i>	X																																		
	<i>Scotophilus viridis</i>		X		X																															
	<i>Neoromicia capensis</i>	X	X					X		X																										
	<i>Neoromicia helios</i>		X																																	
	<i>Neoromicia malagasyensis</i>				X																															
	<i>Neoromicia nana</i>		X																																	
	<i>Neoromicia rendalii</i>		X		X																															
	<i>Neoromicia somali</i>	X																																		
	<i>Neoromicia tenuipinnis</i>				X													X																		
	<i>Neoromicia zuleunsis</i>		X																																	
	<i>Murina leucogaster</i>	X	X				X				X																									
	<i>Murina hilgendorfi</i>		X																																	

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyanviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Vespertilionidae	<i>Murina aurata</i>				X			X																											
	<i>Murina aenea</i>						X																												
	<i>Murina cyclotis</i>	X																																	
	<i>Hypsugo savii</i>	X	X											X	X		X		X		X		X												
	<i>Hypsugo pulveratus</i>	X																																	
	<i>Hypsugo alaschanicus</i>	X																																	
	<i>Nyctalus lasiopterus</i>	X															X				X														
	<i>Nyctalus leisleri</i>	X	X															X			X														
	<i>Nyctalus noctula</i>	X	X				X	X	X	X		X		X	X		X		X		X				X										
	<i>Nyctalus plancyi</i>	X																																	
	<i>Nyctalus velutinus</i>	X								X																									
	<i>Nyctophilus geoffroyi</i>	X					X																												
	<i>Nyctophilus gouldi</i>	X	X				X																												
	<i>Nyctophilus major</i>		X																																
	<i>Vespadelus regulus</i>						X																												
	<i>Vespadelus troughtoni</i>	X																																	
	<i>Glauconycteris argentata</i>		X																									X							
	<i>Glauconycteris poensis</i>				X																														
	<i>Glauconycteris variegata</i>	X																																	

	Especie	Coronaviridae	Rhabdoviridae	Polyomaviridae	Filoviridae	Retroviridae	Paramyxoviridae	Hantaviridae	Flaviviridae	Circoviridae	Caliciviridae	Reoviridae	Hepadnaviridae	Picornaviridae	Astroviridae	Parvoviridae	Adenoviridae	Hepeviridae	Orthomyxoviridae	Peribunyanviridae	Herpesviridae	Pneumoviridae	Bornaviridae	Papillomaviridae	Nairoviridae	Bunyaviridae	Phenuiviridae	Togaviridae	Kolmioviridae	Poxviridae	Asfarviridae	Anelloviridae	Nodaviridae	Carmotetraviridae	Arenaviridae
Vespertilionidae	<i>Laeophotis botswanae</i>		X																																
	<i>Laeophotis wintoni</i>		X																								X								
	<i>Nycticeinops achellefeni</i>		X																																
	<i>Corynorhinus townsendii</i>		X																																
	<i>Corynorhinus rafinesquii</i>		X													X																			
	<i>Rhogeessa bickhami</i>								X																										
	<i>Rhogeessa io</i>								X																										
	<i>Rhogeessa tumida</i>								X																										
	<i>Chalinolobus gouldii</i>	X	X				X																												
	<i>Chalinolobus morio</i>	X	X				X																												
	<i>Lasionycteris noctivagans</i>																																		
	<i>Nycticeius humeralis</i>		X																																
	<i>Perimyotis subflavus</i>	X	X									X							X																
	<i>Parastrellus hesperus</i>	X	X						X																										
	<i>Submyotodon latirostris</i>	X																																	
	<i>Kerivoula titania</i>	X													X																				
	<i>Falsistrellus mackenziei</i>		X																																
	<i>Antrozous pallidus</i>	X	X							X					X	X	X																		

|--|

12. ANEXO 2

Lista de las referencias utilizadas para el estudio

- Abbott, R. C., Saindon, L., Falendysz, E. A., Greenberg, L., Orciari, L., Satheshkumar, P. S., & Rocke, T. E. (2020). Rabies outbreak in captive big brown bats (*Eptesicus fuscus*) used in a white-nose syndrome vaccine trial. *Journal of wildlife diseases*, 56(1), 197-202. doi: 10.7589/2018-10-258
- Abdul, F., Filleton, F., Gerossier, L., Paturel, A., Hall, J., Strubin, M., & Etienne, L. (2018). Smc5/6 antagonism by HBx is an evolutionarily conserved function of hepatitis B virus infection in mammals. *Journal of virology*, 92(16), 10-1128. doi: 10.1128/JVI.00769-18.
- Abraham, J., Kwong, J. A., Albariño, C. G., Lu, J. G., Radoshitzky, S. R., Salazar-Bravo, J., Farzan, M., Spiropoulou, C. F., & Choe, H. (2009). Host-species transferrin receptor 1 orthologs are cellular receptors for nonpathogenic new world clade B arenaviruses. *PLoS pathogens*, 5(4), e1000358. doi: 10.1371/journal.ppat.1000358.
- Afelt, A., Frutos, R., & Devaux, C. (2018). Bats, coronaviruses, and deforestation: toward the emergence of novel infectious diseases?. *Frontiers in microbiology*, 9, 352620. doi: 10.3389/fmicb.2018.00702.
- Afelt, A., Lacroix, A., Zawadzka-Pawlewska, U., Pokojski, W., Buchy, P., & Frutos, R. (2018). Distribution of bat-borne viruses and environment patterns. *Infection, Genetics and Evolution*, 58, 181-191. doi: 10.1016/j.meegid.2017.12.009.
- Aghomo, H. O., Ako-Nai, A. K., Oduye, O. O., Tomori, O., & Rupprecht, C. E. (1990). Detection of rabies virus antibodies in fruit bats (*Eidolon helvum*) from Nigeria. *Journal of Wildlife Diseases*, 26(2), 258-261. doi: 10.7589/0090-3558-26.2.258.
- Aguas, R., & Ferguson, N. M. (2013). Feature selection methods for identifying genetic determinants of host species in RNA viruses. *PLoS computational biology*, 9(10), e1003254. doi: 10.1371/journal.pcbi.1003254.
- Aguilar-Setién, A., Aguila-Tecuatl, H., Tesoro-Cruz, E., Ramos-Ramírez, L., & Kretschmer, R. S. (2003). Preservation of rabies virus RNA from brain tissue using glycerine. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 97(5), 547-549. doi: 10.1016/s0035-9203(03)80021-4.
- Aguilar-Setién, A., Campos, Y. L., Cruz, E. T., Kretschmer, R., Brochier, B., & Pastoret, P. P. (2002). Vaccination of vampire bats using recombinant vaccinia-rabies virus. *Journal of wildlife diseases*, 38(3), 539-544. doi: 10.1016/s0264-410x(98)80108-4.
- Aguilar-Setien, A., Loza-Rubio, E., Salas-Rojas, M., Brisseau, N., Cliquet, F., Pastoret, P. P., Rojas-Dotor, S., Tesoro, E., & Kretschmer, R. (2005). Salivary

excretion of rabies virus by healthy vampire bats. *Epidemiology & Infection*, 133(3), 517-522. doi: 10.1017/s0950268805003705.

- Aguilar-Setién, A., Romero-Almaraz, M. L., Sánchez-Hernández, C., Figueroa, R., Juárez-Palma, L. P., García-Flores, M. M., Vázquez-Salinas, C., Salas-Rojas, M., Hidalgo-Martínez, A. C., Pierlé, S. A., García-Estrada, C., & Ramos, C. (2008). Dengue virus in Mexican bats. *Epidemiology & Infection*, 136(12), 1678-1683. doi: 10.1017/S0950268808000460
- Ahn, M., Anderson, D. E., Zhang, Q., Tan, C. W., Lim, B. L., Luko, K., Wen, M., Chia, W. N., Mani, S., Wang, L. C., Ng, J. H. J., Sobota, R. M., Dutertre, C. A., Ginhoux, F., Shi, Z. L., Irving, A. T., & Wang, L. F. (2019). Dampened NLRP3-mediated inflammation in bats and implications for a special viral reservoir host. *Nature microbiology*, 4(5), 789-799. doi: 10.1038/s41564-019-0371-3.
- Ain-Najwa, M. Y., Yasmin, A. R., Arshad, S. S., Omar, A. R., Abu, J., Kumar, K., Mohammed, H. O., Natasha, J. A., Mohammed, M. N., Bande, F., Abdullah, M. L., & J. Rovie-Ryan, J. (2020). Exposure to zoonotic West Nile virus in long-tailed macaques and bats in peninsular Malaysia. *Animals*, 10(12), 2367. doi: 10.3390/ani10122367.
- Akem, E. S., & Pemunta, N. V. (2020). The bat meat chain and perceptions of the risk of contracting Ebola in the Mount Cameroon region. *BMC Public Health*, 20, 1-10. doi: 10.21203/rs.3.rs-15627/v1
- Albariño, C. G., Uebelhoer, L. S., Vincent, J. P., Khristova, M. L., Chakrabarti, A. K., McElroy, A., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2013). Development of a reverse genetics system to generate recombinant Marburg virus derived from a bat isolate. *Virology*, 446(1-2), 230-237. doi: 10.1016/j.virol.2013.07.038.
- Albas, A., Campos, A. C. D. A., Araujo, D. B., Rodrigues, C. S., Sodré, M. M., Durigon, E. L., & Favoretto, S. R. (2011). Molecular characterization of rabies virus isolated from non-haematophagous bats in Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44, 678-683. doi: 10.1590/s0037-86822011000600006.
- Albas, A., Souza, E. A. N. D., Lourenço, R. A., Favoretto, S. R., & Sodré, M. M. (2009). Perfil antigênico do vírus da raiva isolado de diferentes espécies de morcegos não hematófagos da Região de Presidente Prudente, Estado de São Paulo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 42, 15-17. doi: 10.1590/s0037-86822009000100004
- Albas, A., Souza, E. A. N. D., Picolo, M. R., Favoretto, S. R., Gama, A. R. D., & Sodré, M. M. (2011). Os morcegos e a raiva na região oeste do Estado de São Paulo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44, 201-205. doi: 10.1590/S0037-86822011005000001
- Alegria-Moran, R., Miranda, D., Barnard, M., Parra, A., & Lapierre, L. (2017). Characterization of the epidemiology of bat-borne rabies in Chile between 2003

- and 2013. *Preventive veterinary medicine*, 143, 30-38. doi: 10.1016/j.prevetmed.2017.05.012.
- Ali, M., El-Shesheny, R., Kandeil, A., Shehata, M., Elsokary, B., Gomaa, M., Hassan, N., El Sayed, A., El-Taweel, A., Sobhy, H., Fasina, F. O., Dauphin, G., El Masry, I., Wolde, A. W., Daszak, P., Miller, M., VonDobschuetz, S., Morzaria, S., Lubroth, J., & Makonnen, Y. J. (2017). Cross-sectional surveillance of Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) in dromedary camels and other mammals in Egypt, August 2015 to January 2016. *Eurosurveillance*, 22(11), 30487. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.11.30487.
 - Alkhansa, A., Lakkis, G., & El Zein, L. (2021). Mutational analysis of SARS-CoV-2 ORF8 during six months of COVID-19 pandemic. *Gene reports*, 23, 101024. doi: 10.1016/j.genrep.2021.101024.
 - Al'khovskii, S. V., L'vov, D. K., Mlu, S., Deriabin, P. G., Shchetinin, A. M., Samokhvalov, E. I., Aristova, V. A., Gitel'man, A. K., & Botikov, A. G. (2014). Genetic characterization of the Uzun-Agach virus (UZAV, Bunyaviridae, Nairovirus), isolated from bat *Myotis blythii oxygnathus* Monticelli, 1885 (Chiroptera; Vespertilionidae) in Kazakhstan. *Voprosy virusologii*, 59(5), 23-26. Disponible en: <https://virusjour.crie.ru/jour/article/view/12305/651>
 - Allendorf, S. D., Albas, A., Cipriano, J. R. B., Antunes, J. M. A. P., Appolinário, C. M., Peres, M. G., da Rosa, A., Sodr , M., & Megid, J. (2011). Rabies virus in a pregnant naturally infected southern yellow bat (*Lasiurus ega*). *Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases*, 17, 223-225. doi: [10.1590/S1678-91992011000200014](https://doi.org/10.1590/S1678-91992011000200014)
 - Allendorf, S. D., Cortez, A., Heinemann, M. B., Harary, C. M. A., Antunes, J. M. A., Peres, M. G., Vicente, A. F., Sodr , M. M., da Rosa, A. R., & Megid, J. (2012). Rabies virus distribution in tissues and molecular characterization of strains from naturally infected non-hematophagous bats. *Virus research*, 165(2), 119-125. doi: 10.1016/j.virusres.2012.01.011.
 - Allocati, N., Petrucci, A. G., Di Giovanni, P., Masulli, M., Di Ilio, C., & De Laurenzi, V. (2016). Bat–man disease transmission: zoonotic pathogens from wildlife reservoirs to human populations. *Cell death discovery*, 2(1), 1-8. doi: 10.1038/cddiscovery.2016.48.
 - Almeida, M. F. D., Favoretto, S. R., Martorelli, L. F. A., Trezza-Netto, J., Campos, A. C. D. A., Ozahata, C. H., Sodr , M. M., Kataoka, A.P., Sacramento, D. R., & Durigon, E. L. (2011a). Characterization of rabies virus isolated from a colony of *Eptesicus furinalis* bats in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de S o Paulo*, 53, 31-37. doi: 10.1590/s0036-46652011000100006.
 - Almeida, M. F. D., Martorelli, L. F. A., Aires, C. C., Sallum, P. C., Durigon, E. L., & Massad, E. (2005). Experimental rabies infection in haematophagous bats

Desmodus rotundus. *Epidemiology & Infection*, 133(3), 523-527. doi: 10.1017/s0950268804003656.

- Almeida, M. F. D., Martorelli, L. F. A., Sodré, M. M., Kataoka, A. P. A. G., Rosa, A. R. D., Oliveira, M. L. D., & AmatuZZi, E. (2011b). Rabies diagnosis and serology in bats from the State of São Paulo, Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44, 140-145. doi: 10.1590/s0037-86822011005000011.
- Almeida, M. F. D., Rosa, A. R. D., Martorelli, L. F. A., Kataoka, A. P. A. G., & Aires, C. C. (2019). Rabies virus monitoring in bat populations in Rondônia state, Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 52, e20180199. doi: 10.1590/0037-8682-0199-2018.
- Almeida, M. F. D., Rosa, A. R. D., Martorelli, L. F. A., Kataoka, A. P. A. G., & Aires, C. C. (2019). Rabies virus monitoring in bat populations in Rondônia state, Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 52, e20180199. doi: 10.1590/0037-8682-0199-2018.
- Almeida, M. F. D., Trezza-Netto, J., Aires, C. C., Barros, R. F. D., Rosa, A. R. D., & Massad, E. (2014). Hematologic profile of hematophagous *Desmodus rotundus* bats before and after experimental infection with rabies virus. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 47, 371-373. doi: 10.1590/0037-8682-0169-2013
- Almeida, M. F., Martorelli, L. F. A., Aires, C. C., Barros, R. F., & Massad, E. (2008). Vaccinating the vampire bat *Desmodus rotundus* against rabies. *Virus research*, 137(2), 275-277. doi: 10.1016/j.virusres.2008.07.024.
- Almeida, M. F., Martorelli, L. F., Aires, C. C., Sallum, P. C., & Massad, E. (2005). Indirect oral immunization of captive vampires, *Desmodus rotundus*. *Virus research*, 111(1), 77-82. doi: 10.1016/j.virusres.2005.03.013.
- Al-QaaneH, A. M., Alshammari, T., Aldahhan, R., Aldossary, H., Alkhalifah, Z. A., & Borgio, J. F. (2021). Genome composition and genetic characterization of SARS-CoV-2. *Saudi journal of biological sciences*, 28(3), 1978-1989. doi: 10.1016/j.sjbs.2020.12.053.
- Al-Qahtani, A. A. (2020). Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2): emergence, history, basic and clinical aspects. *Saudi journal of biological sciences*, 27(10), 2531-2538. doi: 10.1016/j.sjbs.2020.04.033.
- Ameh, V. O., Wu, G., Goharriz, H., Shipley, R., Fooks, A. R., Sabeta, C. T., & McElhinney, L. M. (2021). Serum Neutralization Profiles of Straw-Colored Fruit Bats (*Eidolon helvum*) in Makurdi (Nigeria), against Four Lineages of Lagos Bat Lyssavirus. *Viruses*, 13(12), 2378. doi: 10.3390/v13122378.
- Amengual, B., Bourhy, H., López-Roig, M., & Serra-Cobo, J. (2007). Temporal dynamics of European bat Lyssavirus type 1 and survival of *Myotis myotis* bats in natural colonies. *PloS one*, 2(6), e566. doi: 10.1371/journal.pone.0000566.

- Amengual, B., Whitby, J. E., King, A., Cobo, J. S., & Bourhy, H. (1997). Evolution of European bat lyssaviruses. *Journal of General Virology*, 78(9), 2319-2328. doi: 10.1099/0022-1317-78-9-2319
- Amman, B. R., Albariño, C. G., Bird, B. H., Nyakarahuka, L., Sealy, T. K., Balinandi, S., Schuh, A. J., Campbell, S. M., Ströher, U., Jones, M. E., Vodzack, M. E., Reeder, D. M., Kaboyo, W., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2015). A recently discovered pathogenic paramyxovirus, Sosuga virus, is present in *Rousettus aegyptiacus* fruit bats at multiple locations in Uganda. *Journal of wildlife diseases*, 51(3), 774-779. doi: 10.7589/2015-02-044.
- Amman, B. R., Bird, B. H., Bakarr, I. A., Bangura, J., Schuh, A. J., Johnny, J., Sealy, T. K., Conteh, I., Koroma, A. H., Foday, I., Amara, E., Bangura, A. A., Gbakima, A. A., Tremereau-Bravard, A., Belaganahalli, M., Dhanota, J., Chow, A., Ontiveros, V., Gibson, A., Turay, J., Patel, K., Graziano, J., Bangura, C., Kamanda, E. S., Osborne, A., Saidu, E., Musa, J., Bangura, D., Williams, S. M. T., Wadsworth, R., Turay, M., Edwin, L., Mereweather-Thompson, V., Kargbo, D., Bairoh, F. V., Kanu, M., Robert, W., Lungai, V., Guetiya Wadoun, R. E., Coomber, M., Kanu, O., Jambai, A., Kamara, S. M., Taboy, C. H., Singh, T., Mazet, J. A. K., Nichol, S. T., Goldstein, T., Towner, J. S., & Lebbie, A. (202). Isolation of Angola-like Marburg virus from Egyptian rousette bats from West Africa. *Nat Commun*, 11(1),510. doi: 10.1038/s41467-020-14327-8.
- Amman, B. R., Carroll, S. A., Reed, Z. D., Sealy, T. K., Balinandi, S., Swanepoel, R., Kemp, A., Erickson, B. R., Comer, J. A., Campbell, S., Cannon, D. L., Khristova, M. L., Atimnedi, P., Paddock, C.D., Crockett, R. J., Flietstra, T. D., Warfield, K. L., Unfer, R., Katongole-Mbidde, E., Downing, R., Tappero, J. W., Zaki, S. R., Rollin, P. E., Ksiazek, T. G., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2012). Seasonal pulses of Marburg virus circulation in juvenile *Rousettus aegyptiacus* bats coincide with periods of increased risk of human infection. *PLoS Pathog*, 8(10), e1002877. doi: 10.1371/journal.ppat.1002877.
- Amman, B. R., Jones, M. E., Sealy, T. K., Uebelhoer, L. S., Schuh, A. J., Bird, B. H., Coleman-McCray, J. D., Martin, B. E., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2015). Oral shedding of Marburg virus in experimentally infected Egyptian fruit bats (*Rousettus aegyptiacus*). *Journal of wildlife diseases*, 51(1), 113-124. doi: 10.7589/2014-08-198.
- Amman, B. R., Nyakarahuka, L., McElroy, A. K., Dodd, K. A., Sealy, T. K., Schuh, A. J., Shoemaker, T. R., Balinandi, S., Atimnedi, P., Kaboyo, W., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2014). Marburgvirus resurgence in Kitaka Mine bat population after extermination attempts, Uganda. *Emerging Infectious Diseases*, 20(10), 1761. doi: 10.3201/eid2010.140696.
- Amman, B. R., Schuh, A. J., Albariño, C. G., & Towner, J. S. (2021). Marburg virus persistence on fruit as a plausible route of bat to primate filovirus transmission. *Viruses*, 13(12), 2394. doi: 10.3390/v13122394.

- Amman, B. R., Schuh, A. J., Sealy, T. K., Spengler, J. R., Welch, S. R., Kirejczyk, S. G., Albariño, C. G., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2020). Experimental infection of Egyptian rousette bats (*Rousettus aegyptiacus*) with Sosuga virus demonstrates potential transmission routes for a bat-borne human pathogenic paramyxovirus. *PLoS neglected tropical diseases*, 14(3), e0008092. doi: 10.1371/journal.pntd.0008092.
- Amoroso, M. G., Russo, D., Lanave, G., Cistrone, L., Pratelli, A., Martella, V., Galiero, G., Decaro, N., & Fusco, G. (2018). Detection and phylogenetic characterization of astroviruses in insectivorous bats from Central-Southern Italy. *Zoonoses and public health*, 65(6), 702-710. doi: 10.1111/zph.12484.
- Anderson, A., Shwiff, S., Gebhardt, K., Ramírez, A. J., Shwiff, S., Kohler, D., & Lecuona, L. (2014). Economic Evaluation of Vampire Bat (*Desmodus rotundus*) Rabies Prevention in Mexico. *Transboundary and emerging diseases*, 61(2), 140-146. doi: 10.1111/tbed.12007.
- Anderson, D. E., Islam, A., Crameri, G., Todd, S., Islam, A., Khan, S. U., Foord, A., Rahman, M. Z., Mendenhall, I. H., Luby, S. P., Gurley, E. S., Daszak, P., Epstein, J. H., & Wang, L. F. (2019). Isolation and full-genome characterization of Nipah viruses from bats, Bangladesh. *Emerging Infectious Diseases*, 25(1), 166. doi: 10.3201/eid2501.180267.
- Ang, B. S., Lim, T. C., & Wang, L. (2018). Nipah virus infection. *Journal of clinical microbiology*, 56(6), 10-1128. doi: 10.1128/JCM.01875-17.
- Anindita, P. D., Sasaki, M., Setiyono, A., Handharyani, E., Orba, Y., Kobayashi, S., Rahmadani, I., Taha, S., Adiani, S., Subangkit, M., Nakamura, I., Sawa, H., & Kimura, T. (2015). Detection of coronavirus genomes in Moluccan naked-backed fruit bats in Indonesia. *Archives of virology*, 160, 1113-1118. doi: 10.1007/s00705-015-2342-1.
- Anis, E., Turner, G., Ellis, J. C., Di Salvo, A., Barnard, A., Carroll, S., & Murphy, L. (2021). Evaluation of a real-time RT-PCR panel for detection of SARS-CoV-2 in bat guano. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 33(2), 331-335. doi: 10.1177/1040638721990333.
- Annan, A., Baldwin, H. J., Corman, V. M., Klose, S. M., Owusu, M., Nkrumah, E. E., Badu, E. K., Anti, P., Agbenyega, O., Meyer, B., Oppong, S., Sarkodie, Y. A., Kalko, E. K., Lina, P. H., Godlevska, E. V., Reusken, C., Seebens, A., Gloza-Rausch, F., Vallo, P., Tschapka, M., Drosten, C., & Drexler, J. F. (2013). Human betacoronavirus 2c EMC/2012-related viruses in bats, Ghana and Europe. *Emerging infectious diseases*, 19(3), 456. doi: 10.3201/eid1903.121503.
- Anthony, S. J., Gilardi, K., Menachery, V. D., Goldstein, T., Ssebide, B., Mbabazi, R., Navarrete-Macias, I., Liang, E., Wells, H., Hicks, A., Petrosov, A., Byarugaba, D. K., Debbink, K., Dinnon, K. H., Scobey, T., Randell, S. H., Yount, B. L., Cranfield, M., Johnson, C. K., Baric, R. S., Lipkin, W. I., & Mazet, J. A.

- (2017a). Further evidence for bats as the evolutionary source of Middle East respiratory syndrome coronavirus. *MBio*, 8(2), 10-1128. doi: 10.1128/mBio.00373-17.
- Anthony, S. J., Johnson, C. K., Greig, D. J., Kramer, S., Che, X., Wells, H., Hicks, A. L., Joly, D. O., Wolfe, N. D., Daszak, P., Karesh, W., Lipkin, W. I., Morse, S. S; PREDICT Consortium; Mazet, J. A. K., & Goldstein, T. (2017b). Global patterns in coronavirus diversity. *Virus evolution*, 3(1), vex012. doi: 10.1093/ve/vex012.
 - Anthony, S. J., Ojeda-Flores, R., Rico-Chávez, O., Navarrete-Macias, I., Zambrana-Torrel, C. M., Rostal, M. K., Epstein, J. H., Tipps, T., Liang, E., Sanchez-Leon, M., Sotomayor-Bonilla, J., Aguirre, A. A., Ávila-Flores, R., Medellín, R. A., Goldstein, T., Suzán, G., Daszak, P., & Lipkin, W. I. (2013). Coronaviruses in bats from Mexico. *Journal of General Virology*, 94(5), 1028-1038. doi: 10.1099/vir.0.049759-0.
 - Antunes, K. D., Matos, J. C. C., Mol, L. P., Oliveira, M. A., Arcebispo, T. L. M., Santos, V. G., Oliveira, T. M., Fontes, C. C., Reis, C. H. L., Diniz, S. A., Pereira, P. L. L., & Silva, M. X. (2018). Descriptive analysis of rabies in wild animals in the state of Sergipe, Brazil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 70, 169-173. doi: 10.1590/1678-4162-9574
 - Antunes, K. D., Oliveira, T. M. D., Matos, J. C. D. C., Diniz, S. D. A., Arcebispo, T. L. M., Silva, T. B. D., Oliveira, T. M., Fontes, C. C., Reis, C. H. L., Diniz, S. A., Pereira, P. L. L., & Silva, M. X. (2019). Spatio-temporal study of diagnosis of rabies in vampire bats in Sergipe (Brazil), between 1987 and 2014. *Biosci. j.(Online)*, 244-250. doi: 10.14393/BJ-v35n1a2019-42052
 - Appolinario, C. M., Allendorf, S. D., Peres, M. G., Fonseca, C. R., Vicente, A. F., Antunes, J. M., Pantoja, J. C., & Megid, J. (2015). Evaluation of short-interfering RNAs treatment in experimental rabies due to wild-type virus. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 19, 453-458. doi: 10.1016/j.bjid.2015.05.008.
 - Appolinário, C., Allendorf, S. D., Vicente, A. F., Ribeiro, B. D., Fonseca, C. R. D., Antunes, J. M., Peres, M. G., Kotait, I., Carrieri, M. L., & Megid, J. (2015). Fluorescent antibody test, quantitative polymerase chain reaction pattern and clinical aspects of rabies virus strains isolated from main reservoirs in Brazil. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 19, 479-485. doi: 10.1016/j.bjid.2015.06.012
 - Arai, S., Aoki, K., Son, N. T., Tú, V. T., Kikuchi, F., Kinoshita, G., Fukui, D., Thành, H. T., Gu, S. H., Yoshikawa, Y., Tanaka-Taya, K., Morikawa, S., Yanagihara, R., & Oishi, K. (2019). Đakrông virus, a novel mobatvirus (Hantaviridae) harbored by the Stoliczka's Asian trident bat (*Aselliscus stoliczkanus*) in Vietnam. *Scientific Reports*, 9(1), 10239. doi: 10.1038/s41598-019-46697-5.

- Arai, S., Kikuchi, F., Bawm, S., Son, N. T., Lin, K. S., Tú, V. T., ... & Yanagihara, R. (2019). Molecular phylogeny of mobatviruses (Hantaviridae) in Myanmar and Vietnam. *Viruses*, 11(3), 228. doi: 10.3390/v11030228.
- Arai, S., Nguyen, S. T., Boldgiv, B., Fukui, D., Araki, K., Dang, C. N., Aoki, K., Tsuchiya, K., Tanaka-Taya, K., Morikawa, S., Oishi, K., & Oishi, K. (2013). Novel bat-borne hantavirus, Vietnam. *Emerging Infectious Diseases*, 19(7), 1159.
- Arai, S., Taniguchi, S., Aoki, K., Yoshikawa, Y., Kyuwa, S., Tanaka-Taya, K., Masangkay, J. S., Omatsu, T., Puentespina, R. Jr., Watanabe, S., Alviola, P., Alvarez, J., Eres, E., Cosico, E., Quibod, M. N. R. M., Morikawa, S., Yanagihara, R., & Oishi, K. (2016). Molecular phylogeny of a genetically divergent hantavirus harbored by the Geoffroy's rousette (*Rousettus amplexicaudatus*), a frugivorous bat species in the Philippines. *Infection, Genetics and Evolution*, 45, 26-32. doi: 10.1016/j.meegid.2016.08.008.
- Arai, Y. T., Kuzmin, I. V., Kameoka, Y., & Botvinkin, A. D. (2003). New lyssavirus genotype from the lesser mouse-eared bat (*Myotis blythi*), Kyrgyzstan. *Emerging Infectious Diseases*, 9(3), 333.
- Arguin, P. M., Murray-Lillibridge, K., Miranda, M. E., Smith, J. S., Calaor, A. B., & Rupprecht, C. E. (2002). Serologic evidence of *Lyssavirus* infections among bats, the Philippines. *Emerging Infectious Diseases*, 8(3), 258. doi: 10.3201/eid0803.010330.
- Arias Caicedo, M. R., Xavier, D. D. A., Arias Caicedo, C. A., Andrade, E., & Abel, I. (2019). Epidemiological scenarios for human rabies exposure notified in Colombia during ten years: A challenge to implement surveillance actions with a differential approach on vulnerable populations. *PLoS One*, 14(12), e0213120. doi: 10.1371/journal.pone.0213120.
- Arnold, C. E., Guito, J. C., Altamura, L. A., Lovett, S. P., Nagle, E. R., Palacios, G. F., Sanchez-Lockhart, M., & Towner, J. S. (2018). Transcriptomics reveal antiviral gene induction in the egyptian rousette bat is antagonized in vitro by marburg virus infection. *Viruses*, 10(11), 607. doi: 10.3390/v10110607.
- Arora, A., Dogra, A., Dogra, A., Goyal, B., & Sharma, A. M. (2018). Nipah virus: an outbreak of deadly paramyxvirus. *Biomedical and Pharmacology Journal*, 11(3), 1177-1185. doi: [10.13005/bpj/1479](https://doi.org/10.13005/bpj/1479)
- Asano, K. M., Gregori, F., Hora, A. S., Scheffer, K. C., Fahl, W. O., Iamamoto, K., ... & Brandão, P. E. (2016). Group A rotavirus in Brazilian bats: description of novel T15 and H15 genotypes. *Archives of Virology*, 161, 3225-3230. doi: 10.1007/s00705-016-3010-9.
- Asano, K. M., Hora, A. S., Scheffer, K. C., Fahl, W. O., Iamamoto, K., Mori, E., & Brandão, P. E. (2016). *Alphacoronavirus* in urban Molossidae and Phyllostomidae bats, Brazil. *Virology journal*, 13, 1-5. doi: 10.1186/s12985-016-0581-8.

- Atterby, H., Aegerter, J. N., Smith, G. C., Conyers, C. M., Allnutt, T. R., Ruedi, M., & MacNicoll, A. D. (2010). Population genetic structure of the Daubenton's bat (*Myotis daubentonii*) in western Europe and the associated occurrence of rabies. *European Journal of Wildlife Research*, 56, 67-81. doi: [10.1007/s10344-009-0292-1](https://doi.org/10.1007/s10344-009-0292-1)
- August, T. A., Mathews, F., & Nunn, M. A. (2012). Alphacoronavirus detected in bats in the United Kingdom. *Vector-borne and zoonotic diseases*, 12(6), 530-533. doi: 10.1089/vbz.2011.0829.
- Aurine, N., Baquerre, C., Gaudino, M., Jean, C., Dumont, C., Rival-Gervier, S., ... & Pain, B. (2021). Reprogrammed *Pteropus* bat stem cells as a model to study host-pathogen interaction during Henipavirus infection. *Microorganisms*, 9(12), 2567. doi: 10.3390/microorganisms9122567.
- Ayhan, N., López-Roig, M., Monastiri, A., Charrel, R. N., & Serra-Cobo, J. (2021). Seroprevalence of Toscana Virus and Sandfly Fever Sicilian Virus in European bat colonies measured using a neutralization test. *Viruses*, 13(1), 88. doi: 10.3390/v13010088.
- Ayolabi, C. I., Olusola, B. A., Lawal, A. A., Chibuike, A. D., & Nzekwue, B. N. (2022). Detection of novel paramyxoviruses in *Chaerephon* bat species in Nigeria and phylogenetics of paramyxoviruses co-evolution with bats in Africa. *Zoonoses and Public Health*, 69(2), 117-135. doi: 10.1111/zph.12900.
- Azab, W., Dayaram, A., Greenwood, A. D., & Osterrieder, N. (2018). How host specific are herpesviruses? Lessons from herpesviruses infecting wild and endangered mammals. *Annual Review of Virology*, 5, 53-68. doi: 10.1146/annurev-virology-092917-043227.
- Bačenková, D., Trebuňová, M., Špakovská, T., Schnitzer, M., Bednarčíková, L., & Živčák, J. (2021). Comparison of selected characteristics of SARS-CoV-2, SARS-CoV, and HCoV-NL63. *Applied Sciences*, 11(4), 1497. doi: [10.3390/app11041497](https://doi.org/10.3390/app11041497)
- Badilla, X., Pérez-Herra, V., Quirós, L., Morice, A., Jiménez, E., Sáenz, E., ... & Rupprecht, C. E. (2003). Human rabies: a reemerging disease in Costa Rica?. *Emerging Infectious Diseases*, 9(6), 721. doi: 10.3201/eid0906.020632.
- Badillo, R., Mantilla, J. C., & Pradilla, G. (2009). Encefalitis rábica humana por mordedura de murciélago en un área urbana de Colombia. *Biomédica*, 29(2), 191-203. Disponible en: <https://revistabiomedica.org/index.php/biomedica/article/view/21/22>
- Badrane, H., & Tordo, N. (2001). Host switching in *Lyssavirus* history from the Chiroptera to the Carnivora orders. *Journal of virology*, 75(17), 8096-8104. doi: 10.1128/jvi.75.17.8096-8104.2001.
- Badrane, H., Bahloul, C., Perrin, P., & Tordo, N. (2001). Evidence of two *Lyssavirus* phylogroups with distinct pathogenicity and immunogenicity. *Journal of virology*, 75(7), 3268-3276. doi: 10.1128/JVI.75.7.3268-3276.2001.

- Baker, K. S., & Murcia, P. R. (2014). Poxviruses in bats... so what?. *Viruses*, 6(4), 1564-1577. doi: 10.3390/v6041564.
- Baker, K. S., Leggett, R. M., Bexfield, N. H., Alston, M., Daly, G., Todd, S., ... & Murcia, P. R. (2013). Metagenomic study of the viruses of African straw-coloured fruit bats: detection of a chiropteran poxvirus and isolation of a novel adenovirus. *Virology*, 441(2), 95-106. doi: 10.1016/j.virol.2013.03.014.
- Baker, K. S., Suu-Ire, R., Barr, J., Hayman, D. T., Broder, C. C., Horton, D. L., Durrant, C., Murcia, P. R., Cunningham, A. A., & Wood, J. L. (2014). Viral antibody dynamics in a chiropteran host. *The Journal of animal ecology*, 83(2), 415. doi: 10.1111/1365-2656.12153.
- Baker, K. S., Tachedjian, M., Barr, J., Marsh, G. A., Todd, S., Crameri, G., Crameri, S., Smith, I., Holmes, C. E. G., Suu-Ire, R., Fernandez-Loras, A., Cunningham, A.A., Wood, J. L. N., & Wang, L. F. (2020). Achimota pararubulavirus 3: a new bat-derived paramyxovirus of the genus Pararubulavirus. *Viruses*, 12(11), 1236. doi: 10.3390/v12111236.
- Baker, K. S., Todd, S., Marsh, G. A., Crameri, G., Barr, J., Kamins, A. O., Peel, A. J., Yu, M., Hayman, D. T., Nadjm, B., Mtove, G., Amos, B., Reyburn, H., Nyarko, E., Suu-Ire, R., Murcia, P. R., Cunningham, A. A., Wood, J. L., & Wang, L. F. (2013). Novel, potentially zoonotic paramyxoviruses from the African straw-colored fruit bat *Eidolon helvum*. *Journal of virology*, 87(3), 1348-1358. doi: 10.1128/JVI.01202-12.
- Baker, K. S., Todd, S., Marsh, G., Fernandez-Loras, A., Suu-Ire, R., Wood, J. L. N., Wang, L. F., Murcia, P. R., & Cunningham, A. A. (2012). Co-circulation of diverse paramyxoviruses in an urban African fruit bat population. *Journal of General Virology*, 93(4), 850-856. doi: 10.1099/vir.0.039339-0.
- Balboni, A., Gallina, L., Palladini, A., Prosperi, S., & Battilani, M. (2012). A real-time PCR assay for bat SARS-like coronavirus detection and its application to Italian greater horseshoe bat faecal sample surveys. *The Scientific World Journal*, 2012.
- Balkema-Buschmann, A., Rissmann, M., Kley, N., Ulrich, R., Eiden, M., & Groschup, M. H. (2018). Productive propagation of rift valley fever phlebovirus vaccine strain MP-12 in *Rousettus aegyptiacus* fruit bats. *Viruses*, 10(12), 681.
- Banerjee, A., Baker, M. L., Kulcsar, K., Plowright, R., & Mossman, K. (2020a). Novel insights into immune systems of bats. *Frontiers in immunology*, 11, 507886.
- Banerjee, A., Falzarano, D., Rapin, N., Lew, J., & Misra, V. (2019). Interferon regulatory factor 3-mediated signaling limits Middle-East respiratory syndrome (MERS) coronavirus propagation in cells from an insectivorous bat. *Viruses*, 11(2), 152. doi: 10.3390/v11020152.
- Banerjee, A., Kulcsar, K., Misra, V., Frieman, M., & Mossman, K. (2019). Bats and coronaviruses. *Viruses*, 11(1), 41. doi: 10.3390/v11010041.

- Banerjee, A., Misra, V., Schountz, T., & Baker, M. L. (2018). Tools to study pathogen-host interactions in bats. *Virus research*, 248, 5-12. doi: 10.1016/j.virusres.2018.02.013.
- Banerjee, A., Mossman, K. L., & Miller, M. S. (2020b). Bat influenza viruses: making a double agent of MHC class II. *Trends in microbiology*, 28(9), 703-706. doi: 10.1016/j.tim.2020.04.006.
- Banerjee, A., Rapin, N., Miller, M., Griebel, P., Zhou, Y., Munster, V., & Misra, V. (2016). Generation and Characterization of *Eptesicus fuscus* (Big brown bat) kidney cell lines immortalized using the *Myotis*. *J Virol Methods*, 237:166-173. doi: 10.1016/j.jviromet.2016.09.008.
- Banerjee, A., Subudhi, S., Rapin, N., Lew, J., Jain, R., Falzarano, D., & Misra, V. (2020c). Selection of viral variants during persistent infection of insectivorous bat cells with Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Scientific Reports*, 10(1), 7257. doi: 10.1038/s41598-020-64264-1.
- Bányaí, K., Kemenesi, G., Budinski, I., Földes, F., Zana, B., Marton, S., ... & Jakab, F. (2017). Candidate new rotavirus species in Schreiber's bats, Serbia. *Infection, Genetics and Evolution*, 48, 19-26. doi: 10.1016/j.meegid.2016.12.002.
- Banyard, A. C., Evans, J. S., Luo, T. R., & Fooks, A. R. (2014). Lyssaviruses and bats: emergence and zoonotic threat. *Viruses*, 6(8), 2974-2990. doi: 10.3390/v6082974
- Banyard, A. C., Johnson, N., Voller, K., Hicks, D., Nunez, A., Hartley, M., & Fooks, A. R. (2009). Repeated detection of European bat lyssavirus type 2 in dead bats found at a single roost site in the UK. *Archives of virology*, 154, 1847-1850. doi: 10.1007/s00705-009-0504-8.
- Barbosa, C. R., Rezende, L. V., da Silva, A. C. R., Britto, F. M. A., & Cunha, G. N. (2019). Prevalência da raiva em morcegos capturados no município de Patos de Minas–MG, Brasil. *Archives of Veterinary Science*, 24(4), 71-82. doi: [10.5380/avs.v24i4.63051](https://doi.org/10.5380/avs.v24i4.63051)
- Barbosa, T. F. S., de Almeida Medeiros, D. B., da Rosa, E. S. T., Casseb, L. M. N., Medeiros, R., de Souza Pereira, A., Vallinoto, A. C., Vallinoto, M., Begot, A. L., Lima, R. J., Vasconcelos, P. F., & Nunes, M. R. (2008). Molecular epidemiology of rabies virus isolated from different sources during a bat-transmitted human outbreak occurring in Augusto Correa municipality, Brazilian Amazon. *Virology*, 370(2), 228-236. doi: 10.1016/j.virol.2007.10.005.
- Barcenas-Reyes, I., Loza-Rubio, E., Zendejas-Martinez, H., Luna-Soria, H., Canto-Alarcon, G. J., & Milian-Suazo, F. (2015). Epidemiological trends in bovine paralytic rabies in central Mexico, 2001-2013/Comportamiento epidemiológico de la rabia paralítica bovina en la región central de México, 2001-2013. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 38(5), 396-403. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/18398>

- Barclay, A. J., & Paton, D. J. (2000). Hendra (equine morbillivirus). *The Veterinary Journal*, 160(3), 169-176. doi: 10.1053/tvjl.2000.0508.
- Barlan, A., Zhao, J., Sarkar, M. K., Li, K., McCray Jr, P. B., Perlman, S., & Gallagher, T. (2014). Receptor variation and susceptibility to Middle East respiratory syndrome coronavirus infection. *Journal of virology*, 88(9), 4953-4961. doi: 10.1128/JVI.00161-14.
- Barr, J. A., Smith, C., Marsh, G. A., Field, H., & Wang, L. F. (2012). Evidence of bat origin for Menangle virus, a zoonotic paramyxovirus first isolated from diseased pigs. *Journal of General Virology*, 93(12), 2590-2594. doi: 10.1099/vir.0.045385-0.
- Barr, J., Smith, C., Smith, I., de Jong, C., Todd, S., Melville, D., Broos, A., Crameri, S., Haining, J., Marsh, G., Crameri, G., Field, H., & Wang, L. F. (2015). Isolation of multiple novel paramyxoviruses from pteropid bat urine. *Journal of General Virology*, 96(1), 24-29. doi: 10.1099/vir.0.068106-0.
- Barros, B. D. C. V. D., Chagas, E. N., Bezerra, L. W., Ribeiro, L. G., Duarte Júnior, J. W. B., Pereira, D., da Penha Junior, E. T., Silva, J. R., Bezerra, D. A. M., Bandeira, R. S., Pinheiro, H. H. C., Guerra, S. F. D. S., Guimarães, R. J. P. S. E., & Mascarenhas, J. D. A. P. (2018). Rotavirus A in wild and domestic animals from areas with environmental degradation in the Brazilian Amazon. *PloS one*, 13(12), e0209005. doi: 10.1371/journal.pone.0211311.
- Baruah, C., Devi, P., & Sharma, D. K. (2020). Sequence analysis and structure prediction of SARS-CoV-2 accessory proteins 9b and ORF14: evolutionary analysis indicates close relatedness to bat coronavirus. *BioMed research international*, 2020, 7234961. doi: 10.1155/2020/7234961.
- Bastida-González, F., Ramírez-Hernández, D. G., Chavira-Suárez, E., Lara-Padilla, E., & Zárate-Segura, P. (2016). Development of Primer Pairs from molecular typing of rabies virus variants present in Mexico. *BioMed Research International*, 2016. 4659470. doi: 10.1155/2016/4659470.
- Becker, D. J., Broos, A., Bergner, L. M., Meza, D. K., Simmons, N. B., Fenton, M. B., Altizer, S., & Streicker, D. G. (2021). Temporal patterns of vampire bat rabies and host connectivity in Belize. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(2), 870-879. doi: 10.1111/tbed.13754.
- Becker, D. J., Crowley, D. E., Washburne, A. D., & Plowright, R. K. (2019). Temporal and spatial limitations in global surveillance for bat filoviruses and henipaviruses. *Biology Letters*, 15(12), 20190423. doi: 10.1098/rsbl.2019.0423.
- Beena, V., & Saikumar, G. (2019). Emerging horizon for bat borne viral zoonoses. *VirusDisease*, 30(3), 321-328. doi: 10.1007/s13337-019-00548-z.
- Begeman, L., GeurtsvanKessel, C., Finke, S., Freuling, C. M., Koopmans, M., Müller, T., Ruigrok, T. J. H., & Kuiken, T. (2018). Comparative pathogenesis of rabies in bats and carnivores, and implications for spillover to humans. *The*

Lancet Infectious Diseases, 18(4), e147-e159. doi: 10.1016/S1473-3099(17)30574-1.

- Begeman, L., Kooi, E. A., van Weezep, E., Van De Bildt, M. W., Reusken, C. B., Lina, P. H., Koopmans, M. P. G., van den Brand, J. M. A., & Kuiken, T. (2020). Faeces as a novel material to estimate lyssavirus prevalence in bat populations. *Zoonoses and public health*, 67(2), 198-202. doi: 10.1111/zph.12672.
- Begeman, L., Suu-Ire, R., Banyard, A. C., Drosten, C., Eggerbauer, E., Freuling, C. M., Gibson, L., Goharriz, H., Horton, D. L., Jennings, D., Marston, D. A., Ntiamoa-Baidu, Y., Riesle Sbarbaro, S., Selden, D., Wise, E. L., Kuiken, T., Fooks AR, Müller T, Wood JLN, & Cunningham, A. A. (2020). Experimental Lagos bat virus infection in straw-colored fruit bats: A suitable model for bat rabies in a natural reservoir species. *PLoS neglected tropical diseases*, 14(12), e0008898. doi: 10.1371/journal.pntd.0008898.
- Beig Parikhani, A., Bazaz, M., Bamehr, H., Fereshteh, S., Amiri, S., Salehi-Vaziri, M., Arashkia, A., & Azadmanesh, K. (2021). The inclusive review on SARS-CoV-2 biology, epidemiology, diagnosis, and potential management options. *Current microbiology*, 78, 1099-1114. doi: 10.1007/s00284-021-02396-x.
- Belotto, A., Leanes, L. F., Schneider, M. C., Tamayo, H., & Correa, E. (2005). Overview of rabies in the Americas. *Virus research*, 111(1), 5-12. doi: 10.1016/j.virusres.2005.03.006.
- Beltrami, J. M., Marques, M. A., de Fátima Serenini, G., dos Santos, I. C., de Melo Germano, R., Gonçalves, D. D., André Felipe, B. A., & Otutumi, L. K. (2019). Quantificação e identificação de quirópteros soropositivos para Lyssavirus em publicações da base de dados da SciELO. *Medicina Veterinária (UFRPE)*, 13(4), 559-566. doi: [10.26605/medvet-v13n4-3665](https://doi.org/10.26605/medvet-v13n4-3665)
- Beltrán, F. J., Dohmen, F. G., Del Pietro, H., & Cisterna, D. M. (2014). Diagnosis and molecular typing of rabies virus in samples stored in inadequate conditions. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 8(08), 1016-1021. doi: 10.3855/jidc.4136.
- Belyi, V. A., Levine, A. J., & Skalka, A. M. (2010). Unexpected inheritance: multiple integrations of ancient bornavirus and ebolavirus/marburgvirus sequences in vertebrate genomes. *PLoS pathogens*, 6(7), e1001030. doi: 10.1371/journal.ppat.1001030.
- Benavides, J. A., Megid, J., Campos, A., & Hampson, K. (2020). Using surveillance of animal bite patients to decipher potential risks of rabies exposure from domestic animals and wildlife in Brazil. *Frontiers in public health*, 8, 517924. doi: 10.3389/fpubh.2020.00318.

- Benavides, J. A., Valderrama, W., & Streicker, D. G. (2016). Spatial expansions and travelling waves of rabies in vampire bats. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 283(1832), 20160328. doi: 10.1098/rspb.2016.0328.
- Benavides, J. A., Velasco-Villa, A., Godino, L. C., Satheshkumar, P. S., Nino, R., Rojas-Paniagua, E., Shiva, C., Falcon, N., & Streicker, D. G. (2020). Abortive vampire bat rabies infections in Peruvian peridomestic livestock. *PLoS neglected tropical diseases*, 14(6), e0008194. doi: 10.1371/journal.pntd.0008194.
- Benfield, C. T., MacKenzie, F., Ritzefeld, M., Mazzon, M., Weston, S., Tate, E. W., Teo, B. H., Smith, S. E., Kellam, P., Holmes, E. C., & Marsh, M. (2020). Bat IFITM3 restriction depends on S-palmitoylation and a polymorphic site within the CD225 domain. *Life science alliance*, 3(1). doi: 10.26508/lsa.201900542.
- Benfield, C. T., Smith, S. E., Wright, E., Wash, R. S., Ferrara, F., Temperton, N. J., & Kellam, P. (2015). Bat and pig IFN-induced transmembrane protein 3 restrict cell entry by influenza virus and lyssaviruses. *Journal of General Virology*, 96(5), 991-1005. doi: 10.1099/vir.0.000058.
- Bennett, A. J., & Goldberg, T. L. (2020). Pteropine orthoreovirus in an Angolan soft-furred fruit bat (*Lissonycteris angolensis*) in Uganda dramatically expands the global distribution of an emerging bat-borne respiratory virus. *Viruses*, 12(7), 740. doi: 10.3390/v12070740.
- Bennett, A. J., Bushmaker, T., Cameron, K., Ondzie, A., Niama, F. R., Parra, H. J., Mombouli, J. V., Olson, S. H., Munster, V. J., & Goldberg, T. L. (2019). Diverse RNA viruses of arthropod origin in the blood of fruit bats suggest a link between bat and arthropod viromes. *Virology*, 528, 64-72. doi: 10.1016/j.virol.2018.12.009.
- Bennett, A. J., Paskey, A. C., Ebinger, A., Pfaff, F., Priemer, G., Höper, D., Breithaupt, A., Heuser, E., Ulrich, R. G., Kuhn, J. H., Bishop-Lilly, K. A., Beer, M., & Goldberg, T. L. (2020). Relatives of rubella virus in diverse mammals. *Nature*, 586(7829), 424-428. doi: 10.1038/s41586-020-2897-1.
- Bennett, A. J., Paskey, A. C., Kuhn, J. H., Bishop-Lilly, K. A., & Goldberg, T. L. (2020). Diversity, transmission, and cophylogeny of ledanteviruses (Rhabdoviridae: Ledantavirus) and nycteribiid bat flies parasitizing Angolan soft-furred fruit bats in Bundibugyo District, Uganda. *Microorganisms*, 8(5), 750. doi: 10.3390/microorganisms8050750.
- Bennett, S. N., Gu, S. H., Kang, H. J., Arai, S., & Yanagihara, R. (2014). Reconstructing the evolutionary origins and phylogeography of hantaviruses. *Trends in microbiology*, 22(8), 473-482. doi: 10.1016/j.tim.2014.04.008.
- Benvenuto, D., Giovanetti, M., Ciccozzi, A., Spoto, S., Angeletti, S., & Ciccozzi, M. (2020). The 2019-new coronavirus epidemic: evidence for virus evolution. *Journal of medical virology*, 92(4), 455-459. doi: 10.1002/jmv.25688.

- Benzarti, E., Sarlet, M., Franssen, M., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J., Rivas, J. F., Linden, A., Desmecht, D., & Garigliany, M. (2020). Usutu virus epizootic in Belgium in 2017 and 2018: Evidence of virus endemization and ongoing introduction events. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 20(1), 43-50. doi: 10.1089/vbz.2019.2469.
- Bergner, L. M., Mollentze, N., Orton, R. J., Tello, C., Broos, A., Biek, R., & Streicker, D. G. (2021). Characterizing and evaluating the zoonotic potential of novel viruses discovered in vampire bats. *Viruses*, 13(2), 252. doi: 10.3390/v13020252.
- Bergner, L. M., Orton, R. J., Benavides, J. A., Becker, D. J., Tello, C., Biek, R., & Streicker, D. G. (2020). Demographic and environmental drivers of metagenomic viral diversity in vampire bats. *Molecular Ecology*, 29(1), 26-39. doi: 10.1111/mec.15250.
- Bergner, L. M., Orton, R. J., Broos, A., Tello, C., Becker, D. J., Carrera, J. E., Patel, A. H., Biek, R., & Streicker, D. G. (2021). Diversification of mammalian deltaviruses by host shifting. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(3), e2019907118. doi: [10.1073/pnas.2019907118](https://doi.org/10.1073/pnas.2019907118)
- Bergner, L. M., Orton, R. J., da Silva Filipe, A., Shaw, A. E., Becker, D. J., Tello, C., Biek, R., & Streicker, D. G. (2019). Using noninvasive metagenomics to characterize viral communities from wildlife. *Molecular ecology resources*, 19(1), 128-143. doi: 10.1111/1755-0998.12946.
- Berguido, F. J., Burbelo, P. D., Bortolami, A., Bonfante, F., Wernike, K., Hoffmann, D., Balkema-Buschmann, A., Beer, M., Dundon, W. G., Lamien, C. E., & Cattoli, G. (2021). Serological detection of SARS-CoV-2 antibodies in naturally-infected mink and other experimentally-infected animals. *Viruses*, 13(8), 1649. doi: 10.3390/v13081649.
- Bernardes Filho, F., Martins, G., Luchi, G. S., Kac, B. K., Nery, J. A. D. C., Azulay-Abulafia, L., & Azulay, D. R. (2014). Multiple lesions by vampire bat bites in a patient in Niterói, Brazil-Case report. *Anais Brasileiros de Dermatologia*, 89, 340-343. doi: [10.1590/abd1806-4841.20142996](https://doi.org/10.1590/abd1806-4841.20142996)
- Bernardi, F., Nadin-Davis, S. A., Wandeler, A. I., Armstrong, J., Gomes, A. A. B., Lima, F. S., Nogueira, F. R. B., & Ito, F. H. (2005). Antigenic and genetic characterization of rabies viruses isolated from domestic and wild animals of Brazil identifies the hoary fox as a rabies reservoir. *Journal of General Virology*, 86(11), 3153-3162. doi: 10.1099/vir.0.81223-0.
- Berrio, A., Gartner, V., & Wray, G. A. (2020). Positive selection within the genomes of SARS-CoV-2 and other Coronaviruses independent of impact on protein function. *PeerJ*, 8, e10234. doi: 10.7717/peerj.10234.
- Berto, A., Anh, P. H., Carrique-Mas, J. J., Simmonds, P., Van Cuong, N., Tue, N. T., Van Dung, N., Woolhouse, M. E., Smith, I., Marsh, G. A., Bryant, J. E., Thwaites, G. E., Baker, S., Rabaa, M. A., & Wolfe, N. (2018). Detection of

potentially novel paramyxovirus and coronavirus viral RNA in bats and rats in the Mekong Delta region of southern Viet Nam. *Zoonoses and public health*, 65(1), 30-42. doi: 10.1111/zph.12362.

- Biek, R., Walsh, P. D., Leroy, E. M., & Real, L. A. (2006). Recent common ancestry of Ebola Zaire virus found in a bat reservoir. *PLoS pathogens*, 2(10), e90. doi: 10.1371/journal.ppat.0020090.
- Biesold, S. E., Ritz, D., Gloza-Rausch, F., Wollny, R., Drexler, J. F., Corman, V. M., Kalko, E. K., Oppong, S., Drosten, C., & Müller, M. A. (2011). Type I interferon reaction to viral infection in interferon-competent, immortalized cell lines from the African fruit bat *Eidolon helvum*. *PloS one*, 6(11), e28131. doi: 10.1371/journal.pone.0028131.
- Binger, T., Annan, A., Drexler, J. F., Müller, M. A., Kallies, R., Adankwah, E., Wollny, R., Kopp, A., Heidemann, H., Dei, D., Agya-Yao, F. C., Junglen, S., Feldt, T., Kurth, A., Oppong, S., Adu-Sarkodie, Y., & Drosten, C. (2015). A novel rhabdovirus isolated from the straw-colored fruit bat *Eidolon helvum*, with signs of antibodies in swine and humans. *Journal of Virology*, 89(8), 4588-4597. doi: 10.1128/JVI.02932-14.
- Bittar, C., Machado, R. R. G., Comelis, M. T., Bueno, L. M., Beguelini, M. R., Morielle-Versute, E., Nogueira, M. L., & Rahal, P. (2020). Alphacoronavirus detection in lungs, liver, and intestines of bats from Brazil. *Microbial ecology*, 79, 203-212. doi: 10.1007/s00248-019-01391-x.
- Bittar, C., Machado, R. R., Comelis, M. T., Bueno, L. M., Morielle-Versute, E., Beguelini, M. R., de Souza, R. P., Nogueira, M. L., & Rahal, P. (2018). Lack of serological and molecular evidence of arbovirus infections in bats from Brazil. *PLoS One*, 13(11), e0207010. doi: 10.1371/journal.pone.0207010.
- Black, E. M., Lowings, J. P., Smith, J., Heaton, P. R., & McElhinney, L. M. (2002). A rapid RT-PCR method to differentiate six established genotypes of rabies and rabies-related viruses using TaqMan™ technology. *Journal of virological methods*, 105(1), 25-35. doi: 10.1016/s0166-0934(02)00062-9.
- Black, E. M., McElhinney, L. M., Lowings, J. P., Smith, J., Johnstone, P., & Heaton, P. R. (2000). Molecular methods to distinguish between classical rabies and the rabies-related European bat lyssaviruses. *Journal of virological methods*, 87(1-2), 123-131. doi: 10.1016/s0166-0934(00)00159-2.
- Black, P., Douglas, I., & Field, H. (2015). This could be the start of something big—20 years since the identification of bats as the natural host of Hendra virus. *One Health*, 1, 14-16. doi: 10.1016/j.onehlt.2015.07.001.
- Blackwood, J. C., Streicker, D. G., Altizer, S., & Rohani, P. (2013). Resolving the roles of immunity, pathogenesis, and immigration for rabies persistence in vampire bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(51), 20837-20842. doi: 10.1073/pnas.1308817110.

- Blanton, J. D., Dyer, J., McBrayer, J., & Rupprecht, C. E. (2012). Rabies surveillance in the United States during 2011. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 241(6), 712-722. doi: 10.2460/javma.241.6.712.
- Blanton, J. D., Hanlon, C. A., & Rupprecht, C. E. (2007). Rabies surveillance in the United States during 2006. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 231(4), 540-556. doi: 10.2460/javma.231.4.540
- Blanton, J. D., Palmer, D., & Rupprecht, C. E. (2010). Rabies surveillance in the United States during 2009. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 237(6), 646-657. doi: 10.2460/javma.237.6.646.
- Blanton, J. D., Palmer, D., Christian, K. A., & Rupprecht, C. E. (2008). Rabies surveillance in the United States during 2007. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 233(6), 884-897. doi: 10.2460/javma.233.6.884.
- Blanton, J. D., Palmer, D., Dyer, J., & Rupprecht, C. E. (2011). Rabies surveillance in the United States during 2010. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 239(6), 773-783. doi: 10.2460/javma.239.6.773.
- Blanton, J. D., Robertson, K., Palmer, D., & Rupprecht, C. E. (2009). Rabies surveillance in the United States during 2008. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 235(6), 676-689. doi: 10.2460/javma.235.6.676.
- Boardman, W. S., Baker, M. L., Boyd, V., Crameri, G., Peck, G. R., Reardon, T., Smith, I. G., Caraguel, C. G. B., & Prowse, T. A. (2021). Serological evidence of exposure to a coronavirus antigenically related to severe acute respiratory syndrome virus (SARS-CoV-1) in the Grey-headed flying fox (*Pteropus poliocephalus*). *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(4), 2628-2632. doi: 10.1111/tbed.13908.
- Boardman, W. S., Baker, M. L., Boyd, V., Crameri, G., Peck, G. R., Reardon, T., Smith, I. G., Caraguel, C. G. B., & Prowse, T. A. (2020). Seroprevalence of three paramyxoviruses; Hendra virus, Tioman virus, Cedar virus and a rhabdovirus, Australian bat lyssavirus, in a range expanding fruit bat, the Grey-headed flying fox (*Pteropus poliocephalus*). *PloS one*, 15(5), e0232339. doi: 10.1371/journal.pone.0232339.
- Bogdanowicz, W., Lesiński, G., Sadkowska-Todys, M., Gajewska, M., & Rutkowski, R. (2013). Population genetics and bat rabies: a case study of *Eptesicus serotinus* in Poland. *Acta Chiropterologica*, 15(1), 35-56. doi: 10.1038/hdy.2015.20.
- Bokelmann, M., Edenborough, K., Hetzelt, N., Kreher, P., Lander, A., Nitsche, A., Vogel, U., Feldmann, H., Couacy-Hymann, E., & Kurth, A. (2020). Utility of primary cells to examine NPC1 receptor expression in *Mops condylurus*, a

potential Ebola virus reservoir. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(1), e0007952. doi: [10.1371/journal.pntd.0007952](https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007952)

- Bokelmann, M., Vogel, U., Debeljak, F., D  x, A., Riesle-Sbarbaro, S., Lander, A., Wahlbrink, A., Kromarek, N., Neil, S., Couacy-Hymann, E., Prescott, J., & Kurth, A. (2021). Tolerance and persistence of ebola virus in primary cells from *Mops condylurus*, a potential ebola virus reservoir. *Viruses*, 13(11), 2186. doi: 10.3390/v13112186.
- Bolatti, E. M., Zorec, T. M., Montani, M. E., Ho  njak, L., Chouhy, D., Viarengo, G., Casal, P. E., Barquez, R. M., Poljak, M., & Giri, A. A. (2020). A preliminary study of the virome of the South American free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) and identification of two novel mammalian viruses. *Viruses*, 12(4), 422. doi: 10.3390/v12040422.
- Bondre, V. P., Jadi, R. S., Mishra, A. C., Yergolkar, P. N., & Arankalle, V. A. (2007). West Nile virus isolates from India: evidence for a distinct genetic lineage. *Journal of General Virology*, 88(3), 875-884. doi: 10.1099/vir.0.82403-0.
- Boni, M. F., Lemey, P., Jiang, X., Lam, T. T. Y., Perry, B. W., Castoe, T. A., Rambaut, A., & Robertson, D. L. (2020). Evolutionary origins of the SARS-CoV-2 sarbecovirus lineage responsible for the COVID-19 pandemic. *Nature microbiology*, 5(11), 1408-1417. doi: 10.1038/s41564-020-0771-4.
- Bonilla-Aldana, D. K., Acevedo-L  pez, D., Aristiz  bal-Carmona, B. S., D  az-Garc  a, F. A., Sarmiento-Cano, C. C., Guti  rrez-Soleibe, S., Del Mar Espa  a-Cerquera, M., Obando-Cardona, D. M., Castrill  n-Correa, L. P., Castro-Henao, J., Su  rez-Mu  oz, J. E., Serna-Su  rez, S. C., Mora-Hern  ndez, M. A.,   lvarez-Amaya, V., Rodr  guez-Morales, A. J., Pecho-Silva, S., Paniz-Mondolfi, A., & Mattar11, S. (2021). Molecular and serological prevalence of Coronavirus in Chiropterans: A systematic review with meta-analysis. *Infez Med*, 29(2), 181-190. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34061782/>
- Bonilla-Aldana, D. K., Cardona-Trujillo, M. C., Garc  a-Barco, A., Holguin-Rivera, Y., Cortes-Bonilla, I., Bedoya-Arias, H. A., Pati  o-Cadavid, L. J., Tamayo-Orozco, J. D., Paniz-Mondolfi, A., Zambrano, L. I., Dhama, K., Sah, R., Rabaan, A. A., Balbin-Ramon, G. J., & Rodr  guez-Morales, A. J. (2020). MERS-CoV and SARS-CoV infections in animals: a systematic review and meta-analysis of prevalence studies. *Infez Med*, 28(suppl 1):71-83. doi: [10.20944/preprints202003.0103.v1](https://doi.org/10.20944/preprints202003.0103.v1)
- Bonilla-Aldana, D. K., Jimenez-Diaz, S. D., Arango-Duque, J. S., Aguirre-Florez, M., Balbin-Ramon, G. J., Paniz-Mondolfi, A., Su  rez, J. A., Pachar, R. M., Perez-Garcia, L. A., Delgado-Noguera, L. A., Sierra, M. A., Lara, F. A., Zambrano, L. I., & Rodr  guez-Morales, A. J. (2021). Bats in ecosystems and their Wide spectrum of viral infectious potential threats:

SARS-CoV-2 and other emerging viruses. *International Journal of Infectious Diseases*, 102, 87-96. Doi: [10.1016/j.ijid.2020.08.050](https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.08.050)

- Bonilla-Aldana, D. K., Jimenez-Diaz, S. D., Patel, S. K., Dhama, K., Rabaan, A. A., Sah, R., Sierra, M., Zambrano, L. I., Arteaga-Livias, K., & Rodriguez-Morales, A. J. (2020). Importance of bats in wildlife: Not just carriers of pandemic SARS-CoV-2 and other viruses. *J Pure Appl Microbiol*, 14(suppl 1), 709-712. doi: [10.22207/JPAM.14.SPL1.05](https://doi.org/10.22207/JPAM.14.SPL1.05)
- Bonvicino, C. R., Moreira, M. A., & Soares, M. A. (2014). Hepatitis B virus lineages in mammalian hosts: Potential for bidirectional cross-species transmission. *World journal of gastroenterology: WJG*, 20(24), 7665. doi: [10.3748/wjg.v20.i24.7665](https://doi.org/10.3748/wjg.v20.i24.7665).
- Bonwitt, J., Oltean, H., Lang, M., Kelly, R. M., & Goldoft, M. (2018). Bat rabies in Washington State: Temporal-spatial trends and risk factors for zoonotic transmission (2000–2017). *PloS one*, 13(10), e0205069. doi: [10.1371/journal.pone.0205069](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205069).
- Bordignon, J., Brasil-dos-Anjos, G., Bueno, C. R., Salvatiera-Oporto, J., Dávila, A. M. R., Grisard, E. C., & Zanetti, C. R. (2005). Detection and characterization of rabies virus in Southern Brazil by PCR amplification and sequencing of the nucleoprotein gene. *Archives of virology*, 150, 695-708. doi: [10.1007/s00705-004-0448-y](https://doi.org/10.1007/s00705-004-0448-y).
- Bosco-Lauth, A. M., Nemeth, N. M., Kohler, D. J., & Bowen, R. A. (2016). Viremia in North American mammals and birds after experimental infection with chikungunya viruses. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 94(3), 504. doi: [10.4269/ajtmh.15-0696](https://doi.org/10.4269/ajtmh.15-0696).
- Bossart, K. N., Wang, L. F., Flora, M. N., Chua, K. B., Lam, S. K., Eaton, B. T., & Broder, C. C. (2002). Membrane fusion tropism and heterotypic functional activities of the Nipah virus and Hendra virus envelope glycoproteins. *Journal of Virology*, 76(22), 11186-11198. doi: [10.1128/jvi.76.22.11186-11198.2002](https://doi.org/10.1128/jvi.76.22.11186-11198.2002).
- Botvinkin, A. D., Poleschuk, E. M., Kuzmin, I. V., Borisova, T. I., Gazaryan, S. V., Yager, P., & Rupprecht, C. E. (2003). Novel lyssaviruses isolated from bats in Russia. *Emerging infectious diseases*, 9(12), 1623. doi: [10.3201/eid0912.030374](https://doi.org/10.3201/eid0912.030374).
- Bourgarel, M., Noël, V., Pfukenyi, D., Michaux, J., André, A., Becquart, P., Cerqueira, F., Barrachina, C., Boué, V., Talignani, L., Matope, G., Missé, D., Morand, S., & Liégeois, F. (2019). Next-generation sequencing on insectivorous bat guano: An accurate tool to identify arthropod viruses of potential agricultural concern. *Viruses*, 11(12), 1102. doi: [10.3390/v11121102](https://doi.org/10.3390/v11121102).
- Bourgarel, M., Pfukenyi, D. M., Boué, V., Talignani, L., Chiweshe, N., Diop, F., Caron, A., Matope, G., Missé, D., & Liégeois, F. (2018). Circulation of Alphacoronavirus, Betacoronavirus and Paramyxovirus in Hipposideros bat

- species in Zimbabwe. *Infection, Genetics and Evolution*, 58, 253-257. doi: 10.1016/j.meegid.2018.01.007.
- Bourhy, H., Kissi, B., Lafon, M., Sacramento, D., & Tordo, N. (1992). Antigenic and molecular characterization of bat rabies virus in Europe. *Journal of Clinical Microbiology*, 30(9), 2419-2426. doi: 10.1128/jcm.30.9.2419-2426.1992.
 - Bowen, R. A., O'Shea, T. J., Shankar, V., Neubaum, M. A., Neubaum, D. J., & Rupprecht, C. E. (2013). Prevalence of neutralizing antibodies to rabies virus in serum of seven species of insectivorous bats from Colorado and New Mexico, United States. *Journal of Wildlife Diseases*, 49(2), 367-374. doi: 10.7589/2012-05-124.
 - Boys, I. N., Xu, E., Mar, K. B., Pamela, C., Eitson, J. L., Moon, B., & Schoggins, J. W. (2020). RTP4 is a potent IFN-inducible anti-flavivirus effector engaged in a host-virus arms race in bats and other mammals. *Cell host & microbe*, 28(5), 712-723. doi: 10.1016/j.chom.2020.09.014.
 - Brandão, P. E., Scheffer, K., Villarreal, L. Y., Achkar, S., Oliveira, R. D. N., Fahl, W. D. O., Castilho, J. G., Kotait, I., & Richtzenhain, L. J. (2008). A coronavirus detected in the vampire bat *Desmodus rotundus*. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 12, 466-468. doi: 10.1590/s1413-86702008000600003.
 - Brändel, S. D., Tschapka, M., Page, R., Rasche, A., Corman, V. M., Drosten, C., & Sommer, S. (2018). Astrovirus infections induce age-dependent dysbiosis in gut microbiomes of bats. *The ISME Journal*, 12(12), 2883-2893. doi: 10.1038/s41396-018-0239-1
 - Breed, A. C., Breed, M. F., Meers, J., & Field, H. E. (2011). Evidence of endemic Hendra virus infection in flying-foxes (*Pteropus conspicillatus*)—implications for disease risk management. *PLoS One*, 6(12), e28816. doi: 10.1371/journal.pone.0028816
 - Breed, A. C., Field, H. E., Epstein, J. H., & Daszak, P. (2006). Emerging henipaviruses and flying foxes—conservation and management perspectives. *Biological Conservation*, 131(2), 211-220. doi: 10.1016/j.biocon.2006.04.007.
 - Breed, A. C., Meers, J., Sendow, I., Bossart, K. N., Barr, J. A., Smith, I., Wacharapluesadee, S., Wang, L., & Field, H. E. (2013). The distribution of henipaviruses in Southeast Asia and Australasia: is Wallace's line a barrier to Nipah virus?. *PloS one*, 8(4), e61316. doi: 10.1371/journal.pone.0061316.
 - Breed, A. C., Yu, M., Barr, J. A., Crameri, G., Thalmann, C. M., & Wang, L. F. (2010). Prevalence of henipavirus and rubulavirus antibodies in pteropid bats, Papua New Guinea. *Emerging infectious diseases*, 16(12), 1997. doi: 10.3201/eid1612.100879.
 - Brierley, L., & Fowler, A. (2021). Predicting the animal hosts of coronaviruses from compositional biases of spike protein and whole genome sequences

- through machine learning. *PLoS pathogens*, 17(4), e1009149. doi: 10.1371/journal.ppat.1009149.
- Brierley, L., Vonhof, M. J., Olival, K. J., Daszak, P., & Jones, K. E. (2016). Quantifying global drivers of zoonotic bat viruses: a process-based perspective. *The American Naturalist*, 187(2), E53-E64. doi: 10.1086/684391.
 - Briestenská, K., Janíková, M., Kabát, P., Csepányiová, D., Zukaľ, J., Pikula, J., Kováčová, V., Linhart, P., Bandouchová, H., & Mistríková, J. (2018). Bats as another potential source of murine gammaherpesvirus 68 (MHV-68) in nature. *Acta virol*, 62, 337-339. doi: 10.4149/av_2018_229.
 - Brinkmann, A., Kohl, C., Radonić, A., Dabrowski, P. W., Mühldorfer, K., Nitsche, A., Wibbelt, G., & Kurth, A. (2020). First detection of bat-borne Issyk-Kul virus in Europe. *Scientific Reports*, 10(1), 22384. doi: 10.1038/s41598-020-79468-8.
 - Brook, C. E., & Dobson, A. P. (2015). Bats as 'special' reservoirs for emerging zoonotic pathogens. *Trends in microbiology*, 23(3), 172-180. doi: 10.1016/j.tim.2014.12.004.
 - Brook, C. E., Ranaivoson, H. C., Broder, C. C., Cunningham, A. A., Héraud, J. M., Peel, A. J., Gibson, L., Wood, J. L. N., Metcalf, C.J., & Dobson, A. P. (2019). Disentangling serology to elucidate henipa-and filovirus transmission in Madagascar fruit bats. *Journal of Animal Ecology*, 88(7), 1001-1016. doi: 10.1111/1365-2656.13805.
 - Brookes, S. M., Aegerter, J. N., Smith, G. C., Healy, D. M., Jolliffe, T. A., Swift, S. M., Mackie, I. J., Pritchard, J. S., Racey, P. A., Moore, N. P., & Fooks, A. R. (2005). European bat lyssavirus in Scottish bats. *Emerging Infectious Diseases*, 11(4), 572. doi: 10.3201/eid1104.040920.
 - Brookes, S. M., Parsons, G., Johnson, N., McElhinney, L. M., & Fooks, A. R. (2005). Rabies human diploid cell vaccine elicits cross-neutralising and cross-protecting immune responses against European and Australian bat lyssaviruses. *Vaccine*, 23(32), 4101-4109. doi: 10.1016/j.vaccine.2005.03.037.
 - Brüssow, H. (2021). COVID-19: emergence and mutational diversification of SARS-CoV-2. *Microbial Biotechnology*, 14(3), 756-768. doi: 10.1111/1751-7915.13800.
 - Budkina, A. Y., Korneenko, E. V., Kotov, I. A., Kiselev, D. A., Artyushin, I. V., Speranskaya, A. S., Khafizov, K., & Akimkin, V. G. (2021). Utilizing the VirIdAI pipeline to search for viruses in the metagenomic data of bat samples. *Viruses*, 13(10), 2006. doi: 10.3390/v13102006.
 - Bukin, Y. S., Bondaryuk, A. N., Kulakova, N. V., Balakhonov, S. V., Dzhioev, Y. P., & Zlobin, V. I. (2021). Phylogenetic reconstruction of the initial stages of the spread of the SARS-CoV-2 virus in the Eurasian and American continents by analyzing genomic data. *Virus Research*, 305, 198551. doi: 10.1016/j.virusres.2021.198551.

- Bunde, J. M., Heske, E. J., Mateus-Pinilla, N. E., Hofmann, J. E., & Novak, R. J. (2006). A survey for West Nile virus in bats from Illinois. *Journal of wildlife diseases*, 42(2), 455-458. doi: 10.7589/0090-3558-42.2.455.
- Buonocore, M., Marino, C., Grimaldi, M., Santoro, A., Firoznejhad, M., Paciello, O., Prisco, F., & D'Ursi, A. M. (2020). New putative animal reservoirs of SARS-CoV-2 in Italian fauna: A bioinformatic approach. *Heliyon*, 6(11):e05430. doi: 10.1016/j.heliyon.2020.e05430.
- Burroughs, A. L., Durr, P. A., Boyd, V., Graham, K., White, J. R., Todd, S., Barr, J., Smith, I., Baverstock, G., Meers, J., Crameri, G., & Wang, L. F. (2016). Hendra virus infection dynamics in the grey-headed flying fox (*Pteropus poliocephalus*) at the southern-most extent of its range: Further evidence this species does not readily transmit the virus to horses. *PLoS One*, 11(6), e0155252. doi: 10.1371/journal.pone.0155252.
- Burroughs, A. L., Tachedjian, M., Crameri, G., Durr, P. A., Marsh, G. A., & Wang, L. F. (2015). Complete genome sequence of Teviot paramyxovirus, a novel rubulavirus isolated from fruit bats in Australia. *Genome announcements*, 3(2), 10-1128. doi: 10.1128/genomeA.00177-15.
- Cabral, C. C., Morais, A. C. N. D., Dias, A. V. D. A. B., Araújo, M. G., Moreira, W. C., & Mattos, G. L. M. (2012). Circulation of the rabies virus in non-hematophagous bats in the city of Rio de Janeiro, Brazil, during 2001-2010. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 45, 180-183. doi: 10.1590/s0037-86822012000200008.
- Cabrera-Romo, S., Max Ramirez, C., Recio-Tótoro, B., Tolentino-Chi, J., Lanz, H., Del Angel, R. M., Sánchez-Cordero, V., Rodríguez-Moreno, Á., & Ludert, J. E. (2016). No evidence of dengue virus infections in several species of bats captured in central and southern Mexico. *Zoonoses and public health*, 63(8), 579-583. doi: 10.1111/zph.12276.
- Cabrera-Romo, S., Recio-Tótoro, B., Alcalá, A. C., Lanz, H., del Ángel, R. M., Sánchez-Cordero, V., Rodríguez-Moreno, Á., & Ludert, J. E. (2014). Experimental inoculation of *Artibeus jamaicensis* bats with dengue virus serotypes 1 or 4 showed no evidence of sustained replication. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 91(6), 1227. doi: 10.4269/ajtmh.14-0361.
- Cadar, D., Becker, N., de Mendonca Campos, R., Börstler, J., Jöst, H., & Schmidt-Chanasit, J. (2014). Usutu virus in bats, Germany, 2013. *Emerging Infectious Diseases*, 20(10), 1771-3. doi: 10.3201/eid2010.140909.
- Cadar, D., Bosch, S., Jöst, H., Börstler, J., Garigliany, M. M., Becker, N., & Schmidt-Chanasit, J. (2015). Putative lineage of novel African Usutu virus, central Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 21(9), 1647-50. doi: 10.3201/eid2109.142026.

- Cagliani, R., Forni, D., Clerici, M., & Sironi, M. (2020). Coding potential and sequence conservation of SARS-CoV-2 and related animal viruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 83, 104353. doi: 10.1016/j.meegid.2020.104353.
- Cai, Y., Yú, S., Jangra, R. K., Tesh, R. B., Whelan, S. P., & Kuhn, J. H. (2019). Human, nonhuman primate, and bat cells are broadly susceptible to tibrovirus particle cell entry. *Frontiers in Microbiology*, 10, 856. doi: 10.3389/fmicb.2019.00856.
- Cai, Y., Yú, S., Postnikova, E. N., Mazur, S., Bernbaum, J. G., Burk, R., ... & Kuhn, J. H. (2014). CD26/DPP4 cell-surface expression in bat cells correlates with bat cell susceptibility to Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) infection and evolution of persistent infection. *PloS one*, 9(11), e112060. doi: 10.1371/journal.pone.0112060.
- Caire, W., Loucks, L. S., & Brown, P. L. (2014). BAT RABIES IN OKLAHOMA. *The Southwestern Naturalist*, 59(4), 550–555. <http://www.jstor.org/stable/44732152>
- Calderón, A., Guzmán, C., Mattar, S., Rodríguez, V., Acosta, A., & Martínez, C. (2019). Frugivorous bats in the Colombian Caribbean region are reservoirs of the rabies virus. *Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials*, 18, 1-8. doi: 10.1186/s12941-019-0308-y.
- Calderón, A., Guzmán, C., Mattar, S., Rodriguez, V., Martínez, C., Violet, L., Martínez, J., & Figueiredo, L. T. M. (2019). Dengue virus in bats from Córdoba and Sucre, Colombia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 19(10), 747-751. doi: 10.1089/vbz.2018.2324.
- Calderón, A., Guzmán, C., Oviedo-Socarras, T., Mattar, S., Rodríguez, V., Castañeda, V., & Moraes Figueiredo, L. T. (2021). Two cases of natural infection of dengue-2 virus in bats in the Colombian Caribbean. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 6(1), 35. doi: 10.3390/tropicalmed6010035.
- Calisher, C. H., Childs, J. E., Field, H. E., Holmes, K. V., & Schountz, T. (2006). Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clinical microbiology reviews*, 19(3), 531-545. doi: 10.1128/CMR.00017-06.
- Calvelage, S., Freuling, C. M., Fooks, A. R., Höper, D., Marston, D. A., McElhinney, L., Rasmussen, T. B., Finke, S., Beer, M., & Müller, T. (2021). Full-genome sequences and phylogenetic analysis of archived Danish European bat lyssavirus 1 (EBLV-1) emphasize a higher genetic resolution and spatial segregation for sublineage 1a. *Viruses*, 13(4), 634. doi: 10.3390/v13040634.
- Calvelage, S., Tammiranta, N., Nokireki, T., Gadd, T., Eggerbauer, E., Zaeck, L. M., Potratz, M., Wylezich, C., Höper, D., Müller, T., Finke, S., & Freuling, C. M. (2021). Genetic and antigenetic characterization of the novel kotalahti bat lyssavirus (KBLV). *Viruses*, 13(1), 69. doi: 10.3390/v13010069.
- Cameron, K. N., Niama, F. R., Hayes, B., Mbala, P., Olson, S. H., Takuo, J. M., Ondzie, A., Diffo, J. L. D., Smith, B. R., Pante, J., Laudisoit, A., LeBreton, M.,

- Tamufe, U., Makuwa, M., Joly, D. O., Goldstein, T., Muyembe Tamfum, J. J., Bagamboula MPassi, R., & Lange, C. E. (2021). Sequences of previously unknown rhabdoviruses detected in bat samples from the Republic of the Congo. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 21(7), 552-555. doi: 10.1089/vbz.2020.2736.
- Cameron, K., Hayes, B., Olson, S. H., Smith, B. R., Pante, J., Laudisoit, A., Goldstein, T., Joly, D. O., Bagamboula MPassi, R., & Lange, C. E. (2020). Detection of first gammaherpesvirus sequences in Central African bats. *New Microbes and New Infections*, 36, 100705. doi: 10.1016/j.nmni.2020.100705.
 - Campos ACA, Góes LGB, Moreira-Soto A, de Carvalho C, Ambar G, Sander AL, Fischer C, Ruckert da Rosa A, Cardoso de Oliveira D, Kataoka APG, Pedro WA, Martorelli LFA, Queiroz LH, Cruz-Neto AP, Durigon EL, Drexler JF. Bat Influenza A(HL18NL11) Virus in Fruit Bats, Brazil. *Emerg Infect Dis*. 2019 Feb;25(2):333-337. doi: 10.3201/eid2502.181246.
 - Cantalupo, P. G., Buck, C. B., & Pipas, J. M. (2017). Complete genome sequence of a polyomavirus recovered from a pomona leaf-nosed bat (*Hipposideros pomona*) metagenome data set. *Genome Announcements*, 5(3), 10-1128. doi: 10.1128/genomeA.01053-16.
 - Canuti, M., Eis-Huebinger, A. M., Deijis, M., de Vries, M., Drexler, J. F., Oppong, S. K., Müller, M. A., Klose, S. M., Wellinghausen, N., Cottontail, V. M., Kalko, E. K., Drosten, C., & van der Hoek, L. (2011). Two novel parvoviruses in frugivorous New and Old World bats. *PLoS One*, 6(12), e29140. doi: 10.1371/journal.pone.0029140.
 - Cappelle, J., Furey, N., Hoem, T., Ou, T. P., Lim, T., Hul, V., Heng O., Chevalier V., Dussart P., & Duong, V. (2021). Longitudinal monitoring in Cambodia suggests higher circulation of alpha and betacoronaviruses in juvenile and immature bats of three species. *Scientific Reports*, 11(1), 24145. doi: [10.1038/s41598-021-03169-z](https://doi.org/10.1038/s41598-021-03169-z)
 - Cappelle, J., Hoem, T., Hul, V., Furey, N., Nguon, K., Prigent, S., Dupon, L., Ken, S., Neung, C., Hok, V., Pring, L., Lim, T., Bumrungsri, S., Duboz, R., Buchy, P., Ly, S., Duong, V., Tarantola, A., Binot, A., & Dussart, P. (2020). Nipah virus circulation at human–bat interfaces, Cambodia. *Bulletin of the World Health Organization*, 98(8), 539. doi: 10.2471/BLT.20.254227.
 - Caraballo, D. A., Lombardo, M. A., Becker, P., Sabio, M. S., Lema, C., Martínez, L. M., Beltrán, F. J., Li, Y., & Cisterna, D. M. (2020). Evaluation of two real-time, TaqMan reverse transcription-PCR assays for detection of rabies virus in circulating variants from Argentina: influence of sequence variation. *Viruses*, 13(1), 23. doi: 10.3390/v13010023.
 - Caraballo, H., & Alejandro, J. (1996). Outbreak of vampire bat biting in a Venezuelan village. *Revista de saude publica*, 30, 483-484. doi: 10.1590/s0034-89101996000500012.

- Cárdenas-Canales, E. M., Gigante, C. M., Greenberg, L., Velasco-Villa, A., Ellison, J. A., Satheshkumar, P. S., Medina-Magües, L. G., Griesser, R., Falendysz, E., Amezcua, I., Osorio, J. E., & Rocke, T. E. (2020). Clinical presentation and serologic response during a rabies epizootic in captive common vampire bats (*Desmodus rotundus*). *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 5(1), 34. doi: 10.3390/tropicalmed5010034.
- Cargnelutti, J. F., de Oliveira, P. S. B., Pacheco, S. M., Dos Santos, H. F., Weiblen, R., & Flores, E. F. (2021). Genetic identification of a rabies virus from an insectivorous bat in an urban area of Rio Grande do Sul, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*, 52(3), 1627-1630. doi: 10.1007/s42770-021-00519-x.
- Carneiro, A. J., Franke, C. R., Stöcker, A., Dos Santos, F., de Sa, J. E. U., Moraes-Silva, E., Alves, J. N., Brunink, S., Corman, V. M., Drosten, C., & Drexler, J. F. (2010). Rabies virus RNA in naturally infected vampire bats, northeastern Brazil. *Emerging infectious diseases*, 16(12), 2004. doi: 10.3201/eid1612.100726.
- Carneiro, N. F. D. F., Caldeira, A. P., Antunes, L. A., Carneiro, V. F., & Carneiro, G. F. (2009). Raiva em morcegos *Artibeus lituratus* em Montes Claros, Estado de Minas Gerais. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 42, 449-451. Doi: [10.1590/S0037-86822009000400017](https://doi.org/10.1590/S0037-86822009000400017)
- Carnieli Jr, P., Castilho, J. G., de Oliveira Fahl, W., Vêras, N. M. C., & Timenetsky, M. D. C. S. T. (2009). Genetic characterization of rabies virus isolated from cattle between 1997 and 2002 in an epizootic area in the state of São Paulo, Brazil. *Virus Research*, 144(1-2), 215-224. doi: 10.1016/j.virusres.2009.05.001.
- Carnieli Junior, P., Fahl, W. D. O., Castilho, J. G., Brandão, P. E., Carrieri, M. L., & Kotait, I. (2008). Species determination of Brazilian mammals implicated in the epidemiology of rabies based on the control region of mitochondrial DNA. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 12, 462-465. doi: 10.1590/s1413-86702008000600002.
- Carnieli, P., de Oliveira Fahl, W., Brandão, P. E., de Novaes Oliveira, R., Macedo, C. I., Durymanova, E., & Castilho, J. G. (2010). Comparative analysis of rabies virus isolates from Brazilian canids and bats based on the G gene and GL intergenic region. *Archives of virology*, 155, 941-948. doi: 10.1007/s00705-010-0671-7.
- Caron, A., Bourgarel, M., Cappelle, J., Liégeois, F., De Nys, H. M., & Roger, F. (2018). Ebola virus maintenance: if not (only) bats, what else?. *Viruses*, 10(10), 549. doi: 10.3390/v10100549.
- Carr, M., Gonzalez, G., Sasaki, M., Dool, S. E., Ito, K., Ishii, A., Hang'ombe, B. M., Mweene, A. S., Teeling, E. C., Hall, W. W., Orba, Y., & Sawa, H. (2017). Identification of the same polyomavirus species in different African horseshoe

- bat species is indicative of short-range host-switching events. *Journal of General Virology*, 98(11), 2771-2785. doi: 10.1099/jgv.0.000935.
- Carr, M., Gonzalez, G., Sasaki, M., Ito, K., Ishii, A., Hang'ombe, B. M., Orba, Y., & Sawa, H. (2017). Discovery of African bat polyomaviruses and infrequent recombination in the large T antigen in the Polyomaviridae. *Journal of General Virology*, 98(4), 726-738. doi: 10.1099/jgv.0.000737.
 - Carrington, C. V., Foster, J. E., Zhu, H. C., Zhang, J. X., Smith, G. J., Thompson, N., Auguste, A. J., Ramkissoon, V., Adesiyun, A. A., & Guan, Y. (2008). Detection and phylogenetic analysis of group 1 coronaviruses in South American bats. *Emerging infectious diseases*, 14(12), 1890. doi: 10.3201/eid1412.080642.
 - Carroll, S. A., Towner, J. S., Sealy, T. K., McMullan, L. K., Khristova, M. L., Burt, F. J., Swanepoel, R., Rollin, P. E., & Nichol, S. T. (2013). Molecular evolution of viruses of the family Filoviridae based on 97 whole-genome sequences. *Journal of virology*, 87(5), 2608-2616. doi: 10.1128/JVI.03118-12.
 - Casagrande, D. K. A., Favaro, A. B. B. D. B. D. C., Carvalho, C. D., Picolo, M. R., Hernandez, J. C. B., Lot, M. S., Albas, A., Araújo, D. B., André Pedro, W., & Queiroz, L. H. (2014). Rabies surveillance in bats in Northwestern State of São Paulo. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 47, 709-715. doi: 10.1590/0037-8682-0189-2014.
 - Castilho, J. G., Canello, F. M., Scheffer, K. C., Achkar, S. M., Carrieri, M. L., & Kotait, I. (2008). Antigenic and genetic characterization of the first rabies virus isolated from the bat *Eumops perotis* in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 50, 95-99. doi: 10.1590/s0036-46652008000200006.
 - Castilho, J. G., Carnieli Jr, P., Durymanova, E. A., de Oliveira Fahl, W., de Novaes Oliveira, R., Macedo, C. I., da Rosa, E. S., Mantilla, A., Carrieri, M. L., & Kotait, I. (2010a). Human rabies transmitted by vampire bats: antigenic and genetic characterization of rabies virus isolates from the Amazon region (Brazil and Ecuador). *Virus Research*, 153(1), 100-105. doi: 10.1016/j.virusres.2010.07.012.
 - Castilho, J. G., Carnieli Jr, P., Oliveira, R. N., Fahl, W. O., Cavalcante, R., Santana, A. A., Rosa, W. L., Carrieri, M. L., & Kotait, I. (2010b). A comparative study of rabies virus isolates from hematophagous bats in Brazil. *Journal of Wildlife Diseases*, 46(4), 1335-1339. doi: 10.7589/0090-3558-46.4.1335.
 - Ceballos, N. A., Morón, S. V., Berciano, J. M., Nicolás, O., López, C. A., Juste, J., Rodríguez, N. C., AguilarSetién, A., & Echevarría, J. E. (2013). Novel lyssavirus in bat, Spain. *Emerging infectious diseases*, 19(5), 793. doi: 10.3201/eid1905.121071.
 - Ceraolo, C., & Giorgi, F. M. (2020). Genomic variance of the 2019-nCoV coronavirus. *Journal of medical virology*, 92(5), 522-528.

- Certoma, A., Lunt, R. A., Vosloo, W., Smith, I., Colling, A., Williams, D. T., Tran, T., & Blacksell, S. D. (2018). Assessment of a rabies virus rapid diagnostic test for the detection of Australian bat lyssavirus. *Tropical medicine and infectious disease*, 3(4), 109. doi: 10.3390/tropicalmed3040109.
- Chakraborty, A., Sazzad, H. M. S., Hossain, M. J., Islam, M. S., Parveen, S., Husain, M., Banu, S. S., Podder, G., Afroj, S., Rollin, P. E., Daszak, P., Luby, S. P., Rahman, M., & Gurley, E. S. (2016). Evolving epidemiology of Nipah virus infection in Bangladesh: evidence from outbreaks during 2010–2011. *Epidemiology & Infection*, 144(2), 371-380. doi: 10.1017/S0950268815001314.
- Chan, J. F. W., To, K. K. W., Tse, H., Jin, D. Y., & Yuen, K. Y. (2013). Interspecies transmission and emergence of novel viruses: lessons from bats and birds. *Trends in microbiology*, 21(10), 544-555. doi: 10.1016/j.tim.2013.05.005.
- Changula, K., Kajihara, M., Mori-Kajihara, A., Eto, Y., Miyamoto, H., Yoshida, R., Shigeno, A., Hang'ombe, B., Qiu, Y., Mwizabi, D., Squarre, D., Ndebe, J., Ogawa, H., Harima, H., Simulundu, E., Moonga, L., Kapila, P., Furuyama, W., Kondoh, T., Sato, M., Takadate, Y., Kaneko, C., Nakao, R., Mukonka, V., Mweene, A., & Takada, A. (2018). Seroprevalence of filovirus infection of *Rousettus aegyptiacus* bats in Zambia. *The Journal of Infectious Diseases*, 218(suppl_5), S312-S317. doi: 10.1093/infdis/jiy266.
- Changula, K., Kajihara, M., Mweene, A. S., & Takada, A. (2014). Ebola and Marburg virus diseases in Africa: increased risk of outbreaks in previously unaffected areas?. *Microbiology and immunology*, 58(9), 483-491. doi: 10.1111/1348-0421.12181.
- Charles, J., Tangudu, C. S., Nunez-Avellaneda, D., Brault, A. C., & Blitvich, B. J. (2021). The host range restriction of bat-associated no-known-vector flaviviruses occurs post-entry. *Journal of General Virology*, 102(9), 001647. doi: 10.1099/jgv.0.001647.
- Chaves, L. B., Achkar, S. M., da Silva, A. D. C. R., Caporale, G. M. M., Cruz, P. S., Batista, A. M., Scheffer, K. C., Fernades, I., Carrieri, M. L., & De Gaspari, E. N. (2015). Monoclonal antibodies for characterization of rabies virus isolated from non-hematophagous bats in Brazil. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 9(11), 1238-1249. doi: 10.3855/jidc.6959.
- Chen, H., Guan, Y., & Fan, X. (2011). Animal reservoirs for SARS-like coronavirus in southern China. *Hong Kong Medical Journal= Xianggang yi xue za zhi*, 17, 36-40. Disponible en: <https://europepmc.org/article/med/22147358>
- Chen, M., Tachedjian, M., Marsh, G. A., Cui, J., & Wang, L. F. (2020). Distinct Cell Transcriptomic Landscapes Upon Henipavirus Infections. *Frontiers in Microbiology*, 11, 528301. doi: 10.3389/fmicb.2020.00986.

- Chen, Y. N., Hsu, H. C., Wang, S. W., Lien, H. C., Lu, H. T., & Peng, S. K. (2019). Entry of *Scotophilus* bat coronavirus-512 and severe acute respiratory syndrome coronavirus in human and multiple animal cells. *Pathogens*, 8(4), 259. doi: 10.3390/pathogens8040259.
- Chen, Y. N., Phuong, V. N., Chen, H. C., Chou, C. H., Cheng, H. C., & Wu, C. H. (2016). Detection of the severe acute respiratory syndrome-related coronavirus and alphacoronavirus in the bat population of Taiwan. *Zoonoses and public health*, 63(8), 608-615. doi: 10.1111/zph.12271.
- Chen, Y., Xu, Q., Yuan, X., Li, X., Zhu, T., Ma, Y., & Chen, J. L. (2017). Analysis of the codon usage pattern in Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus. *Oncotarget*, 8(66), 110337. doi: 10.18632/oncotarget.22738.
- Childs, J. E., Trimarchi, C. V., & Krebs, J. W. (1994). The epidemiology of bat rabies in New York State, 1988–92. *Epidemiology & Infection*, 113(3), 501-511. doi: 10.1017/s0950268800068515.
- Chippaux, J. P. (2014). Outbreaks of Ebola virus disease in Africa: the beginnings of a tragic saga. *Journal of venomous animals and toxins including tropical diseases*, 20, 02-14. doi: 10.1186/1678-9199-20-44.
- Chothe, S. K., Bhushan, G., Nissly, R. H., Yeh, Y. T., Brown, J., Turner, G., ... & Kuchipudi, S. V. (2017). Avian and human influenza virus compatible sialic acid receptors in little brown bats. *Scientific reports*, 7(1), 660. doi: 10.1038/s41598-017-00793-6.
- Chu, D. K. W., Peiris, J. S. M., Chen, H., Guan, Y., & Poon, L. L. M. (2008). Genomic characterizations of bat coronaviruses (1A, 1B and HKU8) and evidence for co-infections in *Miniopterus* bats. *Journal of General Virology*, 89(5), 1282-1287. doi: 10.1099/vir.0.83605-0.
- Chu, D. K. W., Poon, L. L. M., Chan, K. H., Chen, H., Guan, Y., Yuen, K. Y., & Peiris, J. S. M. (2006). Coronaviruses in bent-winged bats (*Miniopterus* spp.). *Journal of General Virology*, 87(9), 2461-2466. doi: 10.1099/vir.0.82203-0.
- Chu, D. K. W., Poon, L. L. M., Guan, Y., & Peiris, J. S. M. (2008). Novel astroviruses in insectivorous bats. *Journal of virology*, 82(18), 9107-9114. doi: 10.1128/JVI.00857-08.
- Chu, D. K., Peiris, J. M., & Poon, L. L. (2009). Novel coronaviruses and astroviruses in bats. *Virologica Sinica*, 24(2), 100-104. doi: 10.1007/s12250-009-3031-6.
- Chu, H., Chan, C. M., Zhang, X., Wang, Y., Yuan, S., Zhou, J., Au-Yeung, R. K., Sze, K. H., Yang, D., Shuai, H., Hou, Y., Li, C., Zhao, X., Poon, V. K., Leung, S. P., Yeung, M. L., Yan, J., Lu, G., Jin, D. Y., Gao, G. F., Chan, J. F., & Yuen, K. Y. (2018). Middle East respiratory syndrome coronavirus and bat coronavirus HKU9 both can utilize GRP78 for attachment onto host cells. *Journal of Biological Chemistry*, 293(30), 11709-11726. doi: 10.1074/jbc.RA118.001897.

- Chua, K. B. (2003). A novel approach for collecting samples from fruit bats for isolation of infectious agents. *Microbes and Infection*, 5(6), 487-490. doi: 10.1016/s1286-4579(03)00067-4.
- Chua, K. B. (2003). Nipah virus outbreak in Malaysia. *Journal of Clinical Virology*, 26(3), 265-275. doi: 10.1016/s1386-6532(02)00268-8.
- Chua, K. B. (2010). Epidemiology, surveillance and control of Nipah virus infections in Malaysia. *The Malaysian journal of pathology*, 32(2), 69-73. Disponible en: https://www.mjpath.org.my/2010.2/Nipah_virus_infections.pdf
- Chua, K. B., Bellini, W. J., Rota, P. A., Harcourt, B. H., Tamin, A., Lam, S. K., Ksiazek, T. G., Rollin, P. E., Zaki, S. R., Shieh, W., Goldsmith, C. S., Gubler, D. J., Roehrig, J. T., Eaton, B., Gould, A. R., Olson, J., Field, H., Daniels, P., Ling, A. E., Peters, C. J., Anderson, L. J., & Mahy, B. W. J. (2000). Nipah virus: a recently emergent deadly paramyxovirus. *Science*, 288(5470), 1432-1435. doi: 10.1126/science.288.5470.1432.
- Chua, K. B., Koh, C. L., Hooi, P. S., Wee, K. F., Khong, J. H., Chua, B. H., Chan, Y. P., Lim, M. E., & Lam, S. K. (2002). Isolation of Nipah virus from Malaysian Island flying-foxes. *Microbes and infection*, 4(2), 145-151. doi: 10.1016/s1286-4579(01)01522-2.
- Chua, K. B., Wang, L. F., Lam, S. K., Cramer, G., Yu, M., Wise, T., Boyle, D., Hyatt, A. D., & Eaton, B. T. (2001). Tioman virus, a novel paramyxovirus isolated from fruit bats in Malaysia. *Virology*, 283(2), 215-229. doi: 10.1006/viro.2000.0882.
- Cibulski, S. P., de Sales Lima, F. E., Teixeira, T. F., Varela, A. P. M., Scheffer, C. M., Mayer, F. Q., Witt, A. A., & Roehe, P. M. (2021). Detection of multiple viruses in oropharyngeal samples from Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) using viral metagenomics. *Archives of virology*, 166, 207-212. doi: 10.1007/s00705-020-04825-x.
- Cibulski, S. P., Teixeira, T. F., de Sales Lima, F. E., do Santos, H. F., Franco, A. C., & Roehe, P. M. (2014). A novel Anelloviridae species detected in *Tadarida brasiliensis* bats: first sequence of a chiropteran Anellovirus. *Genome announcements*, 2(5), 10-1128. doi: 10.1128/genomeA.01028-14.
- Ciminski, K., & Schwemmler, M. (2021). Bat-borne influenza A viruses: an awakening. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 11(2), a038612. doi: 10.1101/cshperspect.a038612.
- Ciminski, K., Pfaff, F., Beer, M., & Schwemmler, M. (2020). Bats reveal the true power of influenza A virus adaptability. *PLoS Pathogens*, 16(4), e1008384. doi: 10.1371/journal.ppat.1008384.
- Ciminski, K., Ran, W., Gorka, M., Lee, J., Malmlov, A., Schinköthe, J., Eckley, M., Murrieta, R. A., Aboellail, T. A., Campbell, C. L., Ebel, G. D., Ma, J., Pohlmann, A., Franzke, K., Ulrich, R., Hoffmann, D., García-Sastre, A., Ma, W., Schountz, T., Beer, M., & Schwemmler, M. (2019). Bat influenza viruses transmit

among bats but are poorly adapted to non-bat species. *Nature microbiology*, 4(12), 2298-2309. doi: 10.1038/s41564-019-0556-9.

- Ciminski, K., Thamamongood, T., Zimmer, G., & Schwemmle, M. (2017). Novel insights into bat influenza A viruses. *Journal of General Virology*, 98(10), 2393-2400.
- Cirkovic, V., Stamenkovic, G., Jovanovic, J., Siljic, M., Paunovic, M., & Stanojevic, M. (2016). Failure to detect viral RNA in bat samples collected in the Balkan region.
- Cisterna, D., Bonaventura, R., Caillou, S., Pozo, O., Andreau, M. L., Dalla Fontana, L., ... & Freire, M. C. (2005). Antigenic and molecular characterization of rabies virus in Argentina. *Virus research*, 109(2), 139-147.
- Clark, R., Taylor, A., Garcia, F., Krone, T., & Brown, H. E. (2015). Recognizing the role of skunks in human and animal rabies exposures in the Southwest. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 15(8), 494-501.
- Clayton, B. A., Wang, L. F., & Marsh, G. A. (2013). Henipaviruses: an updated review focusing on the pteropid reservoir and features of transmission. *Zoonoses and public health*, 60(1), 69-83.
- Coertse, J., Geldenhuys, M., Le Roux, K., & Markotter, W. (2021). Lagos bat virus, an under-reported rabies-related lyssavirus. *Viruses*, 13(4), 576.
- Coertse, J., Grobler, C. S., Sabeta, C. T., Seamark, E. C., Kearney, T., Paweska, J. T., & Markotter, W. (2020). Lyssaviruses in insectivorous bats, South Africa, 2003–2018. *Emerging infectious diseases*, 26(12), 3056.
- Coertse, J., Nel, L. H., Weyer, J., Markotter, W., Sabeta, C. T., Grobler, A., & Walters, J. (2011). A case study of rabies diagnosis from formalin-fixed brain material. *Journal of the South African Veterinary Association*, 82(4), 250-253.4
- Cogswell-Hawkinson, A., Bowen, R., James, S., Gardiner, D., Calisher, C. H., Adams, R., & Schountz, T. (2012). Tacaribe virus causes fatal infection of an ostensible reservoir host, the Jamaican fruit bat. *Journal of virology*, 86(10), 5791-5799.
- Colombi, D., Serra-Cobo, J., Métras, R., Apolloni, A., Poletto, C., López-Roig, M., Bourhy, H., & Colizza, V. (2019). Mechanisms for lyssavirus persistence in non-synanthropic bats in Europe: insights from a modeling study. *Scientific Reports*, 9(1), 537. doi:10.1038/s41598-018-36485-y
- Colombo, F., Corsiero, E., Lewis, M. J., & Pitzalis, C. (2021). Generation of restriction endonucleases barcode map to trace SARS-CoV-2 origin and evolution. *Scientific Reports*, 11(1), 11773. doi: 10.1038/s41598-021-91264-6.
- Colunga-Salas, P., & Hernández-Canchola, G. (2021). Bats and humans during the SARS-CoV-2 outbreak: The case of bat-coronaviruses from Mexico. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(3), 987-992. doi: 10.1111/tbed.13751.

- Colunga-Salas, P., Sánchez-Montes, S., Grostieta, E., Verde-Arregoitia, L. D., Cabrera-Garrido, M. Y., Becker, I., & León-Paniagua, L. (2020). What do studies in wild mammals tell us about human emerging viral diseases in Mexico?. *Transboundary and emerging diseases*, 67(1), 33-45. doi: 10.1111/tbed.13336
- Condori-Condori, R. E., Streicker, D. G., Cabezas-Sanchez, C., & Velasco-Villa, A. (2013). Enzootic and epizootic rabies associated with vampire bats, Peru. *Emerging infectious diseases*, 19(9), 1463. doi: 10.3201/eid1809.130083.
- Conrardy, C., Tao, Y., Kuzmin, I. V., Niezgoda, M., Agwanda, B., Breiman, R. F., Anderson, L. J., Rupprecht, C. E., & Tong, S. (2014). Molecular detection of adenoviruses, rhabdoviruses, and paramyxoviruses in bats from Kenya. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 91(2), 258. doi: 10.4269/ajtmh.13-0664.
- Constantine, D. G. (2003). Geographic translocation of bats: known and potential problems. *Emerging infectious diseases*, 9(1), 17-21. doi: 10.3201/eid0901.020104.
- Corman, V. M., Baldwin, H. J., Tateno, A. F., Zerbinati, R. M., Annan, A., Owusu, M., Nkrumah, E. E., Maganga, G. D., Oppong, S., Adu-Sarkodie, Y., Vallo, P., da Silva Filho, L. V., Leroy, E. M., Thiel, V., van der Hoek, L., Poon, L. L., Tschapka, M., Drosten, C., & Drexler, J. F. (2015). Evidence for an ancestral association of human coronavirus 229E with bats. *Journal of virology*, 89(23), 11858-11870. bat colony, Ghana. *Virus research*, 210, 42-45. doi: 10.1128/JVI.01755-15.
- Corman, V. M., Rasche, A., Diallo, T. D., Cottontail, V. M., Stöcker, A., Souza, B. F. D. C. D., Corrêa, J. I., Carneiro, A. J. B., Franke, C. R., Nagy, M., Metz, M., Knörnschild, M., Kalko, E. K. V., Ghanem, S. J., Morales, K. D. S., Salsamendi, E., Spínola, M., Herrler, G., Voigt, C. C., Tschapka, M., Drosten, C., & Drexler, J. F. (2013). Highly diversified coronaviruses in neotropical bats. *Journal of General Virology*, 94(9), 1984-1994. doi: 10.1099/vir.0.054841-0.
- Coronavirus, E. R. S. (2014). Rooting the Phylogenetic Tree of Middle. *J. Virol*, 88(19), 11297-303. doi: 10.1128/JVI.01498-14.
- Cortes, M. C., Cauchemez, S., Lefrancq, N., Luby, S. P., Jahangir Hossain, M., Sazzad, H. M., Rahman, M., Daszak, P., Salje, H., & Gurley, E. S. (2018). Characterization of the spatial and temporal distribution of Nipah virus spillover events in Bangladesh, 2007–2013. *The Journal of infectious diseases*, 217(9), 1390-1394. doi: 10.1093/infdis/jiy015.
- Costa, L. J. C. D., & Fernandes, M. E. B. (2016). Rabies: knowledge and practices regarding rabies in rural communities of the Brazilian Amazon Basin. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(2), e0004474. doi: 10.1371/journal.pntd.0004474.

- Costa, L. J., Andrade, F. A., Uieda, W., Martorelli, L. F., Kataoka, A. P., & Fernandes, M. E. (2013). Serological investigation of rabies virus neutralizing antibodies in bats captured in the eastern Brazilian Amazon. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 107(11), 684-689. doi: 10.1093/trstmh/trt080.
- Costa, L. J., Martorelli, L. F., Barone, G. T., Rosa, E. S., Vasconcelos, P. F., Pereira, A. S., & Fernandes, M. E. (2017). Seroprevalence of rabies virus antibodies in bats from high risk areas in Brazilian Amazonia between 2013 and 2015. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 111(8), 363-369. doi: 10.1093/trstmh/trx069.
- Cox-Witton, K., Baker, M. L., Edson, D., Peel, A. J., Welbergen, J. A., & Field, H. (2021). Risk of SARS-CoV-2 transmission from humans to bats—An Australian assessment. *One Health*, 13, 100247. doi: 10.1016/j.onehlt.2021.100247.
- Crameri, G., Todd, S., Grimley, S., McEachern, J. A., Marsh, G. A., Smith, C., Tachedjian, M., De Jong, C., Virtue, E. R., Yu, M., Bulach, D., Liu, J. P., Michalski, W. P., Middleton, D., Field, H. E., & Wang, L. F. (2009). Establishment, immortalisation and characterisation of pteropid bat cell lines. *PloS one*, 4(12), e8266. doi: 10.1371/journal.pone.0008266.
- Crawford-Miksza, L. K., Wadford, D. A., & Schnurr, D. P. (1999). Molecular epidemiology of enzootic rabies in California. *Journal of Clinical Virology*, 14(3), 207-219. doi: 10.1016/s1386-6532(99)00054-2.
- Crook, J. M., Murphy, I., Carter, D. P., Pullan, S. T., Carroll, M., Vipond, R., Cunningham, A. A., & Bell, D. (2021). Metagenomic identification of a new sarbecovirus from horseshoe bats in Europe. *Scientific Reports*, 11(1), 14723. doi: 10.1038/s41598-021-94011-z.
- Crowley, D., Becker, D., Washburne, A., & Plowright, R. (2020). Identifying suspect bat reservoirs of emerging infections. *Vaccines*, 8(2), 228. doi: 10.3390/vaccines8020228.
- Cui, J., & Wang, L. F. (2015). Genomic mining reveals deep evolutionary relationships between Bornaviruses and bats. *Viruses*, 7(11), 5792-5800. doi: 10.3390/v7112906.
- Cui, J., Counor, D., Shen, D., Sun, G., He, H., Deubel, V., & Zhang, S. (2008). Detection of Japanese encephalitis virus antibodies in bats in Southern China. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 78(6), 1007-1011. doi: [10.4269/ajtmh.2008.78.1007](https://doi.org/10.4269/ajtmh.2008.78.1007)
- Cui, J., Eden, J. S., Holmes, E. C., & Wang, L. F. (2013). Adaptive evolution of bat dipeptidyl peptidase 4 (dpp4): implications for the origin and emergence of Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Virology journal*, 10, 1-5. doi: 10.1186/1743-422X-10-304.

- Cui, J., Han, N., Streicker, D., Li, G., Tang, X., Shi, Z., Hu, Z., Zhao, G., Fontanet, A., Guan, Y., Wang, L., Jones, G., Field, H. E., Daszak, P., & Zhang, S. (2007). Evolutionary relationships between bat coronaviruses and their hosts. *Emerging infectious diseases*, 13(10), 1526. doi: 10.3201/eid1310.070448.
- Cui, J., Li, F., & Shi, Z. L. (2019). Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nature reviews microbiology*, 17(3), 181-192. doi: 10.1038/s41579-018-0118-9.
- Cui, J., Tachedjian, G., & Wang, L. F. (2015). Bats and rodents shape mammalian retroviral phylogeny. *Scientific reports*, 5(1), 16561. doi: 10.1038/srep16561.
- Cui, J., Tachedjian, G., Tachedjian, M., Holmes, E. C., Zhang, S., & Wang, L. F. (2012). Identification of diverse groups of endogenous gammaretroviruses in mega- and microbats. *Journal of general virology*, 93(9), 2037-2045. doi: 10.1099/vir.0.043760-0.
- Cui, J., Tachedjian, M., Wang, L., Tachedjian, G., Wang, L. F., & Zhang, S. (2012). Discovery of retroviral homologs in bats: implications for the origin of mammalian gammaretroviruses. *Journal of virology*, 86(8), 4288-4293. doi: 10.1128/JVI.06624-11.
- Cunha, E. M. S., Lara, M. D. C. C., Nassar, A. F. D. C., Sodré, M. M., & Amaral, L. F. V. (2005). Isolamento do vírus da raiva em *Artibeus fimbriatus* no Estado de São Paulo. *Revista de Saúde Pública*, 39, 683-684. doi: [10.1590/S0034-89102005000400025](https://doi.org/10.1590/S0034-89102005000400025)
- Cunha, E. M. S., Silva, L. H. Q. D., Lara, M. D. C. C. S. H., Nassar, A. F. C., Albas, A., Sodré, M. M., & Pedro, W. A. (2006). Bat rabies in the north-northwestern regions of the state of São Paulo, Brazil: 1997-2002. *Revista de Saúde Pública*, 40, 1082-1086. doi: 10.1590/s0034-89102006000700017.
- Cupertino, M. C., Resende, M. B., Mayer, N. A., Carvalho, L. M., & Siqueira-Batista, R. (2020). Emerging and re-emerging human infectious diseases: A systematic review of the role of wild animals with a focus on public health impact. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 13(3), 99-106.
- Da Rosa, E. S., Kotait, I., Barbosa, T. F., Carrieri, M. L., Brandão, P. E., Pinheiro, A. S., ... & Vasconcelos, P. F. (2006). Bat-transmitted human rabies outbreaks, Brazilian Amazon. *Emerging infectious diseases*, 12(8), 1197.
- da Silva Mota, C., Ito, F. H., Silva, M. V., Sato, G., Kobayashi, Y., Itou, T., & Sakai, T. (2010). Estudo imunológico e genético de 10 isolados do vírus da raiva de morcegos do Rio de Janeiro, Sudeste do Brasil. *Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science*, 47(1), 74-85.
- Dabravolski, S. A., & Kavalionak, Y. K. (2020). SARS-CoV-2: Structural diversity, phylogeny, and potential animal host identification of spike glycoprotein. *Journal of medical virology*, 92(9), 1690-1694.

- Dacheux, L., Cervantes-Gonzalez, M., Guigon, G., Thiberge, J. M., Vandenbogaert, M., Maufrais, C., ... & Bourhy, H. (2014). A preliminary study of viral metagenomics of French bat species in contact with humans: identification of new mammalian viruses. *PloS one*, 9(1), e87194.
- Danaisawat, T., & Hengpraprom, S. (2018). Emerging infectious disease from bats. *Veterinary Integrative Sciences*, 16(3), 135–144. Retrieved from <https://he02.tci-thaijo.org/index.php/vis/article/view/151979>
- Daniels, P., Ksiazek, T., & Eaton, B. T. (2001). Laboratory diagnosis of Nipahand Hendra virus infections. *Microbes and infection*, 3(4), 289-295.
- Daniels, S. A., King, E. M., Olivier, C. J., Harding, J. P., Fehlner-Gardiner, C., Nadin-Davis, S., & Murray, M. C. (2020). Rabies virus infection in a 21-year-old male presenting with ascending paralysis after a bat scratch. *Official Journal of the Association of Medical Microbiology and Infectious Disease Canada*, 5(3), 201-208.
- Dantas-Torres, F., & Oliveira-Filho, E. F. D. (2007). Human exposure to potential rabies virus transmitters in Olinda, State of Pernambuco, between 2002 and 2006. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 40, 617-621.
- Darcissac, E., Donato, D., de Thoisy, B., Lacoste, V., & Lavergne, A. (2021). Paramyxovirus circulation in bat species from French Guiana. *Infection, Genetics and Evolution*, 90, 104769.
- David, D., Davidson, I., Berkowitz, A., Karniely, S., Edery, N., Bumbarov, V., ... & Elazari-Volcani, R. (2020). A novel poxvirus isolated from an Egyptian fruit bat in Israel. *Veterinary Medicine and Science*, 6(3), 587-590.
- David, D., Davidson, I., Karniely, S., Edery, N., Rosenzweig, A., & Sol, A. (2021). Israeli *Rousettus aegyptiacus* Pox Virus (IsrRAPXV) Infection in Juvenile Egyptian Fruit Bat (*Rousettus aegyptiacus*): Clinical Findings and Molecular Detection. *Viruses*, 13(3), 407.
- Davis, A. D., Dupuis, M., & Rudd, R. J. (2012). Extended incubation period of rabies virus in a captive big brown bat (*Eptesicus fuscus*). *Journal of wildlife diseases*, 48(2), 508-511.
- Davis, A. D., Gordy, P. A., & Bowen, R. A. (2013). Unique characteristics of bat rabies viruses in big brown bats (*Eptesicus fuscus*). *Archives of virology*, 158, 809-820.
- Davis, A. D., Jarvis, J. A., Pouliott, C. E., Morgan, S. M., & Rudd, R. J. (2013). Susceptibility and pathogenesis of little brown bats (*Myotis lucifugus*) to heterologous and homologous rabies viruses. *Journal of virology*, 87(16), 9008-9015.
- Davis, A. D., Jarvis, J. A., Pouliott, C., & Rudd, R. J. (2013). Rabies virus infection in *Eptesicus fuscus* bats born in captivity (naïve bats). *PLoS One*, 8(5), e64808.

- Davis, A. D., Morgan, S. M., Dupuis, M., Poulliott, C. E., Jarvis, J. A., Franchini, R., ... & Rudd, R. J. (2016). Overwintering of rabies virus in silver haired bats (*Lasionycteris noctivagans*). *PLoS one*, 11(5), e0155542.
- Davis, A. D., Rudd, R. J., & Bowen, R. A. (2007). Effects of aerosolized rabies virus exposure on bats and mice. *The Journal of infectious diseases*, 195(8), 1144-1150.
- Davis, A., Bunning, M., Gordy, P., Panella, N., Blitvich, B., & Bowen, R. (2005a). Experimental and natural infection of North American bats with West Nile virus. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 73(2), 467-469.
- Davis, A., Gordy, P., Rudd, R., Jarvis, J. A., & Bowen, R. A. (2012). Naturally acquired rabies virus infections in wild-caught bats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 12(1), 55-60.
- Davis, P. L., Bourhy, H., & Holmes, E. C. (2006). The evolutionary history and dynamics of bat rabies virus. *Infection, Genetics and Evolution*, 6(6), 464-473.
- Davis, P. L., Holmes, E. C., Larrous, F., Van der Poel, W. H., Tjørnehøj, K., Alonso, W. J., & Bourhy, H. (2005b). Phylogeography, population dynamics, and molecular evolution of European bat lyssaviruses. *Journal of Virology*, 79(16), 10487-10497.
- Davy, C. M., Donaldson, M. E., Subudhi, S., Rapin, N., Warnecke, L., Turner, J. M., ... & Misra, V. (2018). White-nose syndrome is associated with increased replication of a naturally persisting coronaviruses in bats. *Scientific Reports*, 8(1), 15508.
- de Almeida Campos, A. C., Romano, C. M., Melo, F. L., Araújo, D. B., Cunha, E. M. S., Sacramento, D. R. V., ... & Lazarini, S. R. F. (2020). Phylogenetic analysis of near full-length sequences of the *Desmodus rotundus* genetic lineage of rabies virus. *Infection, Genetics and Evolution*, 80, 104179.
- de Andrade, F. A., Gomes, M. N., Uieda, W., Begot, A. L., Ramos, O. D. S., & Fernandes, M. E. (2016). Geographical analysis for detecting high-risk areas for bovine/human rabies transmitted by the common hematophagous bat in the Amazon region, Brazil. *PLoS One*, 11(7), e0157332.
- de Araújo, J. L., Nascimento, E. M., Dantas, A. F. M., Galiza, G. J. N., Pedroso, P. M. O., Silva, M. L. C. R., & Riet-Correa, F. (2014). Rabies in the insectivorous Pallas's mastiff bat (*Molossus molossus*) in northeastern Brazil. *Journal of Wildlife Diseases*, 50(4), 883-886.
- de Araujo, J., Lo, M. K., Tamin, A., Ometto, T. L., Thomazelli, L. M., Nardi, M. S., ... & Durigon, E. L. (2017). Antibodies against henipa-like viruses in Brazilian bats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(4), 271-274.
- de Araujo, J., Thomazelli, L. M., Henriques, D. A., Lautenschlager, D., Ometto, T., Dutra, L. M., ... & Durigon, E. L. (2012). Detection of hantavirus in bats from remaining rain forest in São Paulo, Brazil. *BMC research notes*, 5, 1-5.

- De Benedictis, P., De Battisti, C., Dacheux, L., Marciano, S., Ormelli, S., Salomoni, A., ... & Cattoli, G. (2011). Lyssavirus detection and typing using pyrosequencing. *Journal of Clinical Microbiology*, 49(5), 1932-1938.
- De Benedictis, P., Marciano, S., Scaravelli, D., Priori, P., Zecchin, B., Capua, I., ... & Cattoli, G. (2014). Alpha and lineage C betaCoV infections in Italian bats. *Virus genes*, 48, 366-371.
- De Lucca, T., Rodrigues, R. C. A., Castagna, C., Presotto, D., De Nadai, D. V., Fagre, A., ... & Dias, R. A. (2013). Assessing the rabies control and surveillance systems in Brazil: an experience of measures toward bats after the halt of massive vaccination of dogs and cats in Campinas, Sao Paulo. *Preventive Veterinary Medicine*, 111(1-2), 126-133.
- De Mattos, C. A., De Mattos, C. C., Smith, J. S., Miller, E. T., Papo, S., Utrera, A., & Osburn, B. I. (1996). Genetic characterization of rabies field isolates from Venezuela. *Journal of Clinical Microbiology*, 34(6), 1553-1558.
- de Mattos, C. A., Favi, M., Yung, V., Pavletic, C., & de Mattos, C. C. (2000). Bat rabies in urban centers in Chile. *Journal of Wildlife Diseases*, 36(2), 231-240.
- De Mattos, C. C., De Mattos, C. A., Loza-Rubio, E., Aguilar-Setién, A. L. V. A. R. O., Orciari, L. A., & Smith, J. S. (1999). Molecular characterization of rabies virus isolates from Mexico: implications for transmission dynamics and human risk. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 61(4), 587-597.
- de Novaes Oliveira, R., de Souza, S. P., Lobo, R. S. V., Castilho, J. G., Macedo, C. I., Carnieli Jr, P., ... & Brandão, P. E. (2010). Rabies virus in insectivorous bats: implications of the diversity of the nucleoprotein and glycoprotein genes for molecular epidemiology. *Virology*, 405(2), 352-360.
- De Nys, H. M., Kingebeni, P. M., Keita, A. K., Butel, C., Thaurignac, G., Villabona-Arenas, C. J., ... & Peeters, M. (2018). Survey of Ebola viruses in frugivorous and insectivorous bats in Guinea, Cameroon, and the Democratic Republic of the Congo, 2015–2017. *Emerging infectious diseases*, 24(12), 2228.
- De Oliveira, M. B., & Bonvicino, C. (2020). Incidence of viruses in Neotropical bats. *Acta Chiropterologica*, 22(2), 461-489.
- de Oliveira, R. C., Fernandes, J., de Sampaio Lemos, E. R., de Paiva Conte, F., & Rodrigues-da-Silva, R. N. (2021). The Serological Cross-Detection of Bat-Borne Hantaviruses: A Valid Strategy or Taking Chances?. *Viruses*, 13(7), 1188..
- de Paula Silva, N., de Andrade, E. D. A., Cardoso, D., Guimarães, R. C. S., Silva, M. B., Nascimento, K. K. G., ... & Abel, I. (2021). Assessment of crab fishermen's exposure to rabies virus in a typical Amazonian community. *Zoonoses and Public Health*, 68(8), 973-981.

- De Sabato, L., Lelli, D., Faccin, F., Canziani, S., Di Bartolo, I., Vaccari, G., & Moreno, A. (2019). Full genome characterization of two novel Alpha-coronavirus species from Italian bats. *Virus research*, 260, 60-66.
- de Souza, A. J. S., Malheiros, A. P., das Chagas, A. A. C., da Silva Paiva, V. L. G., Lauri, L. S., Scheffer, K. C., ... & de Sá, L. R. M. (2021). Orthohepadnavirus infection in a neotropical bat (*Platyrrhinus lineatus*). *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 79, 101713.
- De Souza, W. M., Dennis, T., Fumagalli, M. J., Araujo, J., Sabino-Santos Jr, G., Maia, F. G. M., ... & Gifford, R. J. (2018). Novel parvoviruses from wild and domestic animals in Brazil provide new insights into parvovirus distribution and diversity. *Viruses*, 10(4), 143.
- de Souza, W. M., Fumagalli, M. J., Carrera, J. P., de Araujo, J., Cardoso, J. F., de Carvalho, C., ... & Figueiredo, L. T. M. (2021). Paramyxoviruses from neotropical bats suggest a novel genus and nephrotropism. *Infection, Genetics and Evolution*, 95, 105041.
- de Souza, W. M., Fumagalli, M. J., de Araujo, J., Sabino-Santos Jr, G., Maia, F. G. M., Romeiro, M. F., ... & Figueiredo, L. T. M. (2018). Discovery of novel anelloviruses in small mammals expands the host range and diversity of the Anelloviridae. *Virology*, 514, 9-17.
- de Thoisy, B., Bourhy, H., Delaval, M., Pontier, D., Dacheux, L., Darcissac, E., ... & Lavergne, A. (2016). Bioecological drivers of rabies virus circulation in a neotropical bat community. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(1), e0004378.
- de Wit, E., & Munster, V. J. (2015). Animal models of disease shed light on Nipah virus pathogenesis and transmission. *The Journal of pathology*, 235(2), 196-205.
- Deaton, M. K., Dzimianski, J. V., Daczkowski, C. M., Whitney, G. K., Mank, N. J., Parham, M. M., ... & Pegan, S. D. (2016). Biochemical and structural insights into the preference of nairoviral deISGylases for interferon-stimulated gene product 15 originating from certain species. *Journal of Virology*, 90(18), 8314-8327.
- Deb, B., Uddin, A., & Chakraborty, S. (2021). Analysis of codon usage of Horseshoe Bat Hepatitis B virus and its host. *Virology*, 561, 69-79.
- Deffrasnes, C., Luo, M. X., Wiltzer-Bach, L., David, C. T., Lieu, K. G., Wang, L. F., ... & Moseley, G. W. (2021). Phenotypic divergence of P proteins of Australian bat lyssavirus lineages circulating in microbats and flying foxes. *Viruses*, 13(5), 831.
- Deka, M. A., & Morshed, N. (2018). Mapping disease transmission risk of Nipah virus in South and Southeast Asia. *Tropical medicine and infectious disease*, 3(2), 57.

- Delaune, D., Hul, V., Karlsson, E. A., Hassanin, A., Ou, T. P., Baidaliuk, A., ... & Duong, V. (2021). A novel SARS-CoV-2 related coronavirus in bats from Cambodia. *Nature communications*, 12(1), 6563.
- Delmas, O., Holmes, E. C., Talbi, C., Larrous, F., Dacheux, L., Bouchier, C., & Bourhy, H. (2008). Genomic diversity and evolution of the lyssaviruses. *PloS one*, 3(4), e2057.
- Delpietro, H. A., Gury-Dhomen, F., Larghi, O. P., Mena-Segura, C., & Abramo, L. (1997). Monoclonal antibody characterization of rabies virus strains isolated in the River Plate Basin. *Journal of Veterinary Medicine, Series B*, 44(1-10), 477-483.
- Delpietro, H. A., Lord, R. D., Russo, R. G., & Gury-Dhomen, F. (2009). Observations of sylvatic rabies in Northern Argentina during outbreaks of paralytic cattle rabies transmitted by vampire bats (*Desmodus rotundus*). *Journal of wildlife diseases*, 45(4), 1169-1173.
- Delpietro, H. A., Russo, R. G., Rupprecht, C. E., & Delpietro, G. L. (2021). Towards development of an anti-vampire bat vaccine for rabies management: inoculation of vampire bat saliva induces immune-mediated resistance. *Viruses*, 13(3), 515.
- Demogines, A., Farzan, M., & Sawyer, S. L. (2012). Evidence for ACE2-utilizing coronaviruses (CoVs) related to severe acute respiratory syndrome CoV in bats. *Journal of Virology*, 86(11), 6350-6353.
- Devaux, C. A., Pinault, L., Osman, I. O., & Raoult, D. (2021). Can ACE2 receptor polymorphism predict species susceptibility to SARS-CoV-2?. *Frontiers in Public Health*, 8, 608765.
- Dhandapani, G., Yoon, S. W., Noh, J. Y., Jang, S. S., Kim, M. C., Lim, H. A., ... & Kim, H. K. (2021). Detection of bat-associated circoviruses in Korean bats. *Archives of Virology*, 166(11), 3013-3021.
- Dharmayanti, N. L. P. I., Nurjanah, D., Nuradji, H., Maryanto, I., Exploitasia, I., & Indriani, R. (2021). Molecular detection of bat coronaviruses in three bat species in Indonesia. *Journal of Veterinary Science*, 22(6).
- Di Paola, N., Sanchez-Lockhart, M., Zeng, X., Kuhn, J. H., & Palacios, G. (2020). Viral genomics in Ebola virus research. *Nature Reviews Microbiology*, 18(7), 365-378.
- Di Rubbo, A., McNabb, L., Klein, R., White, J. R., Colling, A., Dimitrov, D. S., ... & Lunt, R. A. (2019). Optimization and diagnostic evaluation of monoclonal antibody-based blocking ELISA formats for detection of neutralizing antibodies to Hendra virus in mammalian sera. *Journal of virological methods*, 274, 113731.
- Diakoudi, G., Jamnikar-Ciglencečki, U., Lanave, G., Lelli, D., Martella, V., & Kuhar, U. (2020). Genome sequence of an aichivirus detected in a common pipistrelle bat (*Pipistrellus pipistrellus*). *Archives of virology*, 165, 1019-1022.

- Diakoudi, G., Lanave, G., Moreno, A., Chiapponi, C., Sozzi, E., Prosperi, A., ... & Lelli, D. (2019). Surveillance for adenoviruses in bats in Italy. *Viruses*, 11(6), 523.
- Dias, R. A., Rocha, F., Ulloa-Stanojlovic, F. M., Nitsche, A., Castagna, C., De Lucca, T., & Rodrigues, R. C. A. (2019). Spatiotemporal distribution of a non-haematophagous bat community and rabies virus circulation: a proposal for urban rabies surveillance in Brazil. *Epidemiology & Infection*, 147, e130.
- Diaz, A. M., Papo, S., Rodriguez, A., & Smith, J. S. (1994). Antigenic analysis of rabies-virus isolates from Latin America and the Caribbean. *Journal of Veterinary Medicine, Series B*, 41(1-10), 153-160.
- Dietrich, M., Kearney, T., Seamark, E. C., Paweska, J. T., & Markotter, W. (2018). Synchronized shift of oral, faecal and urinary microbiotas in bats and natural infection dynamics during seasonal reproduction. *Royal Society open science*, 5(5), 180041.
- Dietrich, M., Wilkinson, D. A., Benlali, A., Lagadec, E., Ramasindrazana, B., Dellagi, K., & Tortosa, P. (2015). *Leptospira* and paramyxovirus infection dynamics in a bat maternity enlightens pathogen maintenance in wildlife. *Environmental microbiology*, 17(11), 4280-4289.
- Dietzschold, B., & Hooper, D. C. (1998). Human diploid cell culture rabies vaccine (HDCV) and purified chick embryo cell culture rabies vaccine (PCECV) both confer protective immunity against infection with the silver-haired bat rabies virus strain (SHBRV). *Vaccine*, 16(17), 1656-1659.
- Digard, P., Lee, H. M., Sharp, C., Grey, F., & Gaunt, E. (2020). Intra-genome variability in the dinucleotide composition of SARS-CoV-2. *Virus evolution*, 6(2), veaa057.
- Dimitrov, D. T., & Hallam, T. G. (2009). Effects of immune system diversity and physical variation of immunotypic mixing on the dynamics of rabies in bats. *Journal of Biological Dynamics*, 3(2-3), 164-179.
- Dimitrov, D. T., & King, A. A. (2008). Modeling evolution and persistence of neurological viral diseases in wild populations. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 5(4), 729-741.
- Dimitrov, D. T., Hallam, T. G., Rupprecht, C. E., & McCracken, G. F. (2008). Adaptive modeling of viral diseases in bats with a focus on rabies. *Journal of theoretical biology*, 255(1), 69-80.
- Dimitrov, D. T., Hallam, T. G., Rupprecht, C. E., Turmelle, A. S., & McCracken, G. F. (2007). Integrative models of bat rabies immunology, epizootiology and disease demography. *Journal of theoretical biology*, 245(3), 498-509.
- Ding, N. Z., Xu, D. S., Sun, Y. Y., He, H. B., & He, C. Q. (2017). A permanent host shift of rabies virus from Chiroptera to Carnivora associated with recombination. *Scientific Reports*, 7(1), 289.

- Diptyanusa, A., Herini, E. S., Indarjulianto, S., & Satoto, T. B. T. (2021). The detection of Japanese encephalitis virus in Megachiropteran bats in West Kalimantan, Indonesia: A potential enzootic transmission pattern in the absence of pig holdings. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 14, 280-286.
- Dlugolenski, D., Jones, L., Tompkins, S. M., Crameri, G., Wang, L. F., & Tripp, R. A. (2013). Bat cells from *Pteropus alecto* are susceptible to influenza A virus infection and reassortment. *Influenza and other respiratory viruses*, 7(6), 900-903.
- do Vale, B., Lopes, A. P., Fontes, M. D. C., Silvestre, M., Cardoso, L., & Coelho, A. C. (2021). Bats, pangolins, minks and other animals-villains or victims of SARS-CoV-2?. *Veterinary Research Communications*, 45(1), 1-19.
- Do, H. Q., Nguyen, V. G., Chung, C. U., Jeon, Y. S., Shin, S., Jang, K. C., ... & Chung, H. C. (2021). Genomic characterization of a novel alphacoronavirus isolated from bats, Korea, 2020. *Viruses*, 13(10), 2041.
- Dohmen, F. G., & Beltrán, F. (2009). Aislamiento de virus rábico en glándulas salivales de murciélagos insectívoros. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz*, 28(3), 987-993.
- Dohmen, F. G., Kovacs, E., Prestera, N. E., & Beltrán, F. J. (2018). Evaluation of a rapid immunochromatographic diagnostic test (RIDT) for diagnosis of rabies in samples from Argentina. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 12(06), 415-421.
- Dominguez, S. R., O'Shea, T. J., Oko, L. M., & Holmes, K. V. (2007). Detection of group 1 coronaviruses in bats in North America. *Emerging infectious diseases*, 13(9), 1295.
- Donaldson, E. F., Haskew, A. N., Gates, J. E., Huynh, J., Moore, C. J., & Frieman, M. B. (2010). Metagenomic analysis of the viromes of three North American bat species: viral diversity among different bat species that share a common habitat. *Journal of virology*, 84(24), 13004-13018.
- Dong, R., Pei, S., Yin, C., He, R. L., & Yau, S. S. T. (2020). Analysis of the hosts and transmission paths of SARS-CoV-2 in the COVID-19 outbreak. *Genes*, 11(6), 637.
- dos Santos Bezerra, R., Valença, I. N., de Cassia Ruy, P., Ximenez, J. P., da Silva Junior, W. A., Covas, D. T., ... & Slavov, S. N. (2020). The novel coronavirus SARS-CoV-2: From a zoonotic infection to coronavirus disease 2019. *Journal of Medical Virology*, 92(11), 2607-2615.
- Dovih, P., Laing, E. D., Chen, Y., Low, D. H., Ansil, B. R., Yang, X., ... & Mendenhall, I. H. (2019). Filovirus-reactive antibodies in humans and bats in Northeast India imply zoonotic spillover. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 13(10), e0007733.

- Doysabas, K. C. C., Oba, M., Furuta, M., Iida, K., Omatsu, T., Furuya, T., ... & Hondo, E. (2019). Encephalomyocarditis virus is potentially derived from eastern bent-wing bats living in East Asian countries. *Virus research*, 259, 62-67.
- Drexler, J. F., Corman, V. M., Gloza-Rausch, F., Seebens, A., Annan, A., Ipsen, A., ... & Drosten, C. (2009). Henipavirus RNA in African bats. *PloS one*, 4(7), e6367.
- Drexler, J. F., Corman, V. M., Lukashev, A. N., van den Brand, J. M., Gmyl, A. P., Bruenink, S., ... & Hepatovirus Ecology Consortium. (2015). Evolutionary origins of hepatitis A virus in small mammals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(49), 15190-15195.
- Drexler, J. F., Corman, V. M., Müller, M. A., Maganga, G. D., Vallo, P., Binger, T., ... & Drosten, C. (2012). Bats host major mammalian paramyxoviruses. *Nature communications*, 3(1), 796.
- Drexler, J. F., Corman, V. M., Wegner, T., Tateno, A. F., Zerbini, R. M., Gloza-Rausch, F., ... & Drosten, C. (2011). Amplification of emerging viruses in a bat colony. *Emerging infectious diseases*, 17(3), 449.
- Drexler, J. F., Geipel, A., König, A., Corman, V. M., van Riel, D., Leijten, L. M., ... & Drosten, C. (2013). Bats carry pathogenic hepadnaviruses antigenically related to hepatitis B virus and capable of infecting human hepatocytes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(40), 16151-16156.
- Drexler, J. F., Gloza-Rausch, F., Glende, J., Corman, V. M., Muth, D., Goettsche, M., ... & Drosten, C. (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(21), 11336-11349.
- Drexler, J. F., Seelen, A., Corman, V. M., Fumie Tateno, A., Cottontail, V., Melim Zerbini, R., ... & Drosten, C. (2012). Bats worldwide carry hepatitis E virus-related viruses that form a putative novel genus within the family Hepeviridae. *Journal of virology*, 86(17), 9134-9147.
- Du, J., Yang, L., Ren, X., Zhang, J., Dong, J., Sun, L., ... & Jin, Q. (2016). Genetic diversity of coronaviruses in *Miniopterus fuliginosus*
- Du, L., Lu, Z., Fan, Y., Meng, K., Jiang, Y., Zhu, Y., ... & Tu, C. (2010). Xi River virus, a new bat reovirus isolated in southern China. *Archives of virology*, 155, 1295-1299.
- Duarte, N. F. H., Alencar, C. H., Cavalcante, K. K. D. S., Correia, F. G. S., Romijn, P. C., Araujo, D. B., ... & Heukelbach, J. (2020). Increased detection of rabies virus in bats in Ceará State (Northeast Brazil) after implementation of a passive surveillance programme. *Zoonoses and public health*, 67(2), 186-192.

- Dufkova, L., Straková, P., Širmarová, J., Salát, J., Moutelíková, R., Chrudimský, T., ... & Růžek, D. (2015). Detection of diverse novel bat astrovirus sequences in the Czech Republic. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 15(8), 518-521.
- Dyer, J. L., Wallace, R., Orciari, L., Hightower, D., Yager, P., & Blanton, J. D. (2013). Rabies surveillance in the United States during 2012. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 243(6), 805-815.
- Dyer, J. L., Yager, P., Orciari, L., Greenberg, L., Wallace, R., Hanlon, C. A., & Blanton, J. D. (2014). Rabies surveillance in the United States during 2013. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 245(10), 1111-1123.
- Dzikwi, A. A., Kuzmin, I. I., Umoh, J. U., Kwaga, J. K., Ahmad, A. A., & Rupprecht, C. E. (2010). Evidence of Lagos bat virus circulation among Nigerian fruit bats. *Journal of Wildlife Diseases*, 46(1), 267-271.
- E Escobar, L., Peterson, A. T., Favi, M., Yung, V., & Medina-Vogel, G. (2015). Bat-borne rabies in Latin America. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 57, 63-72.
- E Reid, Alan C Jackson, J. (2001). Experimental rabies virus infection in *Artibeus jamaicensis* bats with CVS-24 variants. *Journal of neurovirology*, 7(6), 511-517.
- Echevarría, J. E., Avellón, A., Juste, J., Vera, M., & Ibáñez, C. (2001). Screening of active lyssavirus infection in wild bat populations by viral RNA detection on oropharyngeal swabs. *Journal of clinical microbiology*, 39(10), 3678-3683.
- Eckerle, I., Ehlen, L., Kallies, R., Wollny, R., Corman, V. M., Cottontail, V. M., ... & Müller, M. A. (2014). Bat airway epithelial cells: a novel tool for the study of zoonotic viruses. *PloS one*, 9(1), e84679.
- Eckerle, I., Lenk, M., & Ulrich, R. G. (2014). More novel hantaviruses and diversifying reservoir hosts—time for development of reservoir-derived cell culture models?. *Viruses*, 6(3), 951-967.4
- Edenborough, K. M., Bokelmann, M., Lander, A., Couacy-Hymann, E., Lechner, J., Drechsel, O., ... & Prescott, J. (2019). Dendritic cells generated from *Mops condylurus*, a likely filovirus reservoir host, are susceptible to and activated by Zaire ebolavirus infection. *Frontiers in Immunology*, 10, 2414.
- Edson, D., Field, H., McMichael, L., Jordan, D., Kung, N., Mayer, D., & Smith, C. (2015a). Flying-fox roost disturbance and Hendra virus spillover risk. *PloS one*, 10(5), e0125881.
- Edson, D., Field, H., McMichael, L., Vidgen, M., Goldspink, L., Broos, A., ... & Smith, C. (2015b). Routes of Hendra virus excretion in naturally-infected flying-foxes: implications for viral transmission and spillover risk. *PloS one*, 10(10), e0140670.
- Edson, D., Peel, A. J., Huth, L., Mayer, D. G., Vidgen, M. E., McMichael, L., ... & Field, H. E. (2019). Time of year, age class and body condition predict Hendra

virus infection in Australian black flying foxes (*Pteropus alecto*). *Epidemiology & Infection*, 147, e240.

- Edwards, M. R., Liu, H., Shabman, R. S., Ginell, G. M., Luthra, P., Ramanan, P., ... & Basler, C. F. (2018). Conservation of structure and immune antagonist functions of filoviral VP35 homologs present in microbat genomes. *Cell reports*, 24(4), 861-872.
- Egawa, K., Shimojima, M., Taniguchi, S., Nagata, N., Tani, H., Yoshikawa, T., ... & Saijo, M. (2017). Virulence, pathology, and pathogenesis of Pteropine orthoreovirus (PRV) in BALB/c mice: Development of an animal infection model for PRV. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(12), e0006076.
- El Najjar, F., Lampe, L., Baker, M. L., Wang, L. F., & Dutch, R. E. (2015). Analysis of cathepsin and furin proteolytic enzymes involved in viral fusion protein activation in cells of the bat reservoir host. *PLoS One*, 10(2), e0115736.
- EL Rhoubari, Z., Besbassi, H., Hattaf, K., & Yousfi, N. (2018). Mathematical modeling of ebola virus disease in bat population. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2018, 1-7.
- El Taweel, A., Kandeil, A., Barakat, A., Alfaroq Rabiee, O., Kayali, G., & Ali, M. A. (2020). Diversity of astroviruses circulating in humans, bats, and wild birds in Egypt. *Viruses*, 12(5), 485.
- Ellison, J. A., Gilbert, A. T., Recuenco, S., Moran, D., Alvarez, D. A., Kuzmina, N., ... & Rupprecht, C. E. (2014). Bat rabies in Guatemala. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(7), e3070.
- Ellison, J. A., Johnson, S. R., Kuzmina, N., Gilbert, A., Carson, W. C., Vercauteren, K. C., & Rupprecht, C. E. (2013). Multidisciplinary approach to epizootiology and pathogenesis of bat rabies viruses in the United States. *Zoonoses and public health*, 60(1), 46-57.
- Elmgren, L. D., Nadin-Davis, S. A., Muldoon, F. T., & Wandeler, A. I. (2002). Diagnosis and analysis of a recent case of human rabies in Canada. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*, 13, 129-133.
- Emerson, G. L., Nordhausen, R., Garner, M. M., Huckabee, J. R., Johnson, S., Wohrle, R. D., ... & Carroll, D. S. (2013). Novel poxvirus in big brown bats, northwestern United States. *Emerging Infectious Diseases*, 19(6), 1002.
- Enchéry, F., & Horvat, B. (2017). Understanding the interaction between henipaviruses and their natural host, fruit bats: Paving the way toward control of highly lethal infection in humans. *International reviews of immunology*, 36(2), 108-121.
- Enserink, M. (2000). Malaysian researchers trace Nipah virus outbreak to bats. *Science*, 289(5479), 518-519.
- Epstein JH, Prakash V, Smith CS, Daszak P, McLaughlin AB, Meehan G, Field HE, Cunningham AA. (2008). Henipavirus infection in fruit bats (*Pteropus*

- giganteus*), India. *Emerg Infect Dis.* Aug;14(8):1309-11. doi: 10.3201/eid1408.071492. PMID: 18680665; PMCID: PMC2600370.
- Epstein, J. H., Anthony, S. J., Islam, A., Kilpatrick, A. M., Ali Khan, S., Balkey, M. D., ... & Daszak, P. (2020). Nipah virus dynamics in bats and implications for spillover to humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(46), 29190-29201.
 - Epstein, J. H., Baker, M. L., Zambrana-Torrel, C., Middleton, D., Barr, J. A., DuBovi, E., ... & Daszak, P. (2013). Duration of maternal antibodies against canine distemper virus and Hendra virus in pteropid bats. *PLoS one*, 8(6), e67584.
 - Epstein, J. H., Field, H. E., Luby, S., Pulliam, J. R., & Daszak, P. (2006). Nipah virus: impact, origins, and causes of emergence. *Current infectious disease reports*, 8(1), 59-65.
 - Epstein, J. H., Quan, P. L., Briese, T., Street, C., Jabado, O., Conlan, S., ... & Lipkin, W. I. (2010). Identification of GBV-D, a novel GB-like flavivirus from old world frugivorous bats (*Pteropus giganteus*) in Bangladesh. *PLoS pathogens*, 6(7), e1000972.
 - Erukainure, O. L., Matsabisa, M. G., Muhammad, A., & Abarshi, M. M. (2021). Targeting of protein's messenger RNA for viral replication, assembly and release in SARS-CoV-2 using whole genomic data from South Africa: therapeutic potentials of *Cannabis sativa* L. *Frontiers in pharmacology*, 12, 736511.
 - Escalera-Zamudio, M., Mendoza, M. L. Z., Heeger, F., Loza-Rubio, E., Rojas-Anaya, E., Méndez-Ojeda, M. L., ... & Greenwood, A. D. (2015). A novel endogenous betaretrovirus in the common vampire bat (*Desmodus rotundus*) suggests multiple independent infection and cross-species transmission events. *Journal of virology*, 89(9), 5180-5184.
 - Escalera-Zamudio, M., Rojas-Anaya, E., Kolokotronis, S. O., Taboada, B., Loza-Rubio, E., Méndez-Ojeda, M. L., ... & Greenwood, A. D. (2016). Bats, primates, and the evolutionary origins and diversification of mammalian gammaherpesviruses. *MBio*, 7(6), 10-1128.
 - Escalera-Zamudio, M., Taboada, B., Rojas-Anaya, E., Löber, U., Loza-Rubio, E., Arias, C. F., & Greenwood, A. D. (2018). Viral communities among sympatric vampire bats and cattle. *EcoHealth*, 15, 132-142.
 - Escobar, L. E., Peterson, A. T., Favi, M., Yung, V., Pons, D. J., & Medina-Vogel, G. (2013). Ecology and geography of transmission of two bat-borne rabies lineages in Chile. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(12), e2577.
 - Escobar, L. E., Peterson, A. T., Papeş, M., Favi, M., Yung, V., Restif, O., ... & Medina-Vogel, G. (2015). Ecological approaches in veterinary epidemiology: mapping the risk of bat-borne rabies using vegetation indices and night-time light satellite imagery. *Veterinary research*, 46, 1-10.

- Escobar, L. E., Restif, O., Yung, V., Favi, M., Pons, D. J., & Medina-Vogel, G. (2015). Spatial and temporal trends of bat-borne rabies in Chile. *Epidemiology & Infection*, 143(7), 1486-1494.
- Esona, M. D., Mijatovic-Rustempasic, S., Conrardy, C., Tong, S., Kuzmin, I. V., Agwanda, B., ... & Bowen, M. D. (2010). Reassortant group A rotavirus from straw-colored fruit bat (*Eidolon helvum*). *Emerging infectious diseases*, 16(12), 1844.
- Esona, M. D., Roy, S., Rungsriruriyachai, K., Gautam, R., Hermelijn, S., Rey-Benito, G., & Bowen, M. D. (2018). Molecular characterization of a human G20P [28] rotavirus a strain with multiple genes related to bat rotaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 57, 166-170.
- Fagre, A. C., Lee, J. S., Kityo, R. M., Bergren, N. A., Mossel, E. C., Nakayiki, T., ... & Kading, R. C. (2019). Discovery and characterization of Bukakata orbivirus (Reoviridae: Orbivirus), a novel virus from a Ugandan bat. *Viruses*, 11(3), 209.
- Fagre, A. C., Lewis, J., Miller, M. R., Mossel, E. C., Lutwama, J. J., Nyakarahuka, L., ... & Kading, R. C. (2021). Subgenomic flavivirus RNA (sfRNA) associated with Asian lineage Zika virus identified in three species of Ugandan bats (family Pteropodidae). *Scientific reports*, 11(1), 8370.
- Fagrouch, Z., Sarwari, R., Lavergne, A., Delaval, M., de Thoisy, B., Lacoste, V., & Verschoor, E. J. (2012). Novel polyomaviruses in South American bats and their relationship to other members of the family Polyomaviridae. *Journal of general virology*, 93(12), 2652-2657.
- Fahl, W. O., Carnieli Jr, P., Castilho, J. G., Carrieri, M. L., Kotait, I., Iamamoto, K., ... & Brandão, P. E. (2012). *Desmodus rotundus* and *Artibeus* spp. bats might present distinct rabies virus lineages. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 16, 545-551.
- Fahl, W. O., Garcia, A. I. E., Achkar, S. M., Mori, E., Asano, K. M., Iamamoto, K., & Scheffer, K. C. (2015). Rabia transmitida por murciélagos en Brasil. *Acta Biológica Colombiana*, 20(3), 21-35.
- Falcón, A., Vázquez-Morón, S., Casas, I., Aznar, C., Ruiz, G., Pozo, F., ... & Echevarría, J. E. (2011). Detection of alpha and betacoronaviruses in multiple Iberian bat species. *Archives of virology*, 156, 1883-1890.
- Fallahi, F., Wandeler, A. I., & Nadin-Davis, S. A. (2016). Characterization of epitopes on the rabies virus glycoprotein by selection and analysis of escape mutants. *Virus research*, 220, 161-171.
- Fan, Y., Zhao, K., Shi, Z. L., & Zhou, P. (2019). Bat coronaviruses in China. *Viruses*, 11(3), 210.
- Fang, M., Hu, W., & Liu, B. (2021). Characterization of bat coronaviruses: a latent global threat. *Journal of veterinary science*, 22(5).
- Farkašová, H., Hron, T., Pačes, J., Hulva, P., Benda, P., Gifford, R. J., & Elleder, D. (2017). Discovery of an endogenous Deltaretrovirus in the genome of long-

fingerted bats (Chiroptera: Miniopteridae). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(12), 3145-3150.

- Farrag, M. A., Amer, H. M., Bhat, R., Hamed, M. E., Aziz, I. M., Mubarak, A., ... & Alturaiki, W. (2021). SARS-CoV-2: an overview of virus genetics, transmission, and immunopathogenesis. *International journal of environmental research and public health*, 18(12), 6312.
- Favi C, M., Yung P, V., Pavletic B, C., Ramirez V, E., Mattos, C. D., & Mattos, C. D. (1999). Role of insectivorous bats in the transmission of rabies in Chile.
- Favi, M., de Mattos, C. A., Yung, V., Chala, E., López, L. R., & de Mattos, C. C. (2002). First case of human rabies in Chile caused by an insectivorous bat virus variant. *Emerging infectious diseases*, 8(1), 79.
- Favoretto, S. R., Alves Martorelli, L. F., Elkhoury, M. R., Zargo, A. M., & Durigon, E. L. (2005). Rabies virus detection and phylogenetic studies in samples from an exhumed human. *Clinical infectious diseases*, 41(3), 413-414.
- Favoretto, S. R., Carrieri, M. L., Cunha, E. M. S., Aguiar, E. A., Silva, L. H. Q., SodrÉ, M. M., ... & Kotait, I. (2002). Antigenic typing of Brazilian rabies virus samples isolated from animals and humans, 1989-2000. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 44, 91-95.
- Favoretto, S. R., de Mattos, C. C., de Mattos, C. A., Campos, A. C. A., Sacramento, D. R., & Durigon, E. L. (2013). The emergence of wildlife species as a source of human rabies infection in Brazil. *Epidemiology & Infection*, 141(7), 1552-1561.
- Favoretto, S. R., De Mattos, C. C., De Moraes, N. B., Carrieri, M. L., Rolim, B. N., Silva, L. M., ... & De Mattos, C. A. (2006). Rabies virus maintained by dogs in humans and terrestrial wildlife, Ceará State, Brazil. *Emerging Infectious Diseases*, 12(12), 1978.
- Feng, Y., Ren, X., Xu, Z., Fu, S., Li, X., Zhang, H., ... & Liang, G. (2019). Genetic diversity of the Yokose virus, XYBX1332, isolated from bats (*Myotis daubentonii*) in China. *Virology journal*, 16, 1-8.
- Fenton, M. B., Jackson, A. C., & Faure, P. A. (2020). Bat bites and rabies: the Canadian scene. *Facets*, 5(1), 367-380.
- Fereidouni, S., Kwasnitschka, L., Balkema Buschmann, A., Müller, T., Freuling, C., Schatz, J., ... & Harder, T. (2015). No Virological Evidence for an Influenza A-like Virus in European Bats. *Zoonoses and public health*, 62(3), 187-189.
- Fernandes, E. R., de Andrade Jr, H. F., Lancellotti, C. L. P., Quaresma, J. A. S., Demachki, S., da Costa Vasconcelos, P. F., & Duarte, M. I. S. (2011). In situ apoptosis of adaptive immune cells and the cellular escape of rabies virus in CNS from patients with human rabies transmitted by *Desmodus rotundus*. *Virus research*, 156(1-2), 121-126.

- Fernandes, M. E. S., Carnieli Jr, P., Gregório, A. N., Kawai, J. G., Oliveira, R. N., Almeida, L. L., ... & Batista, H. B. (2020). Phylogenetic analysis of rabies viruses isolated from cattle in southern Brazil. *Virus genes*, 56(2), 209-216.
- Ferraz, C., Achkar, S. M., & Kotait, I. (2007). First report of rabies in vampire bats (*Desmodus rotundus*) in an urban area, Ubatuba, São Paulo state, Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 49, 389-390.
- Field, H. E. (2018). Evidence of Australian bat lyssavirus infection in diverse Australian bat taxa. *Zoonoses and public health*, 65(6), 742-748.
- Field, H. E., Breed, A. C., Sheild, J., Hedlefs, R. M., Pittard, K., Pott, B., & Summers, P. M. (2007). Epidemiological perspectives on Hendra virus infection in horses and flying foxes. *Australian Veterinary Journal*, 85, 268-270.
- Field, H. E., Mackenzie, J. S., & Daszak, P. (2007). Henipaviruses: emerging paramyxoviruses associated with fruit bats. *Wildlife and emerging zoonotic diseases: the biology, circumstances and consequences of cross-species transmission*, 133-159.
- Field, H., de Jong, C. E., Halpin, K., & Smith, C. S. (2013). Henipaviruses and fruit bats, Papua New Guinea. *Emerging infectious diseases*, 19(4), 670.
- Field, H., de Jong, C., Melville, D., Smith, C., Smith, I., Broos, A., ... & Zeddeman, A. (2011). Hendra virus infection dynamics in Australian fruit bats. *PloS one*, 6(12), e28678.
- Field, H., Jordan, D., Edson, D., Morris, S., Melville, D., Parry-Jones, K., ... & Smith, C. (2015). Spatiotemporal aspects of Hendra virus infection in pteropid bats (flying-foxes) in eastern Australia. *PloS one*, 10(12), e0144055.
- Field, H., McCall, B., & Barrett, J. (1999). Australian bat lyssavirus infection in a captive juvenile black flying fox. *Emerging infectious diseases*, 5(3), 438.
- Field, H., Young, P., Yob, J. M., Mills, J., Hall, L., & Mackenzie, J. (2001). The natural history of Hendra and Nipah viruses. *Microbes and infection*, 3(4), 307-314.
- Finnegan, C. J., Brookes, S. M., Johnson, L., & Fooks, A. R. (2004). Detection and strain differentiation of European bat lyssaviruses using in situ hybridisation. *Journal of virological methods*, 121(2), 223-229.
- Finoketti, F., Dos Santos, R. N., Campos, A. A. S., Zani, A. L. D. S., Barboza, C. M., Fernandes, M. E. S., ... & de Carvalho Ruthner Batista, H. B. (2019). Detection of adenovirus, papillomavirus and parvovirus in Brazilian bats of the species *Artibeus lituratus* and *Sturnira lilium*. *Archives of virology*, 164, 1015-1025.
- Fiorillo, G., Bocchini, P., & Buceta, J. (2018). A predictive spatial distribution framework for filovirus-infected bats. *Scientific reports*, 8(1), 7970.
- Fischer, C., Pontier, D., Filippi-Codaccioni, O., Pons, J. B., Postigo-Hidalgo, I., Duhayer, J., ... & Drexler, J. F. (2021). Venezuelan equine encephalitis complex alphavirus in bats, French Guiana. *Emerging Infectious Diseases*, 27(4), 1141.

- Fischer, K., Pinho dos Reis, V., & Balkema-Buschmann, A. (2017). Bat astroviruses: towards understanding the transmission dynamics of a neglected virus family. *Viruses*, 9(2), 34.
- Fischer, K., Zeus, V., Kwasnitschka, L., Kerth, G., Haase, M., Groschup, M. H., & Balkema-Buschmann, A. (2016). Insectivorous bats carry host specific astroviruses and coronaviruses across different regions in Germany. *Infection, Genetics and Evolution*, 37, 108-116.
- Fischer, M., Freuling, C. M., Müller, T., Schatz, J., Rasmussen, T. B., Chriel, M., ... & Hoffmann, B. (2014). Identification of rhabdoviral sequences in oropharyngeal swabs from German and Danish bats. *Virology journal*, 11, 1-4.
- Fischer, M., Freuling, C. M., Müller, T., Wegelt, A., Kooi, E. A., Rasmussen, T. B., ... & Hoffmann, B. (2014). Molecular double-check strategy for the identification and characterization of European Lyssaviruses. *Journal of virological methods*, 203, 23-32.
- Fogarty, R., Halpin, K., Hyatt, A. D., Daszak, P., & Mungall, B. A. (2008). Henipavirus susceptibility to environmental variables. *Virus research*, 132(1-2), 140-144.
- Folly, A. J., Marston, D. A., Golding, M., Shukla, S., Wilkie, R., Lean, F. Z., ... & McElhinney, L. M. (2021). Incursion of European bat lyssavirus 1 (EBLV-1) in serotine bats in the United Kingdom. *Viruses*, 13(10), 1979.
- Fooks, A. R., Brookes, S. M., Healy, D., Smith, G. C., Aegerter, J., Harris, S. L., ... & Landeg, F. (2004). Detection of antibodies to EBLV-2 in Daubenton's bats in the UK. *The Veterinary Record*, 154(8), 245-246.
- Fooks, A. R., Johnson, N., Müller, T., Vos, A., Mansfield, K., Hicks, D., ... & Rupprecht, C. E. (2009). Detection of High Levels of European Bat Lyssavirus Type-1 Viral RNA in the Thyroid Gland of Experimentally-Infected *Eptesicus fuscus* Bats. *Zoonoses and public health*, 56(6-7), 270-277.
- Fooks, A. R., Marston, D., Parsons, G., Earl, D., Dicker, A., & Brookes, S. M. (2006). Isolation of EBLV-2 in a Daubenton's bat (*Myotis daubentonii*) found in Oxfordshire. *The Veterinary Record*, 159(16), 534.
- Fooks, A. R., Shipley, R., Markotter, W., Tordo, N., Freuling, C. M., Müller, T., ... & Rupprecht, C. E. (2021). Renewed public health threat from emerging lyssaviruses. *Viruses*, 13(9), 1769.
- Foord, A. J., Heine, H. G., Pritchard, L. I., Lunt, R. A., Newberry, K. M., Rootes, C. L., & Boyle, D. B. (2006). Molecular diagnosis of lyssaviruses and sequence comparison of Australian bat lyssavirus samples. *Australian veterinary journal*, 84(7), 225-230.
- Forbes, K. M., Webala, P. W., Jääskeläinen, A. J., Abdurahman, S., Ogola, J., Masika, M. M., ... & Sironen, T. (2019). Bombali virus in Mops condylurus bat, Kenya. *Emerging Infectious Diseases*, 25(5), 955.

- Forni, D., Cagliani, R., Pontremoli, C., Pozzoli, U., Vertemara, J., De Gioia, L., ... & Sironi, M. (2018). Evolutionary analysis provides insight into the origin and adaptation of HCV. *Frontiers in microbiology*, 9, 360816.
- Forni, D., Filippi, G., Cagliani, R., De Gioia, L., Pozzoli, U., Al-Daghri, N., ... & Sironi, M. (2015). The heptad repeat region is a major selection target in MERS-CoV and related coronaviruses. *Scientific reports*, 5(1), 14480.
- Forster, P., Forster, L., Renfrew, C., & Forster, M. (2020). Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(17), 9241-9243.
- Franco Filho, L. C., Barata, R. R., Cardoso, J. F., Massafra, J. M. D. V., Lemos, P. D. S., Casseb, L. M. N., ... & Nunes, M. R. T. (2019). Metagenomic analysis of samples from three bat species collected in the Amazon rain forest. *Microbiology Resource Announcements*, 8(2), 10-1128.
- Franco Filho, L. C., Barata, R. R., Cardoso, J. F., Massafra, J. M. D. V., Lemos, P. D. S., Casseb, L. M. N., ... & Nunes, M. R. T. (2019). Complete Endogenous Retrovirus Genome Sequence from a Brazilian Vampire Bat (*Desmodus rotundus*). *Microbiology Resource Announcements*, 8(2), 10-1128.
- Franka, R., Carson, W. C., Ellison, J. A., Taylor, S. T., Smith, T. G., Kuzmina, N. A., ... & Rupprecht, C. E. (2017). In vivo efficacy of a cocktail of human monoclonal antibodies (CL184) against diverse North American bat rabies virus variants. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 2(3), 48.
- Franka, R., Constantine, D. G., Kuzmin, I., Velasco-Villa, A., Reeder, S. A., Streicker, D., ... & Rupprecht, C. E. (2006). A new phylogenetic lineage of rabies virus associated with western pipistrelle bats (*Pipistrellus hesperus*). *Journal of general virology*, 87(8), 2309-2321.
- Franka, R., Johnson, N., Müller, T., Vos, A., Neubert, L., Freuling, C., ... & Fooks, A. R. (2008). Susceptibility of North American big brown bats (*Eptesicus fuscus*) to infection with European bat lyssavirus type 1. *Journal of General Virology*, 89(8), 1998-2010.
- Fraser, G. C., Hooper, P. T., Lunt, R. A., Gould, A. R., Gleeson, L. J., Hyatt, A. D., ... & Kattenbelt, J. A. (1996). Encephalitis caused by a Lyssavirus in fruit bats in Australia. *Emerging infectious diseases*, 2(4), 327.
- Freidl, G. S., Binger, T., Müller, M. A., de Bruin, E., van Beek, J., Corman, V. M., ... & Koopmans, M. (2015). Serological evidence of influenza A viruses in frugivorous bats from Africa. *PLoS One*, 10(5), e0127035.
- Freitas, T. R. P. (2017). As cepas de filovírus, o meio ambiente e os morcegos dentro e fora da africa. *Archives of Veterinary Science*, 22(2), 75-85.
- Freuling, C. M., Abendroth, B., Beer, M., Fischer, M., Hanke, D., Hoffmann, B., ... & Müller, T. (2013). Molecular diagnostics for the detection of Bokeloh bat lyssavirus in a bat from Bavaria, Germany. *Virus research*, 177(2), 201-204.

- Freuling, C. M., Beer, M., Conraths, F. J., Finke, S., Hoffmann, B., Keller, B., ... & Müller, T. (2011). Novel lyssavirus in Natterer's bat, Germany. *Emerging infectious diseases*, 17(8), 1519.
- Freuling, C. M., Binger, T., Beer, M., Adu-Sarkodie, Y., Schatz, J., Fischer, M., ... & Müller, T. (2015). Lagos bat virus transmission in an *Eidolon helvum*
- Freuling, C. M., Kliemt, J., Schares, S., Heidecke, D., Driechciarz, R., Schatz, J., & Mueller, T. (2012). Detection of European bat lyssavirus 2 (EBLV-2) in a Daubenton's bat (*Myotis daubentonii*) from Magdeburg, Germany. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr*, 125(5-6), 255-8.
- Freuling, C., Grossmann, E., Conraths, F. J., Schameitat, A., Kliemt, J., Auer, E., ... & Müller, T. (2008). First isolation of EBLV-2 in Germany. *Veterinary microbiology*, 131(1-2), 26-34.
- Freuling, C., Vos, A., Johnson, N., Kaipf, I., Denzinger, A., Neubert, L., ... & Müller, T. (2009). Experimental infection of serotine bats (*Eptesicus serotinus*) with European bat lyssavirus type 1a. *Journal of General Virology*, 90(10), 2493-2502.
- Fuchs, J., Hölzer, M., Schilling, M., Patzina, C., Schoen, A., Hoenen, T., ... & Kochs, G. (2017). Evolution and antiviral specificities of interferon-induced Mx proteins of bats against Ebola, influenza, and other RNA viruses. *Journal of virology*, 91(15), 10-1128.
- Fumagalli, M. J., de Souza, W. M., de Araujo, J., Modha, S., Queiroz, L. H., Durigon, E. L., ... & Figueiredo, L. T. M. (2019). Krykfeie dicistrovirus: A novel dicistrovirus in velvety free-tailed bats from Brazil. *Infection, Genetics and Evolution*, 75, 104036.
- Fumagalli, M. R., Zapperi, S., & La Porta, C. A. (2021). Role of body temperature variations in bat immune response to viral infections. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(180), 20210211.
- Funk, S., & Piot, P. (2014). Mapping Ebola in wild animals for better disease control. *Elife*, 3, e04565.
- Fuoco, N. L., Fernandes, E. R., dos Ramos Silva, S., Luiz, F. G., Ribeiro, O. G., & Katz, I. S. S. (2018). Street rabies virus strains associated with insectivorous bats are less pathogenic than strains isolated from other reservoirs. *Antiviral research*, 160, 94-100.
- Fuoco, N. L., Fernandes, E. R., Guedes, F., Dos Ramos Silva, S., Guimarães, L. P., Silva, N. U., ... & Katz, I. S. S. (2019). *Nyctinomops laticaudatus* bat-associated Rabies virus causes disease with a shorter clinical period and has lower pathogenic potential than strains isolated from wild canids. *Archives of Virology*, 164(10), 2469-2477.
- Gao, J., Xu, K., Sun, H., Liu, Q., Yang, J., Teng, Q., ... & Chen, H. (2017). Generation and characterization of monoclonal antibodies against the NS1

protein of H17N10 bat influenza virus. *Acta Biochimica et Biophysica Sinica*, 49(7), 649-651.

- García-Pérez, R., Gottschling, M., Wibbelt, G., & Bravo, I. G. (2013). Multiple evolutionary origins of bat papillomaviruses. *Veterinary microbiology*, 165(1-2), 51-60.
- García-Pérez, R., Ibanez, C., Godínez, J. M., Arechiga, N., Garin, I., Perez-Suarez, G., ... & Bravo, I. G. (2014). Novel papillomaviruses in free-ranging Iberian bats: no virus–host co-evolution, no strict host specificity, and hints for recombination. *Genome biology and evolution*, 6(1), 94-104.
- Gaudino, M., Aurine, N., Dumont, C., Fouret, J., Ferren, M., Mathieu, C., ... & Horvat, B. (2020). High pathogenicity of nipah virus from Pteropus lylei Fruit Bats, Cambodia. *Emerging infectious diseases*, 26(1), 104.
- Gautam, A., Kaphle, K., Shrestha, B., & Phuyal, S. (2020). Susceptibility to SARS, MERS, and COVID-19 from animal health perspective. *Open veterinary journal*, 10(2), 164-177.
- Gay, N., Olival, K. J., Bumrungsri, S., Siriaronrat, B., Bourgarel, M., & Morand, S. (2014). Parasite and viral species richness of Southeast Asian bats: Fragmentation of area distribution matters. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 3(2), 161-170.
- Gbogbo, F., & Kyei, M. O. (2017). Knowledge, perceptions and attitude of a community living around a colony of straw-coloured fruit bats (*Eidolon helvum*) in Ghana after Ebola virus disease outbreak in West Africa. *Zoonoses and Public Health*, 64(8), 628-635.
- Ge, X. Y., Li, J. L., Yang, X. L., Chmura, A. A., Zhu, G., Epstein, J. H., ... & Shi, Z. L. (2013). Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*, 503(7477), 535-538.
- Ge, X. Y., Wang, N., Zhang, W., Hu, B., Li, B., Zhang, Y. Z., ... & Shi, Z. L. (2016). Coexistence of multiple coronaviruses in several bat colonies in an abandoned mineshaft. *Virologica Sinica*, 31, 31-40.
- Ge, X., Li, J., Peng, C., Wu, L., Yang, X., Wu, Y., ... & Shi, Z. (2011). Genetic diversity of novel circular ssDNA viruses in bats in China. *Journal of General Virology*, 92(11), 2646-2653.
- Geldenhuys M, Weyer J, Nel LH, Markotter W. Coronaviruses in South African bats. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2013 Jul;13(7):516-9. doi: 10.1089/vbz.2012.1101. Epub 2013 Mar 8. PMID: 23473214.
- Geldenhuys, M., Mortlock, M., Weyer, J., Bezuidt, O., Seamark, E. C., Kearney, T., ... & Markotter, W. (2018). A metagenomic viral discovery approach identifies potential zoonotic and novel mammalian viruses in *Neoromicia* bats within South Africa. *PloS one*, 13(3), e0194527.

- Gentles, A. D., Guth, S., Rozins, C., & Brook, C. E. (2020). A review of mechanistic models of viral dynamics in bat reservoirs for zoonotic disease. *Pathogens and global health*, 114(8), 407-425.
- George, D. B., Webb, C. T., Farnsworth, M. L., O'Shea, T. J., Bowen, R. A., Smith, D. L., ... & Rupprecht, C. E. (2011). Host and viral ecology determine bat rabies seasonality and maintenance. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(25), 10208-10213.
- Gerow, C. M., Rapin, N., Voordouw, M. J., Elliot, M., Misra, V., & Subudhi, S. (2019). Arousal from hibernation and reactivation of *Eptesicus fuscus gammaherpesvirus* (Ef HV) in big brown bats. *Transboundary and emerging diseases*, 66(2), 1054-1062.
- Gerrard, D. L., Hawkinson, A., Sherman, T., Modahl, C. M., Hume, G., Campbell, C. L., ... & Fietze, S. (2017). Transcriptomic signatures of Tacaribe virus-infected Jamaican fruit bats. *MSphere*, 2(5), 10-1128.
- Gibson, L., Ribas, M. P., Kemp, J., Restif, O., Suu-Ire, R. D., Wood, J. L., & Cunningham, A. A. (2021). Persistence of multiple paramyxoviruses in a closed captive colony of fruit bats (*Eidolon helvum*). *Viruses*, 13(8), 1659.
- Gilbert, A. T. (2018). Rabies virus vectors and reservoir species. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 37(2), 371-384.
- Gilbert, A. T., McCracken, G. F., Sheeler, L. L., Muller, L. I., O'Rourke, D., Kelch, W. J., & New Jr, J. C. (2015). Rabies surveillance among bats in Tennessee, USA, 1996–2010. *Journal of Wildlife Diseases*, 51(4), 821-832.
- Gilbert, A. T., Wu, X., Jackson, F. R., Franka, R., McCracken, G. F., & Rupprecht, C. E. (2020). Safety, immunogenicity, and efficacy of intramuscular and oral delivery of ERA-G333 recombinant rabies virus vaccine to big brown bats (*Eptesicus fuscus*). *Journal of Wildlife Diseases*, 56(3), 620-630.
- Giles, J. R., Eby, P., Parry, H., Peel, A. J., Plowright, R. K., Westcott, D. A., & McCallum, H. (2018). Environmental drivers of spatiotemporal foraging intensity in fruit bats and implications for Hendra virus ecology. *Scientific reports*, 8(1), 9555.
- Giles, J. R., Peel, A. J., Wells, K., Plowright, R. K., McCallum, H., & Restif, O. (2021). Optimizing noninvasive sampling of a zoonotic bat virus. *Ecology and evolution*, 11(18), 12307-12321.
- Giotis, E. S. (2020). Inferring the urban transmission potential of bat influenza viruses. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 10, 264.
- Giotis, E. S., Carnell, G., Young, E. F., Ghanny, S., Soteropoulos, P., Wang, L. F., ... & Temperton, N. (2019). Entry of the bat influenza H17N10 virus into mammalian cells is enabled by the MHC class II HLA-DR receptor. *Nature microbiology*, 4(12), 2035-2038.
- Giri, R., Bhardwaj, T., Shegane, M., Gehi, B. R., Kumar, P., Gadhave, K., ... & Uversky, V. N. (2021). Understanding COVID-19 via comparative analysis of

dark proteomes of SARS-CoV-2, human SARS and bat SARS-like coronaviruses. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 78, 1655-1688.

- Glennon, E. E., Becker, D. J., Peel, A. J., Garnier, R., Suu-Ire, R. D., Gibson, L., ... & Restif, O. (2019). What is stirring in the reservoir? Modelling mechanisms of henipavirus circulation in fruit bat hosts. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 374(1782), 20190021.
- Glennon, N. B., Jabado, O., Lo, M. K., & Shaw, M. L. (2015). Transcriptome profiling of the virus-induced innate immune response in *Pteropus vampyrus* and its attenuation by Nipah virus interferon antagonist functions. *Journal of virology*, 89(15), 7550-7566.
- Gloza-Rausch, F., Ipsen, A., Seebens, A., Götsche, M., Panning, M., Drexler, J. F., ... & Drosten, C. (2008). Detection and prevalence patterns of group I coronaviruses in bats, northern Germany. *Emerging infectious diseases*, 14(4), 626.
- Góes, L. G. B., de Almeida Campos, A. C., de Carvalho, C., Ambar, G., Queiroz, L. H., Cruz-Neto, A. P., ... & Durigon, E. L. (2016). Genetic diversity of bats coronaviruses in the Atlantic Forest hotspot biome, Brazil. *Infection, Genetics and Evolution*, 44, 510-513.
- Góes, L. G. B., Ruvalcaba, S. G., Campos, A. A., Queiroz, L. H., de Carvalho, C., Jerez, J. A., ... & Dominguez, S. R. (2013). Novel bat coronaviruses, Brazil and Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 19(10), 1711.
- Goffard, A., Demanche, C., Arthur, L., Pinçon, C., Michaux, J., & Dubuisson, J. (2015). Alphacoronaviruses detected in french bats are phylogeographically linked to coronaviruses of european bats. *Viruses*, 7(12), 6279-6290.
- Goh, G., Ahn, M., Zhu, F., Lee, L. B., Luo, D., Irving, A. T., & Wang, L. F. (2020). Complementary regulation of caspase-1 and IL-1 β reveals additional mechanisms of dampened inflammation in bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(46), 28939-28949.
- Goldberg, T. L., Bennett, A. J., Kityo, R., Kuhn, J. H., & Chapman, C. A. (2017). Kanyawara virus: a novel rhabdovirus infecting newly discovered nycteribiid bat flies infesting previously unknown pteropodid bats in Uganda. *Scientific Reports*, 7(1), 5287.
- Goldspink, L. K., Edson, D. W., Vidgen, M. E., Bingham, J., Field, H. E., & Smith, C. S. (2015). Natural Hendra virus infection in flying-foxes-tissue tropism and risk factors. *PLoS One*, 10(6), e0128835.
- Goldstein, T., Anthony, S. J., Gbakima, A., Bird, B. H., Bangura, J., Tremereau-Bravard, A., ... & Mazet, J. A. (2018). The discovery of Bombali virus adds further support for bats as hosts of ebolaviruses. *Nature microbiology*, 3(10), 1084-1089.

- Gómez-Carballa, A., Bello, X., Pardo-Seco, J., Martínón-Torres, F., & Salas, A. (2020). Mapping genome variation of SARS-CoV-2 worldwide highlights the impact of COVID-19 super-spreaders. *Genome Research*, 30(10), 1434-1448.
- Gonçalves MA, Sá-Neto RJ, Brazil TK. (2002). Outbreak of aggressions and transmission of rabies in human beings by vampire bats in northeastern Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop*. Sep-Oct;35(5):461-4. doi: 10.1590/s0037-86822002000500006. Epub 2002 Nov 29. PMID: 12621664.
- González-Salazar, C., Stephens, C. R., & Sánchez-Cordero, V. (2017). Predicting the potential role of non-human hosts in Zika virus maintenance. *EcoHealth*, 14, 171-177.
- Gorbunova, V., Seluanov, A., & Kennedy, B. K. (2020). The world goes bats: living longer and tolerating viruses. *Cell Metabolism*, 32(1), 31-43.
- Gorka, M., Schinköthe, J., Ulrich, R., Ciminski, K., Schwemmle, M., Beer, M., & Hoffmann, D. (2020). Characterization of experimental oro-nasal inoculation of Seba's short-tailed bats (*Carollia perspicillata*) with bat influenza A virus H18N11. *Viruses*, 12(2), 232.
- Gouilh, M. A., Puechmaille, S. J., Diancourt, L., Vandenberghe, M., Serra-Cobo, J., Roïg, M. L., ... & Manuguerra, J. C. (2018). SARS-CoV related Betacoronavirus and diverse Alphacoronavirus members found in western old-world. *Virology*, 517, 88-97.
- Gouilh, M. A., Puechmaille, S. J., Gonzalez, J. P., Teeling, E., Kittayapong, P., & Manuguerra, J. C. (2011). SARS-Coronavirus ancestor's foot-prints in South-East Asian bat colonies and the refuge theory. *Infection, Genetics and Evolution*, 11(7), 1690-1702.
- Gould, A. R., Hyatt, A. D., Lunt, R., Kattenbelt, J. A., Hengstberger, S., & Blacksell, S. D. (1998). Characterisation of a novel lyssavirus isolated from Pteropid bats in Australia. *Virus research*, 54(2), 165-187.
- Gould, A. R., Kattenbelt, J. A., Gumley, S. G., & Lunt, R. A. (2002). Characterisation of an Australian bat lyssavirus variant isolated from an insectivorous bat. *Virus research*, 89(1), 1-28.
- Griffiths, M. E., Bergner, L. M., Broos, A., Meza, D. K., Filipe, A. D. S., Davison, A., ... & Streicker, D. G. (2020). Epidemiology and biology of a herpesvirus in rabies endemic vampire bat populations. *Nature Communications*, 11(1), 5951.
- Grobler, C. S., Coertse, J., & Markotter, W. (2021). Complete Genome Sequence of Matlo Bat Lyssavirus. *Microbiology Resource Announcements*, 10(20), 10-1128.
- Groseth, A., Feldmann, H., & Strong, J. E. (2007). The ecology of Ebola virus. *Trends in microbiology*, 15(9), 408-416.
- Grotta-Neto, F., Peres, P. H., Piovezan, U., Passos, F. C., & Duarte, J. M. (2021). Hunting practices of feral pigs (*Sus scrofa*) and predation by vampire

bats (*Desmodus rotundus*) as a potential route of rabies in the Brazilian Pantanal. *Austral Ecology*, 46(2), 324-328.

- Gryseels, S., De Bruyn, L., Gyselings, R., Calvignac-Spencer, S., Leendertz, F. H., & Leirs, H. (2021). Risk of human-to-wildlife transmission of SARS-CoV-2. *Mammal Review*, 51(2), 272-292.
- Gu, S. H., Lim, B. K., Kadjo, B., Arai, S., Kim, J. A., Nicolas, V., ... & Yanagihara, R. (2014). Molecular phylogeny of hantaviruses harbored by insectivorous bats in Côte d'Ivoire and Vietnam. *Viruses*, 6(5), 1897-1910.
- Guarino, H., Castilho, J. G., Souto, J., de Novaes Oliveira, R., Carrieri, M. L., & Kotait, I. (2013). Antigenic and genetic characterization of rabies virus isolates from Uruguay. *Virus research*, 173(2), 415-420.
- Guito, J. C., Prescott, J. B., Arnold, C. E., Amman, B. R., Schuh, A. J., Spengler, J. R., ... & Towner, J. S. (2021). Asymptomatic infection of Marburg virus reservoir bats is explained by a strategy of immunoprotective disease tolerance. *Current biology*, 31(2), 257-270.
- Gunawardena, P. S., Marston, D. A., Ellis, R. J., Wise, E. L., Karawita, A. C., Breed, A. C., ... & Fooks, A. R. (2016). Lyssavirus in Indian Flying Foxes, Sri Lanka. *Emerging infectious diseases*, 22(8), 1456.
- Guo, H., Hu, B., Si, H. R., Zhu, Y., Zhang, W., Li, B., ... & Shi, Z. L. (2021). Identification of a novel lineage bat SARS-related coronaviruses that use bat ACE2 receptor. *Emerging microbes & infections*, 10(1), 1507-1514.
- Guo, J. J., Lin, X. D., Chen, Y. M., Hao, Z. Y., Wang, Z. X., Yu, Z. M., ... & Zhang, Y. Z. (2020). Diversity and circulation of Jingmen tick virus in ticks and mammals. *Virus evolution*, 6(2), veaa051.
- Guo, Q., Li, M., Wang, C., Guo, J., Jiang, X., Tan, J., ... & Zhu, H. (2021). Predicting hosts based on early SARS-CoV-2 samples and analyzing the 2020 pandemic. *Scientific Reports*, 11(1), 17422.
- Guo, W. P., Lin, X. D., Wang, W., Tian, J. H., Cong, M. L., Zhang, H. L., ... & Zhang, Y. Z. (2013). Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS pathogens*, 9(2), e1003159.
- Gurley, E. S., Hegde, S. T., Hossain, K., Sazzad, H. M., Hossain, M. J., Rahman, M., ... & Luby, S. P. (2017). Convergence of humans, bats, trees, and culture in Nipah virus transmission, Bangladesh. *Emerging infectious diseases*, 23(9), 1446.
- Guy, C., Thiagavel, J., Mideo, N., & Ratcliffe, J. M. (2019). Phylogeny matters: revisiting 'a comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses'. *Royal Society Open Science*, 6(2), 181182.
- Guyatt, K. J., Twin, J., Davis, P., Holmes, E. C., Smith, G. A., Smith, I. L., ... & Young, P. L. (2003). A molecular epidemiological study of Australian bat lyssavirus. *Journal of General Virology*, 84(2), 485-496.

- Guzmán, C., Calderón, A., Martínez, C., Oviedo, M., & Mattar, S. (2019). Eco-epidemiology of the Venezuelan equine encephalitis virus in bats of Córdoba and Sucre, Colombia. *Acta tropica*, 191, 178-184.
- Guzmán, C., Calderón, A., Oviedo, T., Mattar, S., Castañeda, J., Rodríguez, V., & Figueiredo, L. T. M. (2020). Molecular and cellular evidence of natural Venezuelan equine encephalitis virus infection in frugivorous bats in Colombia. *Veterinary World*, 13(3), 495.
- Gwee, S. X. W., St John, A. L., Gray, G. C., & Pang, J. (2021). Animals as potential reservoirs for dengue transmission: A systematic review. *One Health*, 12, 100216.
- Hackenbrack, N., Rogers, M. B., Ashley, R. E., Keel, M. K., Kubiski, S. V., Bryan, J. A., ... & Allison, A. B. (2017). Evolution and cryo-electron microscopy capsid structure of a North American bat adenovirus and its relationship to other mastadenoviruses. *Journal of virology*, 91(2), 10-1128.
- Hadi, M., Munawir, M., Alamudi, M. Y., Suprayogi, D., & Widiyanti, M. (2020). Detection of emerging infectious disease in cynopterus brachyotis and rhinolopus boorneensis as reservoirs of zoonotic diseases in Indonesia. *Indian Journal of Forensic Medicine & Toxicology*, 14(3), 2052-2057.
- Hahn, M. B., Epstein, J. H., Gurley, E. S., Islam, M. S., Luby, S. P., Daszak, P., & Patz, J. A. (2014a). Roosting behaviour and habitat selection of *Pteropus giganteus* reveal potential links to Nipah virus epidemiology. *Journal of Applied Ecology*, 51(2), 376-387. bats, New Zealand. *Emerging Infectious Diseases*, 20(4), 697.
- Hahn, M. B., Gurley, E. S., Epstein, J. H., Islam, M. S., Patz, J. A., Daszak, P., & Luby, S. P. (2014b). The role of landscape composition and configuration on *Pteropus giganteus* roosting ecology and Nipah virus spillover risk in Bangladesh. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 90(2), 247.
- Halczok, T. K., Fischer, K., Gierke, R., Zeus, V., Meier, F., Treß, C., ... & Kerth, G. (2017). Evidence for genetic variation in Natterer's bats (*Myotis nattereri*) across three regions in Germany but no evidence for co-variation with their associated astroviruses. *BMC Evolutionary Biology*, 17, 1-11.
- Hall, J. S., Knowles, S., Nashold, S. W., Ip, H. S., Leon, A. E., Rocke, T., ... & Hofmeister, E. (2021). Experimental challenge of a North American bat species, big brown bat (*Eptesicus fuscus*), with SARS-CoV-2. *Transboundary and emerging diseases*, 68(6), 3443-3452.
- Hall, R. J., Wang, J., Peacey, M., Moore, N. E., McInnes, K., & Tompkins, D. M. (2014). New alphacoronavirus in *Mystacina tuberculata*
- Halpin, K., Hyatt, A. D., Fogarty, R., Middleton, D., Bingham, J., Epstein, J. H., ... & Henipavirus Ecology Research Group. (2011). Pteropid bats are confirmed as the reservoir hosts of henipaviruses: a comprehensive experimental study of

virus transmission. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 85(5), 946.

- Halpin, K., Young, P. L., Field, H. E., & Mackenzie, J. S. (2000). Isolation of Hendra virus from pteropid bats: a natural reservoir of Hendra virus. *Journal of General Virology*, 81(8), 1927-1932.
- Halwe, N. J., Gorka, M., Hoffmann, B., Rissmann, M., Breithaupt, A., Schwemmle, M., ... & Balkema-Buschmann, A. (2021). Egyptian fruit bats (*Rousettus aegyptiacus*) were resistant to experimental inoculation with avian-origin Influenza A virus of subtype H9N2, but are susceptible to experimental infection with bat-borne H9N2 virus. *Viruses*, 13(4), 672.
- Hammarin, A. L., Berndtsson, L. T., Falk, K., Nedinge, M., Olsson, G., & Lundkvist, Å. (2016). Lyssavirus-reactive antibodies in Swedish bats. *Infection Ecology & Epidemiology*, 6(1), 31262.
- Hammond, R. G., Tan, X., & Johnson, M. A. (2017). SARS-unique fold in the Rousettus bat coronavirus HKU9. *Protein Science*, 26(9), 1726-1737.
- Han, B. A., Schmidt, J. P., Alexander, L. W., Bowden, S. E., Hayman, D. T., & Drake, J. M. (2016). Undiscovered bat hosts of filoviruses. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(7), e0004815.
- Han, H. J., Wen, H. L., Zhao, L., Liu, J. W., Luo, L. M., Zhou, C. M., ... & Yu, X. J. (2017). Novel coronaviruses, astroviruses, adenoviruses and circoviruses in insectivorous bats from northern China. *Zoonoses and public health*, 64(8), 636-646.
- Han, H. J., Wen, H. L., Zhou, C. M., Chen, F. F., Luo, L. M., Liu, J. W., & Yu, X. J. (2015). Bats as reservoirs of severe emerging infectious diseases. *Virus research*, 205, 1-6.
- Han, Y., Du, J., Su, H., Zhang, J., Zhu, G., Zhang, S., ... & Jin, Q. (2019). Identification of diverse bat alphacoronaviruses and betacoronaviruses in China provides new insights into the evolution and origin of coronavirus-related diseases. *Frontiers in microbiology*, 10, 1900.
- Hanlon, C. A., DeMattos, C. A., DeMattos, C. C., Niezgoda, M., Hooper, D. C., Koprowski, H., ... & Rupprecht, C. E. (2001). Experimental utility of rabies virus-neutralizing human monoclonal antibodies in post-exposure prophylaxis. *Vaccine*, 19(28-29), 3834-3842.
- Hanna, J. N., Carney, I. K., Smith, G. A., Deverill, J. E., Botha, J. A., Serafin, I. L., ... & Searle, J. W. (2000). Australian bat lyssavirus infection: a second human case, with a long incubation period. *The Medical Journal of Australia*, 172(12), 597-599.
- Hardmeier, I., Aeberhard, N., Qi, W., Schoenbaechler, K., Kraettli, H., Hatt, J. M., ... & Kubacki, J. (2021). Metagenomic analysis of fecal and tissue samples from 18 endemic bat species in Switzerland revealed a diverse virus composition including potentially zoonotic viruses. *PLoS One*, 16(6), e0252534.

- Harima, H., Sasaki, M., Kajihara, M., Mori-Kajihara, A., Hang'ombe, B. M., Changula, K., ... & Sawa, H. (2020). Detection of novel orthoreovirus genomes in shrew (*Crocidura hirta*) and fruit bat (*Rousettus aegyptiacus*). *Journal of Veterinary Medical Science*, 82(2), 162-167.
- Harima, H., Sasaki, M., Orba, Y., Okuya, K., Qiu, Y., Wastika, C. E., ... & Sawa, H. (2021). Attenuated infection by a Pteropine orthoreovirus isolated from an Egyptian fruit bat in Zambia. *PLoS neglected tropical diseases*, 15(9), e0009768.
- Harris, S. L., Aegerter, J. N., Brookes, S. M., McElhinney, L. M., Jones, G., Smith, G. C., & Fooks, A. R. (2009). Targeted surveillance for European bat lyssaviruses in English bats (2003–06). *Journal of Wildlife Diseases*, 45(4), 1030-1041.
- Harris, S. L., Brookes, S. M., Jones, G., Hutson, A. M., & Fooks, A. R. (2006). Passive surveillance (1987 to 2004) of United Kingdom bats for European bat lyssaviruses. *Veterinary Record*, 159(14), 439-446.
- Harris, S. L., Brookes, S. M., Jones, G., Hutson, A. M., Racey, P. A., Aegerter, J., ... & Fooks, A. R. (2006). European bat lyssaviruses: distribution, prevalence and implications for conservation. *Biological conservation*, 131(2), 193-210.
- Harris, S. L., Mansfield, K., Marston, D. A., Johnson, N., Pajamo, K., O'brien, N., ... & Fooks, A. R. (2007). Isolation of European bat lyssavirus type 2 from a Daubenton's bat (*Myotis daubentonii*) in Shropshire. *Veterinary record*, 161(11), 384.
- Harist, A. (2016). Human Rabies—Wyoming and Utah, 2015. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 65.
- Hasebe, F., Thuy, N. T. T., Inoue, S., Yu, F., Kaku, Y., Watanabe, S., ... & Morita, K. (2012). Serologic evidence of nipah virus infection in bats, Vietnam. *Emerging infectious diseases*, 18(3), 536.
- Hassan, M. M., Kalam, M. A., Alam, M., Shano, S., Faruq, A. A., Hossain, M. S., ... & Islam, A. (2020). Understanding the community perceptions and knowledge of bats and transmission of Nipah virus in Bangladesh. *Animals*, 10(10), 1814.
- Hassan, S. S., Choudhury, P. P., & Roy, B. (2020). Molecular phylogeny and missense mutations at envelope proteins across coronaviruses. *Genomics*, 112(6), 4993-5004.
- Hassan, S. S., Choudhury, P. P., Basu, P., & Jana, S. S. (2020). Molecular conservation and differential mutation on ORF3a gene in Indian SARS-CoV2 genomes. *Genomics*, 112(5), 3226-3237.
- Hassanin, A., Nesi, N., Marin, J., Kadjo, B., Pourrut, X., Leroy, É., ... & Bonillo, C. (2016). Comparative phylogeography of African fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae) provide new insights into the outbreak of Ebola virus disease in West Africa, 2014–2016. *Comptes Rendus. Biologies*, 339(11-12), 517-528.

- Hassanin, A., Tu, V. T., Curaudeau, M., & Csorba, G. (2021). Inferring the ecological niche of bat viruses closely related to SARS-CoV-2 using phylogeographic analyses of *Rhinolophus* species. *Scientific reports*, 11(1), 14276.
- Hause, B. M., Nelson, E. A., & Christopher-Hennings, J. (2020). North American big brown bats (*Eptesicus fuscus*) harbor an exogenous deltaretrovirus. *Msphere*, 5(5), 10-1128.
- Hause, B. M., Nelson, E., & Christopher-Hennings, J. (2021). *Eptesicus fuscus* orthorubulavirus, a close relative of human parainfluenza virus 4, discovered in a bat in South Dakota. *Microbiology spectrum*, 9(2), e00930-21.
- Hayes, M. A., & Piaggio, A. J. (2018). Assessing the potential impacts of a changing climate on the distribution of a rabies virus vector. *PLoS One*, 13(2), e0192887.
- Hayman, D. T. (2015). Biannual birth pulses allow filoviruses to persist in bat populations. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282(1803), 20142591.
- Hayman, D. T. (2016). Bats as viral reservoirs. *Annual review of virology*, 3, 77-99.
- Hayman, D. T. (2019). Bat tolerance to viral infections. *Nature microbiology*, 4(5), 728-729.
- Hayman, D. T. S., Fooks, A. R., Rowcliffe, J. M., McCrea, R., Restif, O., Baker, K. S., ... & Wood, J. L. N. (2012). Endemic Lagos bat virus infection in *Eidolon helvum*. *Epidemiology & Infection*, 140(12), 2163-2171.
- Hayman, D. T., & Knox, M. A. (2021). Estimating the age of the subfamily Orthocoronavirinae using host divergence times as calibration ages at two internal nodes. *Virology*, 563, 20-27.
- Hayman, D. T., Banyard, A. C., Wakeley, P. R., Harkess, G., Marston, D., Wood, J. L., ... & Fooks, A. R. (2011). A universal real-time assay for the detection of Lyssaviruses. *Journal of virological methods*, 177(1), 87-93.
- Hayman, D. T., Emmerich, P., Yu, M., Wang, L. F., Suu-Ire, R., Fooks, A. R., ... & Wood, J. L. (2010). Long-term survival of an urban fruit bat seropositive for Ebola and Lagos bat viruses. *PloS one*, 5(8), e11978.
- Hayman, D. T., Fooks, A. R., Horton, D., Suu-Ire, R., Breed, A. C., Cunningham, A. A., & Wood, J. L. (2008). Antibodies against Lagos bat virus in megachiroptera from West Africa. *Emerging Infectious Diseases*, 14(6), 926.
- Hayman, D. T., Luis, A. D., Restif, O., Baker, K. S., Fooks, A. R., Leach, C., ... & Webb, C. T. (2018). Maternal antibody and the maintenance of a lyssavirus in populations of seasonally breeding African bats. *PloS one*, 13(6), e0198563.
- Hayman, D. T., Suu-Ire, R., Breed, A. C., McEachern, J. A., Wang, L., Wood, J. L., & Cunningham, A. A. (2008). Evidence of henipavirus infection in West African fruit bats. *PloS one*, 3(7), e2739.

- Hayman, D. T., Yu, M., Crameri, G., Wang, L. F., Suu-Ire, R., Wood, J. L., & Cunningham, A. A. (2012). Ebola virus antibodies in fruit bats, Ghana, West Africa. *Emerging infectious diseases*, 18(7), 1207.
- Hayward, J. A., Tachedjian, M., Cui, J., Cheng, A. Z., Johnson, A., Baker, M. L., ... & Tachedjian, G. (2018). Differential evolution of antiretroviral restriction factors in pteropid bats as revealed by APOBEC3 gene complexity. *Molecular biology and evolution*, 35(7), 1626-1637.
- Hayward, J. A., Tachedjian, M., Cui, J., Field, H., Holmes, E. C., Wang, L. F., & Tachedjian, G. (2013). Identification of diverse full-length endogenous betaretroviruses in megabats and microbats. *Retrovirology*, 10, 1-19.
- Hayward, J. A., Tachedjian, M., Kohl, C., Johnson, A., Dearnley, M., Jesaveluk, B., ... & Tachedjian, G. (2020). Infectious KoRV-related retroviruses circulating in Australian bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(17), 9529-9536.
- He, B., Fan, Q., Yang, F., Hu, T., Qiu, W., Feng, Y., ... & Tu, C. (2013). Hepatitis virus in long-fingered bats, Myanmar. *Emerging infectious diseases*, 19(4), 638.
- He, B., Feng, Y., Zhang, H., Xu, L., Yang, W., Zhang, Y., ... & Tu, C. (2015). Filovirus RNA in fruit bats, China. *Emerging infectious diseases*, 21(9), 1675.
- He, B., Huang, X., Zhang, F., Tan, W., Matthijssens, J., Qin, S., ... & Tu, C. (2017). Group A rotaviruses in Chinese bats: genetic composition, serology, and evidence for bat-to-human transmission and reassortment. *Journal of Virology*, 91(12), 10-1128.
- He, B., Li, Z., Yang, F., Zheng, J., Feng, Y., Guo, H., ... & Tu, C. (2013). Virome profiling of bats from Myanmar by metagenomic analysis of tissue samples reveals more novel mammalian viruses. *PLoS One*, 8(4), e61950.
- He, B., Yang, F., Yang, W., Zhang, Y., Feng, Y., Zhou, J., ... & Tu, C. (2013). Characterization of a novel G3P [3] rotavirus isolated from a lesser horseshoe bat: a distant relative of feline/canine rotaviruses. *Journal of virology*, 87(22), 12357-12366.
- He, B., Zhang, F., Xia, L., Hu, T., Chen, G., Qiu, W., ... & Tu, C. (2015). Identification of a novel Orthohepadnavirus in pomona roundleaf bats in China. *Archives of virology*, 160, 335-337.
- He, B., Zhang, Y., Xu, L., Yang, W., Yang, F., Feng, Y., ... & Tu, C. (2014). Identification of diverse alphacoronaviruses and genomic characterization of a novel severe acute respiratory syndrome-like coronavirus from bats in China. *Journal of virology*, 88(12), 7070-7082.
- He, L., Sun, S., Zhang, Q., Bao, X., & Li, P. K. (2021). Alignment-free sequence comparison for virus genomes based on location correlation coefficient. *Infection, Genetics and Evolution*, 96, 105106.

- He, X., Korytář, T., Schatz, J., Freuling, C. M., Müller, T., & Köllner, B. (2014). Anti-lyssaviral activity of interferons κ and ω from the serotine bat, *Eptesicus serotinus*. *Journal of virology*, 88(10), 5444-5454.
- He, X., Korytář, T., Zhu, Y., Pikula, J., Bandouchova, H., Zukal, J., & Köllner, B. (2014). Establishment of *Myotis myotis* cell lines-model for investigation of host-pathogen interaction in a natural host for emerging viruses. *PLoS One*, 9(10), e109795.
- Heinemann, M. B., Fernandes-Matioli, F. M. D. C., Cortez, A., Soares, R. M., Sakamoto, S. M., Bernardi, F., ... & Richtzenhain, L. J. (2002). Genealogical analyses of rabies virus strains from Brazil based on N gene alleles. *Epidemiology & Infection*, 128(3), 503-511.
- Hermida Lorenzo, R. J., Cadar, D., Koundouno, F. R., Juste, J., Bialonski, A., Baum, H., ... & Escudero-Pérez, B. (2021). Metagenomic snapshots of viral components in Guinean bats. *Microorganisms*, 9(3), 599.
- Hernández-Aguilar, I., Lorenzo, C., Santos-Moreno, A., Naranjo, E. J., & Navarrete-Gutiérrez, D. (2021a). Coronaviruses in bats: A review for the Americas. *Viruses*, 13(7), 1226.
- Hernández-Aguilar, I., Lorenzo, C., Santos-Moreno, A., Navarrete Gutierrez, D., & Naranjo, E. J. (2021b). Current knowledge and ecological and human impact variables involved in the distribution of the dengue virus by bats in the Americas. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 21(4), 217-231.
- Hester, L. C., Best, T. L., & Hudson, M. K. (2007). Rabies in bats from Alabama. *Journal of wildlife diseases*, 43(2), 291-299.
- Hicks, D. J., Nunez, A., Healy, D. M., Brookes, S. M., Johnson, N., & Fooks, A. R. (2009). Comparative pathological study of the murine brain after experimental infection with classical rabies virus and European bat lyssaviruses. *Journal of comparative pathology*, 140(2-3), 113-126.
- Hiller, T., Rasche, A., Brändel, S. D., König, A., Jeworowski, L., Teague O'Mara, M., ... & Tschapka, M. (2019). Host biology and anthropogenic factors affect hepadnavirus infection in a neotropical bat. *EcoHealth*, 16, 82-94.
- Hirano, S., Itou, T., Carvalho, A. A., Ito, F. H., & Sakai, T. (2010). Epidemiology of vampire bat-transmitted rabies virus in Goiás, central Brazil: re-evaluation based on GL intergenic region. *BMC research notes*, 3, 1-8.
- Hirose, J. M., Bourhy, H., & Lafon, M. (1990). A reduced panel of anti-nucleocapsid monoclonal antibodies for bat rabies virus identification in Europe. *Research in virology*, 141(5), 571-581.
- Hirsbrunner, A., Rodriguez-Duran, A., Jarvis, J. A., Rudd, R. J., & Davis, A. D. (2020). Detection of rabies viral neutralizing antibodies in the Puerto Rican *Brachyphylla cavernarum*. *Infection Ecology & Epidemiology*, 10(1), 1840773.
- Hoarau, A. O., Goodman, S. M., Al Halabi, D., Ramasindrazana, B., Lagadec, E., Le Minter, G., ... & Lebarbenchon, C. (2021). Investigation of astrovirus,

coronavirus and paramyxovirus co-infections in bats in the western Indian Ocean. *Virology journal*, 18, 1-8.

- Hoarau, F., Le Minter, G., Joffrin, L., Schoeman, M. C., Lagadec, E., Ramasindrazana, B., ... & Lebarbenchon, C. (2018). Bat astrovirus in Mozambique. *Virology journal*, 15, 1-5.
- Hoffmann, M., González Hernández, M., Berger, E., Marzi, A., & Pöhlmann, S. (2016). The glycoproteins of all filovirus species use the same host factors for entry into bat and human cells but entry efficiency is species dependent. *PLoS One*, 11(2), e0149651.
- Hoffmann, M., Krüger, N., Zmora, P., Wrensch, F., Herrler, G., & Pöhlmann, S. (2016). The hemagglutinin of bat-associated influenza viruses is activated by TMPRSS2 for pH-dependent entry into bat but not human cells. *PloS one*, 11(3), e0152134. in Southern Thailand. *Virology journal*, 13, 1-7.
- Hoffmann, M., Müller, M. A., Drexler, J. F., Glende, J., Erdt, M., Gützkow, T., ... & Herrler, G. (2013). Differential sensitivity of bat cells to infection by enveloped RNA viruses: coronaviruses, paramyxoviruses, filoviruses, and influenza viruses. *PloS one*, 8(8), e72942.
- Hoffmann, M., Nehlmeier, I., Brinkmann, C., Krähling, V., Behner, L., Moldenhauer, A. S., ... & Pöhlmann, S. (2019). Tetherin inhibits Nipah virus but not Ebola virus replication in fruit bat cells. *Journal of virology*, 93(3), 10-1128.
- Holmes, E. C., & Zhang, Y. Z. (2015). The evolution and emergence of hantaviruses. *Current opinion in virology*, 10, 27-33.
- Holmes, E. C., Woelk, C. H., Kassis, R., & Bourhy, H. (2002). Genetic constraints and the adaptive evolution of rabies virus in nature. *Virology*, 292(2), 247-257.
- Holz, P. H., Lumsden, L. F., Druce, J., Legione, A. R., Vaz, P., Devlin, J. M., & Hufschmid, J. (2018). Virus survey in populations of two subspecies of bent-winged bats (*Miniopterus orianae bassanii* and *oceanensis*) in south-eastern Australia reveals a high prevalence of diverse herpesviruses. *PLoS One*, 13(5), e0197625.
- Hölzer, M., Krähling, V., Amman, F., Barth, E., Bernhart, S. H., Carmelo, V. A., ... & Marz, M. (2016). Differential transcriptional responses to Ebola and Marburg virus infection in bat and human cells. *Scientific reports*, 6(1), 34589.
- Hölzer, M., Schoen, A., Wulle, J., Müller, M. A., Drosten, C., Marz, M., & Weber, F. (2019). Virus-and interferon alpha-induced transcriptomes of cells from the microbat *Myotis daubentonii*. *Iscience*, 19, 647-661.
- Hooper, P. T., & Williamson, M. M. (2000). Hendra and Nipah virus infections. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice*, 16(3), 597-603.
- Hooper, P. T., Fraser, G. C., Foster, R. A., & Storie, G. J. (1999). Histopathology and immunohistochemistry of bats infected by Australian bat lyssavirus. *Australian Veterinary Journal*, 77(9), 595-599.

- Hooper, P. T., Lunt, R. A., Gould, A. R., Samaratunga, H., Hyatt, A. D., Gleeson, L. J., ... & Murray, P. K. (1997). A new lyssavirus—the first endemic rabies-related virus recognized in Australia. *Bulletin de l'Institut Pasteur*, 95(4), 209-218.
- Hooper, P., Zaki, S., Daniels, P., & Middleton, D. (2001). Comparative pathology of the diseases caused by Hendra and Nipah viruses. *Microbes and infection*, 3(4), 315-322.
- Horie, M., Kobayashi, Y., Honda, T., Fujino, K., Akasaka, T., Kohl, C., ... & Tomonaga, K. (2016). An RNA-dependent RNA polymerase gene in bat genomes derived from an ancient negative-strand RNA virus. *Scientific reports*, 6(1), 25873.
- Horigan, V., Gale, P., Kosmider, R. D., Minnis, C., Snary, E. L., Breed, A. C., & Simons, R. R. (2017). Application of a quantitative entry assessment model to compare the relative risk of incursion of zoonotic bat-borne viruses into European Union Member States. *Microbial risk analysis*, 7, 8-28.
- Horton, D. L., Banyard, A. C., Marston, D. A., Wise, E., Selden, D., Nunez, A., ... & Fooks, A. R. (2014). Antigenic and genetic characterization of a divergent African virus, Ikoma lyssavirus. *Journal of General Virology*, 95(5), 1025-1032.
- Horton, D. L., Breed, A. C., Arnold, M. E., Smith, G. C., Aegerter, J. N., McElhinney, L. M., ... & Fooks, A. R. (2020). Between roost contact is essential for maintenance of European bat lyssavirus type-2 in *Myotis daubentonii* bat reservoir: 'The Swarming Hypothesis'. *Scientific reports*, 10(1), 1740.
- Horton, D. L., Voller, K., Haxton, B., Johnson, N., Leech, S., Goddard, T., ... & Fooks, A. R. (2009). European bat lyssavirus type 2 in a Daubenton's bat in Scotland. *The Veterinary Record*, 165(13), 383.
- Host, K. M., & Damania, B. (2016). Discovery of a novel bat gammaherpesvirus. *Msphere*, 1(1), 10-1128.
- Hranac, C. R., Marshall, J. C., Monadjem, A., & Hayman, D. T. (2019). Predicting Ebola virus disease risk and the role of African bat birthing. *Epidemics*, 29, 100366.
- Hron, T., Elleder, D., & Gifford, R. J. (2019). Deltaretroviruses have circulated since at least the Paleogene and infected a broad range of mammalian species. *Retrovirology*, 16(1), 33.
- Hron, T., Farkašová, H., Gifford, R. J., Benda, P., Hulva, P., Görföl, T., ... & Elleder, D. (2018). Remnants of an ancient deltaretrovirus in the genomes of horseshoe bats (Rhinolophidae). *Viruses*, 10(4), 185.
- Hu, B., Chmura, A. A., Li, J., Zhu, G., Desmond, J. S., Zhang, Y., ... & Shi, Z. (2014). Detection of diverse novel astroviruses from small mammals in China. *Journal of general virology*, 95(11), 2442-2449.
- Hu, B., Guo, H., Zhou, P., & Shi, Z. L. (2021). Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. *Nature Reviews Microbiology*, 19(3), 141-154.

- Hu, B., Zeng, L. P., Yang, X. L., Ge, X. Y., Zhang, W., Li, B., ... & Shi, Z. L. (2017). Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. *PLoS pathogens*, 13(11), e1006698.
- Hu, D., Zhu, C., Ai, L., He, T., Wang, Y., Ye, F., ... & Wang, C. (2018). Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats. *Emerging microbes & infections*, 7(1), 1-10.
- Hu, D., Zhu, C., Wang, Y., Ai, L., Yang, L., Ye, F., ... & Wang, C. (2017). Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bats from Southeast China. *Scientific reports*, 7(1), 10917.
- Hu, R., Tang, Q., Tang, J., & Fooks, A. R. (2009). Rabies in China: an update. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 9(1), 1-12.
- Hu, S. C., Hsu, C. L., Lee, M. S., Tu, Y. C., Chang, J. C., Wu, C. H., ... & Hsu, W. C. (2018). Lyssavirus in Japanese Pipistrelle, Taiwan. *Emerging infectious diseases*, 24(4), 782.
- Hu, T., Qiu, W., He, B., Zhang, Y., Yu, J., Liang, X., ... & Zhang, F. (2014). Characterization of a novel orthoreovirus isolated from fruit bat, China. *BMC microbiology*, 14, 1-8.
- Huang, C., Liu, W. J., Xu, W., Jin, T., Zhao, Y., Song, J., ... & Gao, G. F. (2016). A bat-derived putative cross-family recombinant coronavirus with a reovirus gene. *PLoS pathogens*, 12(9), e1005883.
- Huang, C., Qi, J., Lu, G., Wang, Q., Yuan, Y., Wu, Y., ... & Gao, G. F. (2016). Putative receptor binding domain of bat-derived coronavirus HKU9 spike protein: evolution of betacoronavirus receptor binding motifs. *Biochemistry*, 55(43), 5977-5988.
- Huang, Y., Xie, J., Guo, Y., Sun, W., He, Y., Liu, K., ... & Zhong, N. (2021, August). SARS-CoV-2: origin, intermediate host and allergenicity features and hypotheses. In *Healthcare* (Vol. 9, No. 9, p. 1132). MDPI.
- Hughes, G. J., Kuzmin, I. V., Schmitz, A., Blanton, J., Manangan, J., Murphy, S., & Rupprecht, C. E. (2006). Experimental infection of big brown bats (*Eptesicus fuscus*) with Eurasian bat lyssaviruses Aravan, Khujand, and Irkut virus. *Archives of virology*, 151, 2021-2035.
- Hughes, G. J., Orciari, L. A., & Rupprecht, C. E. (2005). Evolutionary timescale of rabies virus adaptation to North American bats inferred from the substitution rate of the nucleoprotein gene. *Journal of General Virology*, 86(5), 1467-1474.
- Hughes, J. M., Wilson, M. E., Halpin, K., Hyatt, A. D., Plowright, R. K., Epstein, J. H., ... & Henipavirus Ecology Research Group. (2007). Emerging viruses: coming in on a wrinkled wing and a prayer. *Clinical Infectious Diseases*, 44(5), 711-717.

- Hughes, J. M., Wilson, M. E., Luby, S. P., Gurley, E. S., & Hossain, M. J. (2009). Transmission of human infection with Nipah virus. *Clinical infectious diseases*, 49(11), 1743-1748.
- Hui, D. S., Memish, Z. A., & Zumla, A. (2014). Severe acute respiratory syndrome vs. the Middle East respiratory syndrome. *Current opinion in pulmonary medicine*, 20(3), 233-241.
- Huong, N. Q., Nga, N. T. T., Long, N. V., Luu, B. D., Latinne, A., Pruvot, M., ... & Olson, S. H. (2020). Coronavirus testing indicates transmission risk increases along wildlife supply chains for human consumption in Viet Nam, 2013-2014. *PLoS One*, 15(8), e0237129.
- Hutter, S. E., Brugger, K., Sancho Vargas, V. H., González, R., Aguilar, O., León, B., ... & Rubel, F. (2016). Rabies in Costa Rica: documentation of the surveillance program and the endemic situation from 1985 to 2014. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 16(5), 334-341. bats. *Science China Life Sciences*, 59, 604-614.
- Hyeon, J. Y., Risatti, G. R., Helal, Z. H., McGinnis, H., Sims, M., Hunt, A., ... & Lee, D. H. (2021). Whole Genome Sequencing and Phylogenetic Analysis of Rabies Viruses from Bats in Connecticut, USA, 2018–2019. *Viruses*, 13(12), 2500.
- Iehlé, C., Razafitrimo, G., Razainirina, J., Goodman, S. M., Faure, C., Georges-Courbot, M. C., ... & Reynes, J. M. (2007). Henipavirus and Tioman virus antibodies in pteropodid bats, Madagascar. *Emerging infectious diseases*, 13(1), 159.
- Iglesias, R., Cox-Witton, K., Field, H., Skerratt, L. F., & Barrett, J. (2021). Australian bat lyssavirus: analysis of National bat Surveillance Data from 2010 to 2016. *Viruses*, 13(2), 189.
- Iglesias-Caballero, M., Juste, J., Vázquez-Morón, S., Falcon, A., Aznar-Lopez, C., Ibáñez, C., ... & Casas, I. (2018). New adenovirus groups in Western Palaearctic bats. *Viruses*, 10(8), 443.
- Iida, A., Takemae, H., Tarigan, R., Kobayashi, R., Kato, H., Shimoda, H., ... & Hondo, E. (2021). Viral-derived DNA invasion and individual variation in an Indonesian population of large flying fox *Pteropus vampyrus*. *Journal of Veterinary Medical Science*, 83(7), 1068-1074.
- Inagaki, T., Yamada, S., Fujii, H., Yoshikawa, T., Shibamura, M., Harada, S., ... & Saijo, M. (2020). Characterization of a novel alphaherpesvirus isolated from the fruit bat *Pteropus lylei* in Vietnam. *Journal of Virology*, 94(18), 10-1128.
- Irving, A. T., Rozario, P., Kong, P. S., Luko, K., Gorman, J. J., Hastie, M. L., ... & Wang, L. F. (2020). Robust dengue virus infection in bat cells and limited innate immune responses coupled with positive serology from bats in IndoMalaya and Australasia. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 77, 1607-1622.

- Irving, A. T., Zhang, Q., Kong, P. S., Luko, K., Rozario, P., Wen, M., ... & Wang, L. F. (2020). Interferon regulatory factors IRF1 and IRF7 directly regulate gene expression in bats in response to viral infection. *Cell reports*, 33(5).
- Ishii, A., Ueno, K., Orba, Y., Sasaki, M., Moonga, L., Hang'ombe, B. M., ... & Sawa, H. (2014). A nairovirus isolated from African bats causes haemorrhagic gastroenteritis and severe hepatic disease in mice. *Nature communications*, 5(1), 5651.
- Islam, A., Ferdous, J., Sayeed, M. A., Islam, S., Kaiser Rahman, M., Abedin, J., ... & Shirin, T. (2021). Spatial epidemiology and genetic diversity of SARS-CoV-2 and related coronaviruses in domestic and wild animals. *PLoS One*, 16(12), e0260635.
- Islam, M. S., Hasib, F. Y., Nath, C., Ara, J., Nu, M. S., Fazal, M. A., & Chowdhury, S. (2021). Coronavirus disease 2019 and its potential animal reservoirs: A review.
- Islam, M. S., Sazzad, H. M., Satter, S. M., Sultana, S., Hossain, M. J., Hasan, M., ... & Gurley, E. S. (2016). Nipah virus transmission from bats to humans associated with drinking traditional liquor made from date palm sap, Bangladesh, 2011–2014. *Emerging infectious diseases*, 22(4), 664.
- Ithete, N. L., Stoffberg, S., Corman, V. M., Cottontail, V. M., Richards, L. R., Schoeman, M. C., ... & Preiser, W. (2013). Close relative of human Middle East respiratory syndrome coronavirus in bat, South Africa. *Emerging infectious diseases*, 19(10), 1697.
- Ito, M., Arai, Y. T., Itou, T., Sakai, T., Ito, F. H., Takasaki, T., & Kurane, I. (2001). Genetic characterization and geographic distribution of rabies virus isolates in Brazil: identification of two reservoirs, dogs and vampire bats. *Virology*, 284(2), 214-222.
- Ito, M., Itou, T., Sakai, T., Santos, M. F., Arai, Y. T., Takasaki, T., ... & ITO, F. H. (2001). Detection of rabies virus RNA isolated from several species of animals in Brazil by RT-PCR. *Journal of veterinary medical science*, 63(12), 1309-1313.
- Ito, M., Itou, T., Shoji, Y., Sakai, T., Ito, F. H., Arai, Y. T., ... & Kurane, I. (2003). Discrimination between dog-related and vampire bat-related rabies viruses in Brazil by strain-specific reverse transcriptase-polymerase chain reaction and restriction fragment length polymorphism analysis. *Journal of Clinical Virology*, 26(3), 317-330.
- Ivanov, A., Ramanathan, P., Parry, C., Ilinykh, P. A., Lin, X., Petukhov, M., ... & Nekhai, S. (2020). Global phosphoproteomic analysis of Ebola virions reveals a novel role for VP35 phosphorylation-dependent regulation of genome transcription. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 77, 2579-2603.
- Iwasaki, T., Inoue, S., Tanaka, K., Sato, Y., Morikawa, S., Hayasaka, D., ... & Kurata, T. (2004). Characterization of Oita virus 296/1972 of Rhabdoviridae

isolated from a horseshoe bat bearing characteristics of both lyssavirus and vesiculovirus. *Archives of virology*, 149, 1139-1154.

- Iwasaki, Y., Abe, T., & Ikemura, T. (2021). Human cell-dependent, directional, time-dependent changes in the mono-and oligonucleotide compositions of SARS-CoV-2 genomes. *BMC microbiology*, 21, 1-10.
- Jackson, A. C., & Fenton, M. B. (2001). Human rabies and bat bites. *The Lancet*, 357(9269), 1714.
- Jackson, F. R., Turmelle, A. S., Farino, D. M., Franka, R., McCracken, G. F., & Rupprecht, C. E. (2008). Experimental rabies virus infection of big brown bats (*Eptesicus fuscus*). *Journal of wildlife diseases*, 44(3), 612-621.
- Jacquet, S., Pons, J. B., De Bernardo, A., Ngoubangoye, B., Cosset, F. L., Régis, C., ... & Pontier, D. (2019). Evolution of hepatitis B virus receptor NTCP reveals differential pathogenicities and species specificities of hepadnaviruses in primates, rodents, and bats. *Journal of virology*, 93(5), 10-1128.
- Jacquet, S., Pontier, D., & Etienne, L. (2020). Rapid evolution of HERC6 and duplication of a chimeric HERC5/6 gene in rodents and bats suggest an overlooked role of HERCs in mammalian immunity. *Frontiers in immunology*, 11, 605270.
- Jakava-Viljanen, M., Lilley, T., Kyheröinen, E. M., & Huovilainen, A. (2010). First encounter of European bat lyssavirus type 2 (EBLV-2) in a bat in Finland. *Epidemiology & Infection*, 138(11), 1581-1585.
- James, S., Donato, D., de Thoisy, B., Lavergne, A., & Lacoste, V. (2020). Novel herpesviruses in neotropical bats and their relationship with other members of the Herpesviridae family. *Infection, Genetics and Evolution*, 84, 104367.
- Janardhana, V., Tachedjian, M., Cramer, G., Cowled, C., Wang, L. F., & Baker, M. L. (2012). Cloning, expression and antiviral activity of IFN γ from the Australian fruit bat, *Pteropus alecto*. *Developmental & Comparative Immunology*, 36(3), 610-618.
- Jang, S. S., Noh, J. Y., Lo, V. T., Choi, Y. G., Yoon, S. W., Jeong, D. G., & Kim, H. K. (2020). The epidemiological characteristics of the Korean bat paramyxovirus between 2016 and 2019. *Microorganisms*, 8(6), 844.
- Janies, D., Habib, F., Alexandrov, B., Hill, A., & Pol, D. (2008). Evolution of genomes, host shifts and the geographic spread of SARS-CoV and related coronaviruses. *Cladistics*, 24(2), 111-130.
- Janíková, M., Briestenská, K., Salinas-Ramos, V. B., Mistríková, J., & Kabát, P. (2020). Molecular detection of murine gammaherpesvirus 68 (MHV-68) in bats from Mexico. *Acta Virol*, 64, 509-511.
- Jánoska, M., Vidovszky, M., Molnár, V., Liptovszky, M., Harrach, B., & Benkő, M. (2011). Novel adenoviruses and herpesviruses detected in bats. *The Veterinary Journal*, 189(1), 118-121.

- Jansen van Vuren, P., Allam, M., Wiley, M. R., Ismail, A., Storm, N., Birkhead, M., ... & Paweska, J. T. (2018). A novel adenovirus isolated from the Egyptian fruit bat in South Africa is closely related to recent isolates from China. *Scientific reports*, 8(1), 9584.
- Jaramillo-Reyna, E., Almazán-Marín, C., de la O-Cavazos, M. E., Valdéz-Leal, R., Bañuelos-Álvarez, A. H., Zúñiga-Ramos, M. A., ... & Aréchiga-Ceballos, N. (2020). Public veterinary medicine: public health rabies virus variants identified in Nuevo Leon State, Mexico, from 2008 to 2015. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 256(4), 438-443.
- Jaussaud, R., Strady, C., Liénard, M., & Strady, A. (2000). La rage en France: actualité. *La Revue de médecine interne*, 21(8), 679-683.
- Jayme, S. I., Field, H. E., de Jong, C., Olival, K. J., Marsh, G., Tagtag, A. M., ... & Newman, S. H. (2015). Molecular evidence of Ebola Reston virus infection in Philippine bats. *Virology journal*, 12, 1-8.
- Jebb, D., Huang, Z., Pippel, M., Hughes, G. M., Lavrichenko, K., Devanna, P., ... & Teeling, E. C. (2020). Six reference-quality genomes reveal evolution of bat adaptations. *Nature*, 583(7817), 578-584.
- Jeong, J., & McCallum, H. (2021). The persistence of a SIR disease in a metapopulation: Hendra virus epidemics in Australian black flying foxes (*Pteropus alecto*). *Australian Journal of Zoology*, 69(1), 1-11.
- Jeong, J., Smith, C. S., Peel, A. J., Plowright, R. K., Kerlin, D. H., McBroom, J., & McCallum, H. (2017). Persistent infections support maintenance of a coronavirus in a population of Australian bats (*Myotis macropus*). *Epidemiology & Infection*, 145(10), 2053-2061.
- Jia, G., Zhang, Y., Wu, T., Zhang, S., & Wang, Y. (2003). Fruit bats as a natural reservoir of zoonotic viruses. *Chinese Science Bulletin*, 48, 1179-1182.
- Jiang, R. D., Li, B., Liu, X. L., Liu, M. Q., Chen, J., Luo, D. S., ... & Shi, Z. L. (2020). Bat mammalian orthoreoviruses cause severe pneumonia in mice. *Virology*, 551, 84-92.
- Jiang, Y., Wang, L., Lu, Z., Xuan, H., Han, X., Xia, X., ... & Tu, C. (2010). Seroprevalence of rabies virus antibodies in bats from southern China. *Vector-borne and Zoonotic Diseases*, 10(2), 177-181.
- Jo, W. K., de Oliveira-Filho, E. F., Rasche, A., Greenwood, A. D., Osterrieder, K., & Drexler, J. F. (2021). Potential zoonotic sources of SARS-CoV-2 infections. *Transboundary and emerging diseases*, 68(4), 1824-1834.
- Joffrin, L., Goodman, S. M., Wilkinson, D. A., Ramasindrazana, B., Lagadec, E., Gomard, Y., ... & Lebarbenchon, C. (2020). Bat coronavirus phylogeography in the Western Indian Ocean. *Scientific Reports*, 10(1), 6873.
- Joffrin, L., Hoarau, A. O., Lagadec, E., Köster, M., Ramanantsalama, R. V., Mavingui, P., & Lebarbenchon, C. (2021). Astrovirus in Reunion free-tailed bat (*Mormopterus francoismoutoui*). *Viruses*, 13(8), 1524.

- Johnson, C. K., Hitchens, P. L., Pandit, P. S., Rushmore, J., Evans, T. S., Young, C. C., & Doyle, M. M. (2020). Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk. *Proceedings of the Royal Society B*, 287(1924), 20192736.
- Johnson, N., & JA, M. H. (2018). The impact of paralytic bovine rabies transmitted by vampire bats in Latin America and the Caribbean. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 37(2), 451-459.
- Johnson, N., Aréchiga-Ceballos, N., & Aguilar-Setien, A. (2014). Vampire bat rabies: ecology, epidemiology and control. *Viruses*, 6(5), 1911-1928.
- Johnson, N., Freuling, C., Marston, D. A., Tordo, N., Fooks, A. R., & Müller, T. (2007). Identification of European bat lyssavirus isolates with short genomic insertions. *Virus research*, 128(1-2), 140-143.
- Johnson, N., Phillpotts, R., & Fooks, A. R. (2006). Airborne transmission of lyssaviruses. *Journal of medical microbiology*, 55(6), 785-790.
- Johnson, N., Selden, D., Parsons, G., Healy, D., Brookes, S. M., McElhinney, L. M., ... & Fooks, A. R. (2003). Isolation of a European bat lyssavirus type 2 from a Daubenton's bat in the United Kingdom. *Veterinary Record*, 152(13), 383-387.
- Johnson, N., Vos, A., Freuling, C., Tordo, N., Fooks, A. R., & Müller, T. (2010). Human rabies due to lyssavirus infection of bat origin. *Veterinary microbiology*, 142(3-4), 151-159.
- Johnson, N., Vos, A., Neubert, L., Freuling, C., Mansfield, K. L., Kaipf, I., ... & Fooks, A. R. (2008). Experimental study of European bat lyssavirus type-2 infection in Daubenton's bats (*Myotis daubentonii*). *Journal of General Virology*, 89(11), 2662-2672.
- Johnson, N., Wakeley, P. R., Brookes, S. M., & Fooks, A. R. (2006). European bat lyssavirus type 2 RNA in *Myotis daubentonii*. *Emerging Infectious Diseases*, 12(7), 1142.
- Johnson, R. I., Tachedjian, M., Clayton, B. A., Layton, R., Bergfeld, J., Wang, L. F., & Marsh, G. A. (2019). Characterization of Teviot virus, an Australian bat-borne paramyxovirus. *Journal of general virology*, 100(3), 403-413.
- Johnson, R. I., Tachedjian, M., Rowe, B., Clayton, B. A., Layton, R., Bergfeld, J., ... & Marsh, G. A. (2018). Alston virus, a novel paramyxovirus isolated from bats causes upper respiratory tract infection in experimentally challenged ferrets. *Viruses*, 10(12), 675.
- Jolma, E. R., Gibson, L., Suu-Ire, R. D., Fleischer, G., Asumah, S., Languon, S., ... & Cunningham, A. A. (2021). Longitudinal secretion of paramyxovirus RNA in the urine of straw-coloured fruit bats (*Eidolon helvum*). *Viruses*, 13(8), 1654.
- Jones, M. E., Amman, B. R., Sealy, T. K., Uebelhoer, L. S., Schuh, A. J., Flietstra, T., ... & Towner, J. S. (2019). Clinical, histopathologic, and immunohistochemical characterization of experimental Marburg virus infection

in a natural reservoir host, the Egyptian rousette bat (*Rousettus aegyptiacus*). *Viruses*, 11(3), 214.

- Jones, M. E., Schuh, A. J., Amman, B. R., Sealy, T. K., Zaki, S. R., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2015). Experimental inoculation of Egyptian rousette bats (*Rousettus aegyptiacus*) with viruses of the Ebolavirus and Marburgvirus genera. *Viruses*, 7(7), 3420-3442.
- Kading, R. C., & Schountz, T. (2016). Flavivirus infections of bats: potential role in Zika virus ecology. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 95(5), 993.
- Kading, R. C., Gilbert, A. T., Mossel, E. C., Crabtree, M. B., Kuzmin, I. V., Niezgoda, M., ... & Miller, B. R. (2013). Isolation and molecular characterization of Fikirini rhabdovirus, a novel virus from a Kenyan bat. *Journal of General Virology*, 94(11), 2393-2398.
- Kading, R. C., Kityo, R. M., Mossel, E. C., Borland, E. M., Nakayiki, T., Nalikka, B., ... & Miller, B. R. (2018). Neutralizing antibodies against flaviviruses, Babanki virus, and Rift Valley fever virus in Ugandan bats. *Infection ecology & epidemiology*, 8(1), 1439215.
- Kading, R. C., Kityo, R., Nakayiki, T., Ledermann, J., Crabtree, M. B., Lutwama, J., & Miller, B. R. (2015). Detection of Entebbe bat virus after 54 years. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 93(3), 475.
- Kai, C., & Yoneda, M. (2011). Henipavirus infections-an expanding zoonosis from fruit bats. *Journal of Disaster Research* 6(4):390-397
- Kajihara M, Hang'ombe BM, Changula K, Harima H, Isono M, Okuya K, Yoshida R, Mori-Kajihara A, Eto Y, Orba Y, Ogawa H, Qiu Y, Sawa H, Simulundu E, Mwizabi D, Munyeme M, Squarre D, Mukonka V, Mweene A, Takada A. (2019). Marburgvirus in Egyptian Fruit Bats, Zambia. *Emerg Infect Dis*. 2019 Aug;25(8):1577-1580. doi: 10.3201/eid2508.190268. Epub 2019 Aug 17. PMID: 31146800; PMCID: PMC6649326.
- Kalembe, L. S. N., Niezgoda, M., Gilbert, A. T., Doty, J. B., Wallace, R. M., Malekani, J. M., & Carroll, D. S. (2017). Exposure to Lyssaviruses in Bats of the Democratic Republic of the Congo. *Journal of wildlife diseases*, 53(2), 408-410.
- Kandeil, A., Gomaa, M. R., Shehata, M. M., El Taweel, A. N., Mahmoud, S. H., Bagato, O., ... & Ali, M. A. (2019). Isolation and characterization of a distinct influenza A virus from Egyptian bats. *Journal of virology*, 93(2), 10-1128.
- Kanitz, F. A., Kowalski, A. P., Batista, H. B. D. C. R., Carnieli Junior, P., Oliveira, R. D. N., Weiblen, R., & Flores, E. F. (2014). Epidemiologia molecular de surto de raiva bovina na região central do Rio Grande do Sul, 2012. *Ciência Rural*, 44, 834-840.
- Kannan, S., Subbaram, K., Ali, S., & Kannan, H. (2020). Protein in SARS-CoV-1, SARS-CoV-2, MERS-CoV, and bat coronavirus. *J Pure Appl Microbiol*, 14(suppl 1), 757-763.

- Karakus, U., Thamamongood, T., Ciminski, K., Ran, W., Günther, S. C., Pohl, M. O., ... & Stertz, S. (2019). MHC class II proteins mediate cross-species entry of bat influenza viruses. *Nature*, 567(7746), 109-112.
- Karan, L. S., Makenov, M. T., Korneev, M. G., Sacko, N., Boumbaly, S., Yakovlev, S. A., ... & Popova, A. Y. (2019). Bombali virus in *Mops condylurus* bats, Guinea. *Emerging Infectious Diseases*, 25(9), 1774.
- Kareinen, L., Ogola, J., Kivistö, I., Smura, T., Aaltonen, K., Jääskeläinen, A. J., ... & Sironen, T. (2020). Range expansion of Bombali virus in *Mops condylurus* bats, Kenya, 2019. *Emerging Infectious Diseases*, 26(12), 3007.
- Kashiwazaki, Y., Na, Y. N., Tanimura, N., & Imada, T. (2004). A solid-phase blocking ELISA for detection of antibodies to Nipah virus. *Journal of virological methods*, 121(2), 259-261.
- Kasibhatla, S. M., Kinikar, M., Limaye, S., Kale, M. M., & Kulkarni-Kale, U. (2020). Understanding evolution of SARS-CoV-2: a perspective from analysis of genetic diversity of RdRp gene. *Journal of medical virology*, 92(10), 1932-1937.
- Katoh, H., Kubota, T., Ihara, T., Maeda, K., Takeda, M., & Kidokoro, M. (2016). Cross-neutralization between human and African bat mumps viruses. *Emerging infectious diseases*, 22(4), 703.
- Katoh, K., & Standley, D. M. (2021). Emerging SARS-CoV-2 variants follow a historical pattern recorded in outgroups infecting non-human hosts. *Communications Biology*, 4(1), 1134.
- Katterine Bonilla-Aldana, D., Toro-Ortiz, C., Jimenez-Salazar, P., Guevara-Manso, V., Daniela Jimenez-Diaz, S., Bonilla-Aldana, J. L., ... & Mattar, S. (2021). The Broad Range of Coronaviruses Co-existing in Chiropteran: Implications for One Health. *World's Veterinary Journal*, 11(2), 170-180.
- Katz, I. S. S., Fuoco, N. L., Chaves, L. B., Rodrigues, A. C., Ribeiro, O. G., Scheffer, K. C., & Asano, K. M. (2016). Delayed progression of rabies transmitted by a vampire bat. *Archives of virology*, 161, 2561-2566.
- Kemenesi, G., Dallos, B., Görföl, T., Boldogh, S., Estok, P., Kurucz, K., ... & Jakab, F. (2014). Novel European lineages of bat astroviruses identified in Hungary. *Acta Virol*, 58(1), 95-8.
- Kemenesi, G., Dallos, B., Görföl, T., Boldogh, S., Estók, P., Kurucz, K., ... & Jakab, F. (2014). Molecular survey of RNA viruses in Hungarian bats: discovering novel astroviruses, coronaviruses, and caliciviruses. *Vector-borne and zoonotic diseases*, 14(12), 846-855.
- Kemenesi, G., Dallos, B., Görföl, T., Estók, P., Boldogh, S., Kurucz, K., ... & Jakab, F. (2015). Genetic diversity and recombination within bufaviruses: Detection of a novel strain in Hungarian bats. *Infection, Genetics and Evolution*, 33, 288-292.

- Kemenesi, G., Földes, F., Zana, B., Kurucz, K., Estók, P., Boldogh, S., ... & Jakab, F. (2016). Genetic characterization of Providence virus isolated from bat guano in Hungary. *Genome Announcements*, 4(3), 10-1128.
- Kemenesi, G., Gellért, Á., Dallos, B., Görföl, T., Boldogh, S., Estók, P., ... & Jakab, F. (2016). Sequencing and molecular modeling identifies candidate members of Caliciviridae family in bats. *Infection, Genetics and Evolution*, 41, 227-232.
- Kemenesi, G., Kurucz, K., Dallos, B., Zana, B., Földes, F., Boldogh, S., ... & Jakab, F. (2018). Re-emergence of Lloviu virus in *Miniopterus schreibersii* bats, Hungary, 2016. *Emerging microbes & infections*, 7(1), 1-4.
- Kemenesi, G., Kurucz, K., Zana, B., Földes, F., Urbán, P., Vlaschenko, A., ... & Jakab, F. (2018). Diverse replication-associated protein encoding circular DNA viruses in guano samples of Central-Eastern European bats. *Archives of virology*, 163, 671-678.
- Kemenesi, G., Kurucz, K., Zana, B., Tu, V. T., Görföl, T., Estók, P., ... & Jakab, F. (2017). Highly divergent cyclo-like virus in a great roundleaf bat (*Hipposideros armiger*) in Vietnam. *Archives of virology*, 162, 2403-2407.
- Kemenesi, G., Zhang, D., Marton, S., Dallos, B., Görföl, T., Estok, P., ... & Jakab, F. (2015). Genetic characterization of a novel picornavirus detected in *Miniopterus schreibersii*
- Kenny DE, Knightly F, Baier J, Moore SM, Gordon CR, Davis RD, Heller AC, Briggs DJ. (2001). Exposure of hooded capuchin monkeys (*Cebus apella* cay) to a rabid bat at a zoological park. *J Zoo Wildl Med.* Mar;32(1):123-6. doi: 10.1638/1042-7260(2001)032[0123:EOHCMC]2.0.CO;2. PMID: 12790408.
- Kessler, M. K., Becker, D. J., Peel, A. J., Justice, N. V., Lunn, T., Crowley, D. E., ... & Plowright, R. K. (2018). Changing resource landscapes and spillover of henipaviruses. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1429(1), 78-99.
- Khalifa, M. E., Unterholzner, L., & Munir, M. (2021). Structural and Evolutionary Insights Into the Binding of Host Receptors by the Rabies Virus Glycoprotein. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 736114.
- Khan, S. U., Gurley, E. S., Hossain, M. J., Nahar, N., Sharker, M. Y., & Luby, S. P. (2012). A randomized controlled trial of interventions to impede date palm sap contamination by bats to prevent Nipah virus transmission in Bangladesh.
- Kikuti, M., Paploski, I. A. D., Silva, M. D. C., de Oliveira, E. A., da Silva, A. W. C., & Biondo, A. W. (2011). Prevention educational program of human rabies transmitted by bats in rain forest preserved area of southern Brazilian Coast. *Zoonoses and Public Health*, 58(8), 529-532.
- Kim, G. R., Lee, Y. T., & Park, C. H. (1994). A new natural reservoir of hantavirus: isolation of hantaviruses from lung tissues of bats. *Archives of Virology*, 134, 85-95.

- Kim, H. K., Yoon, S. W., Kim, D. J., Koo, B. S., Noh, J. Y., Kim, J. H., ... & Jeong, D. G. (2016). Detection of severe acute respiratory syndrome-like, middle east respiratory syndrome-like Bat coronaviruses and group H rotavirus in faeces of Korean bats. *Transboundary and emerging diseases*, 63(4), 365-372.
- Kim, Y., Son, K., Kim, Y. S., Lee, S. Y., Jheong, W., & Oem, J. K. (2019). Complete genome analysis of a SARS-like bat coronavirus identified in the Republic of Korea. *Virus Genes*, 55, 545-549.
- Kimprasit, T., Nunome, M., Iida, K., Murakami, Y., Wong, M. L., Wu, C. H., ... & Hondo, E. (2021). Dispersal history of *Miniopterus fuliginosus* bats and their associated viruses in east Asia. *PloS one*, 16(1), e0244006.
- King A, Davies P, Lawrie A. (1990). The rabies viruses of bats. *Vet Microbiol.* Jun;23(1-4):165-74. doi: 10.1016/0378-1135(90)90146-m. PMID: 2402870.
- Kirejczyk, S. G., Goodwin, C., Gyimesi, Z. S., Zachariah, T. T., Sturgeon, G. L., Armwood, A. R., ... & Gottdenker, N. (2021). A retrospective study of pathology in bats submitted to an exotic and zoo animal diagnostic service in Georgia, USA (2008–2019). *Journal of Comparative Pathology*, 185, 96-107.
- Kivistö, I., Tidenberg, E. M., Lilley, T., Suominen, K., Forbes, K. M., Vapalahti, O., ... & Sironen, T. (2020). First report of coronaviruses in Northern European bats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 20(2), 155-158.
- Klein, A., Calvelage, S., Schlottau, K., Hoffmann, B., Eggerbauer, E., Müller, T., & Freuling, C. M. (2021). Retrospective enhanced bat lyssavirus surveillance in Germany between 2018–2020. *Viruses*, 13(8), 1538.
- Klug, B. J., Turmelle, A. S., Ellison, J. A., Baerwald, E. F., & Barclay, R. M. (2011). Rabies prevalence in migratory tree-bats in Alberta and the influence of roosting ecology and sampling method on reported prevalence of rabies in bats. *Journal of Wildlife Diseases*, 47(1), 64-77.
- Koba, R., Suzuki, S., Sato, G., Sato, S., Suzuki, K., Maruyama, S., & Tohya, Y. (2020). Identification and characterization of a novel bat polyomavirus in Japan. *Virus Genes*, 56, 772-776.
- Kobayashi, S., Sasaki, M., Nakao, R., Setiyono, A., Handharyani, E., Orba, Y., ... & Sawa, H. (2015). Detection of novel polyomaviruses in fruit bats in Indonesia. *Archives of Virology*, 160, 1075-1082.
- Kobayashi, T., Matsugo, H., Maruyama, J., Kamiki, H., Takada, A., Maeda, K., ... & Horimoto, T. (2019). Characterization of a novel species of adenovirus from Japanese microbat and role of CXADR as its entry factor. *Scientific reports*, 9(1), 573.
- Kobayashi, T., Murakami, S., Yamamoto, T., Mineshita, K., Sakuyama, M., Sasaki, R., ... & Horimoto, T. (2018). Detection of bat hepatitis E virus RNA in microbats in Japan. *Virus Genes*, 54, 599-602.

- Kobayashi, Y., Ogawa, A. I., Sato, G. O., Sato, T., Itou, T., Samara, S. I., ... & Sakai, T. (2006). Geographical distribution of vampire bat-related cattle rabies in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science*, 68(10), 1097-1100.
- Kobayashi, Y., Okuda, H., Nakamura, K., Sato, G., Itou, T., Carvalho, A. A., ... & Sakai, T. (2007). Genetic analysis of phosphoprotein and matrix protein of rabies viruses isolated in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science*, 69(11), 1145-1154.
- Kobayashi, Y., Sato, G., Kato, M., Itou, T., Cunha, E. M. S., Silva, M. V., ... & Sakai, T. (2007). Genetic diversity of bat rabies viruses in Brazil. *Archives of virology*, 152, 1995-2004.
- Kobayashi, Y., Sato, G., Mochizuki, N., Hirano, S., Itou, T., Carvalho, A. A., ... & Sakai, T. (2008). Molecular and geographic analyses of vampire bat-transmitted cattle rabies in central Brazil. *BMC Veterinary Research*, 4, 1-9.
- Kobayashi, Y., Sato, G., Shoji, Y., Sato, T., Itou, T., Cunha, E. M., ... & Sakai, T. (2005). Molecular epidemiological analysis of bat rabies viruses in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science*, 67(7), 647-652.
- Kobayashi, Y., Suzuki, Y., Itou, T., Carvalho, A. A., Cunha, E. M., Ito, F. H., ... & Sakai, T. (2010). Low genetic diversities of rabies virus populations within different hosts in Brazil. *Infection, Genetics and Evolution*, 10(2), 278-283.
- Koch, L. K., Cunze, S., Kochmann, J., & Klimpel, S. (2020). Bats as putative Zaire ebolavirus reservoir hosts and their habitat suitability in Africa. *Scientific reports*, 10(1), 14268.
- Kocher, J. F., Lindesmith, L. C., Debbink, K., Beall, A., Mallory, M. L., Yount, B. L., ... & Baric, R. S. (2018). Bat caliciviruses and human noroviruses are antigenically similar and have overlapping histo-blood group antigen binding profiles. *MBio*, 9(3), 10-1128.
- Kohl, C., & Kurth, A. (2014). European bats as carriers of viruses with zoonotic potential. *Viruses*, 6(8), 3110-3128.
- Kohl, C., Brinkmann, A., Radonić, A., Dabrowski, P. W., Mühldorfer, K., Nitsche, A., ... & Kurth, A. (2021). The virome of German bats: Comparing virus discovery approaches. *Scientific reports*, 11(1), 7430.
- Kohl, C., Brinkmann, A., Radonić, A., Dabrowski, P. W., Nitsche, A., Mühldorfer, K., ... & Kurth, A. (2020). Zwiesel bat banyangvirus, a potentially zoonotic Huaiyangshan banyangvirus (Formerly known as SFTS)–like banyangvirus in Northern bats from Germany. *Scientific Reports*, 10(1), 1370.
- Kohl, C., Lesnik, R., Brinkmann, A., Ebinger, A., Radonić, A., Nitsche, A., ... & Kurth, A. (2012). Isolation and characterization of three mammalian orthoreoviruses from European bats.
- Kohl, C., Tachedjian, M., Todd, S., Monaghan, P., Boyd, V., Marsh, G. A., ... & Wang, L. F. (2018). Hervey virus: Study on co-circulation with Henipaviruses in

Pteropid bats within their distribution range from Australia to Africa. *PLoS One*, 13(2), e0191933.

- Kohl, C., Vidovszky, M. Z., Mühldorfer, K., Dabrowski, P. W., Radonić, A., Nitsche, A., ... & Harrach, B. (2012). Genome analysis of bat adenovirus 2: indications of interspecies transmission. *Journal of Virology*, 86(3), 1888-1892.
- Kopp, A., Gillespie, T. R., Hobelsberger, D., Estrada, A., Harper, J. M., Miller, R. A., ... & Junglen, S. (2013). Provenance and geographic spread of St. Louis encephalitis virus. *MBio*, 4(3), 10-1128.
- Krähling, V., Dolnik, O., Kolesnikova, L., Schmidt-Chanasit, J., Jordan, I., Sandig, V., ... & Becker, S. (2010). Establishment of fruit bat cells (*Rousettus aegyptiacus*) as a model system for the investigation of filoviral infection. *PLoS neglected tropical diseases*, 4(8), e802.
- Krebs JW, Mondul AM, Rupprecht CE, Childs JE. (2000). Rabies surveillance in the United States during. *J Am Vet Med Assoc*. 2001 Dec 15;219(12):1687-99. doi: 10.2460/javma.2001.219.1687. PMID: 11767918.
- Krebs, J. W., Mandel, E. J., Sverdlow, D. L., & Rupprecht, C. E. (2004). Rabies surveillance in the United States during 2003. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 225(12), 1837-1849.
- Krebs, J. W., Mondul, A. M., Rupprecht, C. E., & Childs, J. E. (2001). Rabies surveillance in the United States during 2000. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 219(12), 1687-1699.
- Krebs, J. W., Noll, H. R., Rupprecht, C. E., & Childs, J. E. (2002). Rabies surveillance in the United States during 2001. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 221(12), 1690-1701.
- Krebs, J. W., Wheeling, J. T., & Childs, J. E. (2003). Rabies surveillance in the United States during 2002. *Journal of the American veterinary medical association*, 223(12), 1736-1748.
- Krüger, N., Hoffmann, M., Drexler, J. F., Müller, M. A., Corman, V. M., Sauder, C., ... & Herrler, G. (2015). Functional properties and genetic relatedness of the fusion and hemagglutinin-neuraminidase proteins of a mumps virus-like bat virus. *Journal of virology*, 89(8), 4539-4548.
- Krüger, N., Hoffmann, M., Drexler, J. F., Müller, M. A., Corman, V. M., Drosten, C., & Herrler, G. (2014). Attachment protein G of an African bat henipavirus is differentially restricted in chiropteran and nonchiropteran cells. *Journal of virology*, 88(20), 11973-11980.
- Krüger, N., Hoffmann, M., Weis, M., Drexler, J. F., Müller, M. A., Winter, C., ... & Herrler, G. (2013). Surface glycoproteins of an African henipavirus induce syncytium formation in a cell line derived from an African fruit bat, *Hypsignathus monstrosus*. *Journal of virology*, 87(24), 13889-13891.

- Krüger, N., Sauder, C., Hüttl, S., Papies, J., Voigt, K., Herrler, G., ... & Hoffmann, M. (2018). Entry, replication, immune evasion, and neurotoxicity of synthetically engineered bat-borne mumps virus. *Cell reports*, 25(2), 312-320.
- Kuchipudi, S. V., & Nissly, R. H. (2018). Novel flu viruses in bats and cattle: "Pushing the Envelope" of Influenza Infection. *Veterinary sciences*, 5(3), 71.
- Kudagammana, H. D. W. S., Thevanesam, V., Chu, D. K. W., Eriyagama, N. B., Peiris, J. S. M., & Noordeen, F. (2018). Coronaviruses in guano from *Pteropus medius* bats in Peradeniya, Sri Lanka. *Transboundary and emerging diseases*, 65(4), 1122-1124.
- Kühl, A., Hoffmann, M., Müller, M. A., Munster, V. J., Gnirß, K., Kiene, M., ... & Pöhlmann, S. (2011). Comparative analysis of Ebola virus glycoprotein interactions with human and bat cells. *The Journal of infectious diseases*, 204(suppl_3), S840-S849.
- Kumakamba, C., Niama, F. R., Muyembe, F., Mombouli, J. V., Kingebeni, P. M., Nina, R. A., ... & Lange, C. E. (2021). Coronavirus surveillance in wildlife from two Congo basin countries detects RNA of multiple species circulating in bats and rodents. *PLoS One*, 16(6), e0236971.
- Kumar, N., Kaushik, R., Tennakoon, C., Uversky, V. N., Mishra, A., Sood, R., ... & Bhatia, S. (2021). Evolutionary signatures governing the codon usage bias in coronaviruses and their implications for viruses infecting various bat species. *Viruses*, 13(9), 1847.
- Kumar, N., Kulkarni, D. D., Lee, B., Kaushik, R., Bhatia, S., Sood, R., ... & Singh, V. P. (2018). Evolution of codon usage bias in Henipaviruses is governed by natural selection and is host-specific. *Viruses*, 10(11), 604.
- Kurosaki, Y., Ueda, M. T., Nakano, Y., Yasuda, J., Koyanagi, Y., Sato, K., & Nakagawa, S. (2018). Different effects of two mutations on the infectivity of Ebola virus glycoprotein in nine mammalian species. *Journal of General Virology*, 99(2), 181-186.
- Kurth, A., Kohl, C., Brinkmann, A., Ebinger, A., Harper, J. A., Wang, L. F., ... & Wibbelt, G. (2012). Novel paramyxoviruses in free-ranging European bats. *PloS one*, 7(6), e38688.
- Kuzmin IV, Niezgoda M, Carroll DS, Keeler N, Hossain MJ, Breiman RF, Ksiazek TG, Rupprecht CE. (2006). Lyssavirus surveillance in bats, Bangladesh. *Emerg Infect Dis*. Mar;12(3):486-8. doi: 10.3201/eid1203.050333. PMID: 16704789; PMCID: PMC3291427.
- Kuzmin, I. V., Bozick, B., Guagliardo, S. A., Kunkel, R., Shak, J. R., Tong, S., & Rupprecht, C. E. (2011). Bats, emerging infectious diseases, and the rabies paradigm revisited. *Emerging health threats journal*, 4(1), 7159.
- Kuzmin, I. V., Hughes, G. J., & Rupprecht, C. E. (2006). Phylogenetic relationships of seven previously unclassified viruses within the family

Rhabdoviridae using partial nucleoprotein gene sequences. *Journal of General Virology*, 87(8), 2323-2331.

- Kuzmin, I. V., Hughes, G. J., Botvinkin, A. D., Orciari, L. A., & Rupprecht, C. E. (2005). Phylogenetic relationships of Irkut and West Caucasian bat viruses within the *Lyssavirus* genus and suggested quantitative criteria based on the N gene sequence for lyssavirus genotype definition. *Virus research*, 111(1), 28-43.
- Kuzmin, I. V., Mayer, A. E., Niezgoda, M., Markotter, W., Agwanda, B., Breiman, R. F., & Rupprecht, C. E. (2010a). Shimoni bat virus, a new representative of the *Lyssavirus* genus. *Virus research*, 149(2), 197-210.
- Kuzmin, I. V., Niezgoda, M., Franka, R., Agwanda, B., Markotter, W., Breiman, R. F., ... & Rupprecht, C. E. (2010b). Marburg virus in fruit bat, Kenya. *Emerging infectious diseases*, 16(2), 352.
- Kuzmin, I. V., Niezgoda, M., Franka, R., Agwanda, B., Markotter, W., Beagley, J. C., ... & Rupprecht, C. E. (2008). Possible emergence of West Caucasian bat virus in Africa. *Emerging Infectious Diseases*, 14(12), 1887.
- Kuzmin, I. V., Niezgoda, M., Franka, R., Agwanda, B., Markotter, W., Beagley, J. C., ... & Rupprecht, C. E. (2008). Lagos bat virus in Kenya. *Journal of Clinical Microbiology*, 46(4), 1451-1461.
- Kuzmin, I. V., Orciari, L. A., Arai, Y. T., Smith, J. S., Hanlon, C. A., Kameoka, Y., & Rupprecht, C. E. (2003). Bat lyssaviruses (Aravan and Khujand) from Central Asia: phylogenetic relationships according to N, P and G gene sequences. *Virus research*, 97(2), 65-79.
- Kuzmin, I. V., Schwarz, T. M., Ilinykh, P. A., Jordan, I., Ksiazek, T. G., Sachidanandam, R., ... & Bukreyev, A. (2017). Innate immune responses of bat and human cells to filoviruses: commonalities and distinctions. *Journal of virology*, 91(8), 10-1128.
- Kuzmin, I. V., Shi, M., Orciari, L. A., Yager, P. A., Velasco-Villa, A., Kuzmina, N. A., ... & Rupprecht, C. E. (2012). Molecular inferences suggest multiple host shifts of rabies viruses from bats to mesocarnivores in Arizona during 2001–2009. *PLoS pathogens*, 8(6), e1002786.
- Kuzmin, I. V., Turmelle, A. S., Agwanda, B., Markotter, W., Niezgoda, M., Breiman, R. F., & Rupprecht, C. E. (2011). Commerson's leaf-nosed bat (*Hipposideros commersoni*) is the likely reservoir of Shimoni bat virus. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(11), 1465-1470.
- Kuzmina, N. A., Kuzmin, I. V., Ellison, J. A., Taylor, S. T., Bergman, D. L., Dew, B., & Rupprecht, C. E. (2013). A reassessment of the evolutionary timescale of bat rabies viruses based upon glycoprotein gene sequences. *Virus Genes*, 47, 305-310.
- La Cruz-Rivera, D., Pamela, C., Kanchwala, M., Liang, H., Kumar, A., Wang, L. F., ... & Schoggins, J. W. (2018). The IFN response in bats displays distinctive

IFN-stimulated gene expression kinetics with atypical RNASEL induction. *The Journal of Immunology*, 200(1), 209-217.

- Lacroix, A., Duong, V., Hul, V., San, S., Davun, H., Omaliss, K., ... & Buchy, P. (2017). Genetic diversity of coronaviruses in bats in Lao PDR and Cambodia. *Infection, Genetics and Evolution*, 48, 10-18.
- Lacroix, A., Duong, V., Hul, V., San, S., Davun, H., Omaliss, K., ... & Buchy, P. (2017). Diversity of bat astroviruses in Lao PDR and Cambodia. *Infection, Genetics and Evolution*, 47, 41-50.
- Lacroix, A., Mbala Kingebeni, P., Ndimbo Kumugo, S. P., Lempu, G., Butel, C., Serrano, L., ... & Ahuka Mundeke, S. (2021). Investigating the circulation of Ebola viruses in bats during the Ebola virus disease outbreaks in the Equateur and North Kivu provinces of the Democratic Republic of Congo from 2018. *Pathogens*, 10(5), 557.
- Lacroix, A., Vidal, N., Keita, A. K., Thaurignac, G., Esteban, A., De Nys, H., ... & Peeters, M. (2020). Wide diversity of coronaviruses in frugivorous and insectivorous bat species: a pilot study in Guinea, West Africa. *Viruses*, 12(8), 855.
- Laing, E. D., Mendenhall, I. H., Linster, M., Low, D. H., Chen, Y., Yan, L., ... & Smith, G. J. (2018). Serologic evidence of fruit bat exposure to filoviruses, Singapore, 2011–2016. *Emerging Infectious Diseases*, 24(1), 122.
- Laing, E. D., Sterling, S. L., Weir, D. L., Beauregard, C. R., Smith, I. L., Larsen, S. E., ... & Broder, C. C. (2019). Enhanced autophagy contributes to reduced viral infection in black flying fox cells. *Viruses*, 11(3), 260.
- Lam, S. K., & Chua, K. B. (2002). Nipah virus encephalitis outbreak in Malaysia. *Clinical Infectious Diseases*, 34(Supplement_2), S48-S51.
- Laminger, F., & Prinz, A. (2010). Fledertiere und andere Reservoirwirte der Filoviridae. Epidemiegefahr am afrikanischen Kontinent?-Eine deduktive Literaturanalyse. *Wiener Klinische Wochenschrift*, 122.
- Langoni, H., Souza, L. C. D., Zetun, C. B., Silva, T. C. C., Hoffmann, J. L., & Silva, R. C. (2008). Serological survey for rabies in serum samples from vampire bats (*Desmodus rotundus*) in Botucatu region, SP, Brazil. *Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases*, 14, 651-659.
- Lankau, E. W., Cox, S. W., Ferguson, S. C., Blanton, J. D., Tack, D. M., Petersen, B. W., & Rupprecht, C. E. (2015). Community survey of rabies knowledge and exposure to bats in homes—Sumter County, South Carolina, USA. *Zoonoses and public health*, 62(3), 190-198.
- Latinne, A., Hu, B., Olival, K. J., Zhu, G., Zhang, L., Li, H., ... & Daszak, P. (2020). Origin and cross-species transmission of bat coronaviruses in China. *Nature communications*, 11(1), 4235.

- LaTourrette, K., Holste, N. M., Rodriguez-Peña, R., Leme, R. A., & Garcia-Ruiz, H. (2021). Genome-wide variation in betacoronaviruses. *Journal of Virology*, 95(15), 10-1128.
- Lau, S. K. P., Woo, P. C. Y., & Zheng, B. J. (2021). Molecular diversity and evolution of bat group C betacoronaviruses: origin of the novel human group C betacoronavirus (abridged secondary publication). *Hong Kong Med. J*, 27, S23-S27.
- Lau, S. K., Ahmed, S. S., Yeung, H. C., Li, K. S., Fan, R. Y., Cheng, T. Y., ... & Yuen, K. Y. (2016). Identification and interspecies transmission of a novel bocaparvovirus among different bat species in China. *Journal of General Virology*, 97(12), 3345-3358.
- Lau, S. K., Fan, R. Y., Luk, H. K., Zhu, L., Fung, J., Li, K. S., ... & Woo, P. C. (2018). Replication of MERS and SARS coronaviruses in bat cells offers insights to their ancestral origins. *Emerging microbes & infections*, 7(1), 1-11.
- Lau, S. K., Fan, R. Y., Zhu, L., Li, K. S., Wong, A. C., Luk, H. K., ... & Woo, P. C. (2021). Isolation of MERS-related coronavirus from lesser bamboo bats that uses DPP4 and infects human-DPP4-transgenic mice. *Nature Communications*, 12(1), 216.
- Lau, S. K., Feng, Y., Chen, H., Luk, H. K., Yang, W. H., Li, K. S., ... & Woo, P. C. (2015). Severe acute respiratory syndrome (SARS) coronavirus ORF8 protein is acquired from SARS-related coronavirus from greater horseshoe bats through recombination. *Journal of virology*, 89(20), 10532-10547.
- Lau, S. K., Li, K. S., Huang, Y., Shek, C. T., Tse, H., Wang, M., ... & Yuen, K. Y. (2010). Ecoepidemiology and complete genome comparison of different strains of severe acute respiratory syndrome-related Rhinolophus bat coronavirus in China reveal bats as a reservoir for acute, self-limiting infection that allows recombination events. *Journal of virology*, 84(6), 2808-2819.
- Lau, S. K., Li, K. S., Tsang, A. K., Lam, C. S., Ahmed, S., Chen, H., ... & Yuen, K. Y. (2013). Genetic characterization of Betacoronavirus lineage C viruses in bats reveals marked sequence divergence in the spike protein of pipistrellus bat coronavirus HKU5 in Japanese pipistrelle: implications for the origin of the novel Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Journal of virology*, 87(15), 8638-8650.
- Lau, S. K., Li, K. S., Tsang, A. K., Shek, C. T., Wang, M., Choi, G. K., ... & Yuen, K. Y. (2012). Recent transmission of a novel alphacoronavirus, bat coronavirus HKU10, from Leschenault's rousettes to pomona leaf-nosed bats: first evidence of interspecies transmission of coronavirus between bats of different suborders. *Journal of virology*, 86(21), 11906-11918.
- Lau, S. K., Luk, H. K., Wong, A. C., Li, K. S., Zhu, L., He, Z., ... & Woo, P. C. (2020a). Possible bat origin of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2. *Emerging infectious diseases*, 26(7), 1542.

- Lau, S. K., Poon, R. W., Wong, B. H., Wang, M., Huang, Y., Xu, H., ... & Yuen, K. Y. (2010). Coexistence of different genotypes in the same bat and serological characterization of *Rousettus* bat coronavirus HKU9 belonging to a novel Betacoronavirus subgroup. *Journal of virology*, 84(21), 11385-11394.
- Lau, S. K., Wong, A. C., Luk, H. K., Li, K. S., Fung, J., He, Z., ... & Woo, P. C. (2020b). Differential tropism of SARS-CoV and SARS-CoV-2 in bat cells. *Emerging Infectious Diseases*, 26(12), 2961.
- Lau, S. K., Wong, A. C., Zhang, L., Luk, H. K., Kwok, J. S., Ahmed, S. S., ... & Woo, P. C. (2019). Novel bat alphacoronaviruses in southern China support Chinese horseshoe bats as an important reservoir for potential novel coronaviruses. *Viruses*, 11(5), 423.
- Lau, S. K., Woo, P. C., Lai, K. K., Huang, Y., Yip, C. C., Shek, C. T., ... & Yuen, K. Y. (2011). Complete genome analysis of three novel picornaviruses from diverse bat species. *Journal of virology*, 85(17), 8819-8828.
- Lau, S. K., Woo, P. C., Li, K. S., Huang, Y., Tsoi, H. W., Wong, B. H., ... & Yuen, K. Y. (2005). Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(39), 14040-14045.
- Lau, S. K., Woo, P. C., Li, K. S., Huang, Y., Wang, M., Lam, C. S., ... & Yuen, K. Y. (2007). Complete genome sequence of bat coronavirus HKU2 from Chinese horseshoe bats revealed a much smaller spike gene with a different evolutionary lineage from the rest of the genome. *Virology*, 367(2), 428-439.
- Lau, S. K., Woo, P. C., Wong, B. H., Wong, A. Y., Tsoi, H. W., Wang, M., ... & Yuen, K. Y. (2010). Identification and complete genome analysis of three novel paramyxoviruses, Tuhoko virus 1, 2 and 3, in fruit bats from China. *Virology*, 404(1), 106-116.
- Lau, S. K., Zhang, L., Luk, H. K., Xiong, L., Peng, X., Li, K. S., ... & Woo, P. C. (2018). Receptor usage of a novel bat lineage C betacoronavirus reveals evolution of Middle East respiratory syndrome-related coronavirus spike proteins for human dipeptidyl peptidase 4 binding. *The Journal of infectious diseases*, 218(2), 197-207.
- Lavergne, A., Darcissac, E., Bourhy, H., Tirera, S., de Thoisy, B., & Lacoste, V. (2016). Complete genome sequence of a vampire bat rabies virus from French Guiana. *Genome Announcements*, 4(2), 10-1128.
- Lawrence, P., Pérez, B. E., Drexler, J. F., Corman, V. M., Müller, M. A., Drosten, C., & Volchkov, V. (2014). Surface glycoproteins of the recently identified African Henipavirus promote viral entry and cell fusion in a range of human, simian and bat cell lines. *Virus research*, 181, 77-80.
- Lawson, E. T., Ayivor, J. S., Ohemeng, F., & Ntiemo-Baidu, Y. (2019). Avoiding bites and scratches? Understanding the public health implication of human–bat interactions in Ghana. *Zoonoses and public health*, 66(1), 108-116.

- Lawson, E. T., Ohemeng, F., Ayivor, J., Leach, M., Waldman, L., & Ntiamoa-Baidu, Y. (2017). Understanding framings and perceptions of spillover: preventing future outbreaks of bat-borne zoonoses. *Disaster Prevention and Management: An International Journal*, 26(4), 396-411.
- Laxman, P., & YadavPragya, D. (2019). Growth Kinetics of Kyasanur Forest Disease Virus in Mammalian Cell Lines and Development of Plaque Reduction Neutralization Test. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*.
- Lazov, C. M., Belsham, G. J., Bøtner, A., & Rasmussen, T. B. (2021). Full-genome sequences of alphacoronaviruses and astroviruses from myotis and pipistrelle bats in Denmark. *Viruses*, 13(6), 1073.
- Lazov, C. M., Chriél, M., Baagøe, H. J., Fjederholt, E., Deng, Y., Kooi, E. A., ... & Rasmussen, T. B. (2018). Detection and characterization of distinct alphacoronaviruses in five different bat species in Denmark. *Viruses*, 10(9), 486.
- Lecis, R., Mucedda, M., Pidincheda, E., Pittau, M., & Alberti, A. (2019). Molecular identification of Betacoronavirus in bats from Sardinia (Italy): first detection and phylogeny. *Virus genes*, 55, 60-67.
- Lecis, R., Mucedda, M., Pidincheda, E., Zobba, R., Pittau, M., & Alberti, A. (2020). Genomic characterization of a novel bat-associated Circovirus detected in European *Miniopterus schreibersii* bats. *Virus Genes*, 56, 325-328.
- Lee, D. N., & Angiel, M. (2020). Two novel adenoviruses found in Cave Myotis bats (*Myotis velifer*) in Oklahoma. *Virus genes*, 56, 99-103.
- Lee, D. N., Papeş, M., & Van Den Bussche, R. A. (2012). Present and potential future distribution of common vampire bats in the Americas and the associated risk to cattle.
- Lee, S. Y., Chung, C. U., Park, J. S., & Oem, J. K. (2020). Novel viruses detected in bats in the Republic of Korea. *Scientific Reports*, 10(1), 20296.
- Lee, S. Y., Son, K. D., Yong-Sik, K., Wang, S. J., Kim, Y. K., Jheong, W. H., & Oem, J. K. (2018). Genetic diversity and phylogenetic analysis of newly discovered bat astroviruses in Korea. *Archives of virology*, 163, 3065-3072.
- Lee, S., Jo, S. D., Son, K., An, I., Jeong, J., Wang, S. J., ... & Oem, J. K. (2018). Genetic characteristics of coronaviruses from Korean bats in 2016. *Microbial ecology*, 75, 174-182.
- Leendertz, S. A. J., Gogarten, J. F., Dux, A., Calvignac-Spencer, S., & Leendertz, F. H. (2016). Assessing the evidence supporting fruit bats as the primary reservoirs for Ebola viruses. *EcoHealth*, 13, 18-25.
- Lei, K. C., & Zhang, X. D. (2020). Conservation analysis of SARS-CoV-2 spike suggests complicated viral adaptation history from bat to human. *Evolution, medicine, and public health*, 2020(1), 290-303.
- Lei, S. C., Xiao, X., Liu, J. W., Han, H. J., Gong, X. Q., Zhao, M., ... & Yu, X. J. (2019). High prevalence and genetic diversity of hepatitis B viruses in insectivorous bats from China. *Acta tropica*, 199, 105130.

- Leite, A. C. C. P., dos Anjos, D. M., Simões, E. M., Alves, J. R. A., de Barros Gomes, A. A., Clemetino, I. J., ... & Alves, C. J. (2018). Caracterização espacial e identificação de abrigos de quirópteros e sua relação com os casos de raiva em animais de produção no semiárido, Brasil, de 2007 a 2015. *Semina: Ciências Agrárias*, 39(6), 2875-2882.
- Lelli, D., Lavazza, A., Prosperi, A., Sozzi, E., Faccin, F., Baioni, L., ... & Moreno, A. (2019). Hypsugopoxvirus: a novel poxvirus isolated from *Hypsugo savii* in Italy. *Viruses*, 11(6), 568.
- Lelli, D., Moreno, A., Lavazza, A., Bresola, M., Canelli, E., Boniotti, M. B., & Cordioli, P. (2013). Identification of Mammalian orthoreovirus type 3 in Italian bats. *Zoonoses and public health*, 60(1), 84-92.
- Lelli, D., Moreno, A., Steyer, A., Naglič, T., Chiapponi, C., Prosperi, A., ... & Lavazza, A. (2015). Detection and characterization of a novel reassortant mammalian orthoreovirus in bats in Europe. *Viruses*, 7(11), 5844-5854.. *Virologica Sinica*, 30, 425-432.
- Lelli, D., Papetti, A., Sabelli, C., Rosti, E., Moreno, A., & Boniotti, M. B. (2013). Detection of coronaviruses in bats of various species in Italy. *Viruses*, 5(11), 2679-2689.
- Lelli, D., Prosperi, A., Moreno, A., Chiapponi, C., Gibellini, A. M., De Benedictis, P., ... & Lavazza, A. (2018). Isolation of a novel Rhabdovirus from an insectivorous bat (*Pipistrellus kuhlii*) in Italy. *Virology journal*, 15, 1-7.
- Lenshin, S., Romashin, A., Vyshemirsky, O., Lvov, D., & Alkhovsky, S. (2021). Bats of the subtropical climate zone of the Krasnodar Territory of Russia as a possible reservoir of zoonotic viral infections.
- Leon, B., González, S. F., Solís, L. M., Ramirez-Cardoce, M., Moreira-Soto, A., Cordero-Solorzano, J. M., ... & Rupprecht, C. E. (2021). Focus: Zoonotic disease: Rabies in Costa Rica—Next steps towards controlling bat-borne rabies after its elimination in dogs. *The Yale journal of biology and medicine*, 94(2), 311.
- Leong, W. J., Quek, X. F., Tan, H. Y., Wong, K. M., Muhammad, H. S., Mohamed, N. A., ... & Voon, K. (2022). Seroprevalence of Pteropine orthoreovirus in humans remain similar after nearly two decades (2001–2002 vs. 2017) in Tioman Island, Malaysia. *Journal of Medical Virology*, 94(2), 771-775.
- Leopardi, S., Barneschi, E., Manna, G., Zecchin, B., Priori, P., Drzewnioková, P., ... & De Benedictis, P. (2021). Spillover of west caucasian bat lyssavirus (Wcbv) in a domestic cat and westward expansion in the palearctic region. *Viruses*, 13(10), 2064.
- Leopardi, S., Holmes, E. C., Gastaldelli, M., Tassoni, L., Priori, P., Scaravelli, D., ... & De Benedictis, P. (2018). Interplay between co-divergence and cross-

species transmission in the evolutionary history of bat coronaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 58, 279-289.

- Leopardi, S., Oluwayelu, D., Meseko, C., Marciano, S., Tassoni, L., Bakarey, S., ... & De Benedictis, P. (2016). The close genetic relationship of lineage D Betacoronavirus from Nigerian and Kenyan straw-colored fruit bats (*Eidolon helvum*) is consistent with the existence of a single epidemiological unit across sub-Saharan Africa. *Virus Genes*, 52, 573-577.
- Leopardi, S., Priori, P., Zecchin, B., Poglayen, G., Trevisiol, K., Lelli, D., ... & De Benedictis, P. (2019). Active and passive surveillance for bat lyssaviruses in Italy revealed serological evidence for their circulation in three bat species. *Epidemiology & Infection*, 147, e63.
- Leopardi, S., Priori, P., Zecchin, B., Zamperin, G., Milani, A., Tonon, F., ... & De Benedictis, P. (2020). Interface between bats and pigs in heavy pig production. *Viruses*, 13(1), 4.
- Leroy, E. M., Epelboin, A., Mondonge, V., Pourrut, X., Gonzalez, J. P., Muyembe-Tamfum, J. J., & Formenty, P. (2009). Human Ebola outbreak resulting from direct exposure to fruit bats in Luebo, Democratic Republic of Congo, 2007. *Vector-borne and zoonotic diseases*, 9(6), 723-728.
- Leroy, E. M., Kumulungui, B., Pourrut, X., Rouquet, P., Hassanin, A., Yaba, P., ... & Swanepoel, R. (2005). Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*, 438(7068), 575-576.
- Leroy, É., Pourrut, X., & Gonzalez, J. P. (2006). Les chauves-souris, réservoirs du virus Ebola: le mystère se dissipe. *M/S: médecine sciences*, 22(1), 78-79.
- Letko, M., Miazgowicz, K., McMinn, R., Seifert, S. N., Sola, I., Enjuanes, L., ... & Munster, V. (2018). Adaptive evolution of MERS-CoV to species variation in DPP4. *Cell Reports*, 24(7), 1730-1737.
- Levesque, D. L., Boyles, J. G., Downs, C. J., & Breit, A. M. (2021). High body temperature is an unlikely cause of high viral tolerance in bats. *The Journal of Wildlife Diseases*, 57(1), 238-241.
- Levinson, J., Bogich, T. L., Olival, K. J., Epstein, J. H., Johnson, C. K., Karesh, W., & Daszak, P. (2013). Targeting surveillance for zoonotic virus discovery. *Emerging infectious diseases*, 19(5), 743.
- Li, C., Yang, Y., & Ren, L. (2020a). Genetic evolution analysis of 2019 novel coronavirus and coronavirus from other species. *Infection, Genetics and Evolution*, 82, 104285.
- Li, G., He, W., Zhu, H., Bi, Y., Wang, R., Xing, G., ... & Su, S. (2018). Origin, genetic diversity, and evolutionary dynamics of novel porcine circovirus 3. *Advanced Science*, 5(9), 1800275.
- Li, H., Mendelsohn, E., Zong, C., Zhang, W., Hagan, E., Wang, N., ... & Daszak, P. (2019). Human-animal interactions and bat coronavirus spillover potential among rural residents in Southern China. *Biosafety and health*, 1(2), 84-90.

- Li, J. Y., Wang, Q., Liao, C. H., Qiu, Y., & Ge, X. Y. (2021). The 442th amino acid residue of the spike protein is critical for the adaptation to bat hosts for SARS-related coronaviruses. *Virus research*, 295, 198307.
- Li, J., Zhang, G., Cheng, D., Ren, H., Qian, M., & Du, B. (2015). Molecular characterization of RIG-I, STAT-1 and IFN-beta in the horseshoe bat. *Gene*, 561(1), 115-123.
- Li, K., Yan, S., Wang, N., He, W., Guan, H., He, C., ... & Su, S. (2020b). Emergence and adaptive evolution of Nipah virus. *Transboundary and emerging diseases*, 67(1), 121-132.
- Li, L. L., Wang, J. L., Ma, X. H., Sun, X. M., Li, J. S., Yang, X. F., ... & Duan, Z. J. (2021). A novel SARS-CoV-2 related coronavirus with complex recombination isolated from bats in Yunnan province, China. *Emerging microbes & infections*, 10(1), 1683-1690.
- Li, P., Guo, R., Liu, Y., Zhang, Y., Hu, J., Ou, X., ... & Qian, Z. (2021). *The Rhinolophus affinis* bat ACE2 and multiple animal orthologs are functional receptors for bat coronavirus RaTG13 and SARS-CoV-2. *Science Bulletin*, 66(12), 1215-1227.
- Li, Q., Lu, F., Dai, C., Fan, M., Wang, W., & Wang, K. (2017). Simulating the potential role of media coverage and infected bats in the 2014 Ebola outbreak. *Journal of Theoretical Biology*, 412, 123-129.
- Li, Q., Sun, X., Li, Z., Liu, Y., Vavricka, C. J., Qi, J., & Gao, G. F. (2012). Structural and functional characterization of neuraminidase-like molecule N10 derived from bat influenza A virus. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(46), 18897-18902.
- Li, R., Qiao, S., & Zhang, G. (2020c). Analysis of angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) from different species sheds some light on cross-species receptor usage of a novel coronavirus 2019-nCoV. *Journal of Infection*, 80(4), 469-496.
- Li, T., Liu, D., Yang, Y., Guo, J., Feng, Y., Zhang, X., ... & Feng, J. (2020d). Phylogenetic supertree reveals detailed evolution of SARS-CoV-2. *Scientific reports*, 10(1), 22366.
- Li, T., Tang, X., Wu, C., Yao, X., Wang, Y., Lu, X., & Lu, J. (2020e). The use of SARS-CoV-2-related coronaviruses from bats and pangolins to polarize mutations in SARS-Cov-2. *Science China. Life Sciences*, 63(10), 1608.
- Li, W., Shi, Z., Yu, M., Ren, W., Smith, C., Epstein, J. H., ... & Wang, L. F. (2005). Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*, 310(5748), 676-679.
- Li, W., Wang, B., Li, B., Zhang, W., Zhu, Y., Shi, Z. L., & Yang, X. L. (2018). Genomic characterization of a novel hepatovirus from great roundleaf bats in China. *Virologica Sinica*, 33, 108-110.

- Li, X., Zai, J., Zhao, Q., Nie, Q., Li, Y., Foley, B. T., & Chaillon, A. (2020f). Evolutionary history, potential intermediate animal host, and cross-species analyses of SARS-CoV-2. *Journal of medical virology*, 92(6), 602-611.
- Li, Y., Altan, E., Reyes, G., Halstead, B., Deng, X., & Delwart, E. (2021). Virome of bat guano from nine Northern California roosts. *Journal of Virology*, 95(3), 10-1128.
- Li, Y., Dong, B., Wei, Z., Silverman, R. H., & Weiss, S. R. (2019). Activation of RNase L in Egyptian Rousette bat-derived RoNi/7 cells is dependent primarily on OAS3 and independent of MAVS signaling. *MBio*, 10(6), 10-1128.
- Li, Y., Ge, X., Hon, C. C., Zhang, H., Zhou, P., Zhang, Y., ... & Shi, Z. (2010a). Prevalence and genetic diversity of adeno-associated viruses in bats from China. *Journal of general virology*, 91(10), 2601-2609.
- Li, Y., Ge, X., Zhang, H., Zhou, P., Zhu, Y., Zhang, Y., ... & Shi, Z. (2010b). Host range, prevalence, and genetic diversity of adenoviruses in bats. *Journal of virology*, 84(8), 3889-3897.
- Li, Y., Li, J., Liu, Y., Shi, Z., Liu, H., Wei, Y., & Yang, L. (2019). Bat adeno-associated viruses as gene therapy vectors with the potential to evade human neutralizing antibodies. *Gene Therapy*, 26(6), 264-276.
- Li, Y., Wang, J., Hickey, A. C., Zhang, Y., Li, Y., Wu, Y., ... & Shi, Z. (2008). Antibodies to Nipah or Nipah-like viruses in bats, China. *Emerging infectious diseases*, 14(12), 1974.
- Li, Z., Liu, D., Ran, X., Liu, C., Guo, D., Hu, X., ... & Qu, L. (2016). Characterization and pathogenicity of a novel mammalian orthoreovirus from wild short-nosed fruit bats. *Infection, Genetics and Evolution*, 43, 347-353.
- Liang Tian, Juping Zhang. (2020). Dynamics of Rabies Epidemics in Vampire Bats, Complexity, vol. 2020, Article ID 7032451, <https://doi.org/10.1155/2020/7032451>
- Liang, J., Yang, X. L., Li, B., Liu, Q., Zhang, Q., Liu, H., ... & Zhang, L. (2017). Detection of diverse viruses in alimentary specimens of bats in Macau. *Virologica Sinica*, 32, 226-234.
- Liang, J., Zhu, C., & Zhang, L. (2021). Cospeciation of coronavirus and paramyxovirus with their bat hosts in the same geographical areas. *BMC Ecology and Evolution*, 21, 1-11.
- Liang, Y. Z., Wu, L. J., Zhang, Q., Zhou, P., Wang, M. N., Yang, X. L., ... & Shi, Z. L. (2015). Cloning, expression, and antiviral activity of interferon β from the Chinese microbat, *Myotis davidii*
- Lim, X. F., Lee, C. B., Pascoe, S. M., How, C. B., Chan, S., Tan, J. H., ... & Yap, G. (2019). Detection and characterization of a novel bat-borne coronavirus in Singapore using multiple molecular approaches. *Journal of General Virology*, 100(10), 1363-1374.

- Lima, F. E. D. S., Campos, F. S., Kunert Filho, H. C., Batista, H. B. D. C. R., Carnielli Júnior, P., Cibulski, S. P., ... & Franco, A. C. (2013). Detection of Alphacoronavirus in velvety free-tailed bats (*Molossus molossus*) and Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) from urban area of Southern Brazil. *Virus genes*, 47, 164-167.
- Lima, F. E. D. S., Cibulski, S. P., Dos Santos, H. F., Teixeira, T. F., Varela, A. P. M., Roehe, P. M., ... & Franco, A. C. (2015). Genomic characterization of novel circular ssDNA viruses from insectivorous bats in Southern Brazil. *PloS one*, 10(2), e0118070.
- Lima, F. E. D. S., Cibulski, S. P., Elesbao, F., Carnieli Junior, P., Batista, H. B. D. C. R., Roehe, P. M., & Franco, A. C. (2013). First detection of adenovirus in the vampire bat (*Desmodus rotundus*) in Brazil. *Virus Genes*, 47, 378-381.
- Lima, F. E. S., Cibulski, S. P., Dall Bello, A. G., Mayer, F. Q., Witt, A. A., Roehe, P. M., & d'Azevedo, P. A. (2015). A novel chiropteran circovirus genome recovered from a Brazilian insectivorous bat species. *Genome announcements*, 3(6), 10-1128.
- Lin, X. D., Wang, W., Hao, Z. Y., Wang, Z. X., Guo, W. P., Guan, X. Q., ... & Zhang, Y. Z. (2017). Extensive diversity of coronaviruses in bats from China. *Virology*, 507, 1-10.
- Liu, K., Pan, X., Li, L., Yu, F., Zheng, A., Du, P., ... & Wang, Q. (2021) Evolution of the novel coronavirus from s RaTG13 virus to ACE2 in humans and other species. *Cell*, 184(13), 3438-3451.
- Liu, K., Tan, S., Niu, S., Wang, J., Wu, L., Sun, H., ... & Gao, G. F. (2021). Cross-species recognition of SARS-CoV-2 to bat ACE2. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(1), e2020216118.
- Liu, S., Li, X., Chen, Z., Chen, Y., Zhang, Q., Liao, Y., ... & Chen, Q. (2013). Comparison of genomic and amino acid sequences of eight Japanese encephalitis virus isolates from bats. *Archives of virology*, 158, 2543-2552.
- Liu, Y., Li, N., Zhang, S., Zhang, F., Lian, H., Wang, Y., ... & Hu, R. (2013). Analysis of the complete genome of the first Irkut virus isolate from China: Comparison across the Lyssavirus genus. *Molecular phylogenetics and evolution*, 69(3), 687-693.
- Liu, Y., Zhang, S., Zhao, J., Zhang, F., & Hu, R. (2013). Isolation of Irkut virus from a *Murina leucogaster* bat in China. *PLoS neglected tropical diseases*, 7(3), e2097.
- LiXiang JIANG^{1,2}, Chao XING^{1,3}, Jing LUO¹, QiuMei SHI³, HongXuan HE. (2015). Persistence and transmission of the Ebola virus in wildlife. *Chinese Science Bulletin*, Volume 60, Issue 20: 1889 – 1895.
- Lo, V. T., Yoon, S. W., Noh, J. Y., Kim, Y., Choi, Y. G., Jeong, D. G., & Kim, H. K. (2020). Long-term surveillance of bat coronaviruses in Korea: Diversity and distribution pattern. *Transboundary and Emerging diseases*, 67(6), 2839-2848.

- López-Baucells, A., Rocha, R., & Fernández-Llamazares, Á. (2018). When bats go viral: negative framings in virological research imperil bat conservation. *Mammal Review*, 48(1), 62-66.
- López-Roig, M., Bourhy, H., Lavenir, R., & Serra-Cobo, J. (2014). Seroprevalence dynamics of European bat lyssavirus type 1 in a multispecies bat colony. *Viruses*, 6(9), 3386-3399.
- Lorusso, A., Teodori, L., Leone, A., Marcacci, M., Mangone, I., Orsini, M., ... & Savini, G. (2015). A new member of the Pteropine Orthoreovirus species isolated from fruit bats imported to Italy. *Infection, Genetics and Evolution*, 30, 55-58.
- Loza-Rubio, E., Aguilar-Setién, A., Bahloul, C., Brochier, B., Pastoret, P. P., & Tordo, N. (1999). Discrimination between epidemiological cycles of rabies in Mexico. *Archives of Medical Research*, 30(2), 144-149.
- Loza-Rubio, E., Nadin-Davis, S. A., & Morales Salinas, E. (2012). Caracterización molecular y biológica del virus de la Rabia que circula en zorrillos de México enfocado a la variante del gen de la fosfoproteína (P). *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 3(2), 155-170.
- Loza-Rubio, E., Rojas-Anaya, E., Banda-Ruiz, V. M., Nadin-Davis, S. A., & Cortez-Garcia, B. (2005). Detection of multiple strains of rabies virus RNA using primers designed to target Mexican vampire bat variants. *Epidemiology & Infection*, 133(5), 927-934.
- Lu, D., Liu, K., Zhang, D., Yue, C., Lu, Q., Cheng, H., ... & Liu, W. J. (2019). Peptide presentation by bat MHC class I provides new insight into the antiviral immunity of bats. *PLoS Biology*, 17(9), e3000436.
- Lu, G., Wang, Q., & Gao, G. F. (2015). Bat-to-human: spike features determining 'host jump' of coronaviruses SARS-CoV, MERS-CoV, and beyond. *Trends in microbiology*, 23(8), 468-478.
- Lu, L., Ashworth, J., Nguyen, D., Li, K., Smith, D. B., Woolhouse, M., & Visions Consortium. (2021). No exchange of picornaviruses in vietnam between humans and animals in a high-risk cohort with close contact despite high prevalence and diversity. *Viruses*, 13(9), 1709.
- Lu, Z. L., Wang, W., Yin, W. L., Tang, H. B., Pan, Y., Liang, X., ... & Luo, T. R. (2013). Lyssavirus surveillance in bats of southern China's Guangxi Province. *Virus genes*, 46, 293-301.
- Luby, S. P., Hossain, M. J., Gurley, E. S., Ahmed, B. N., Banu, S., Khan, S. U., ... & Rahman, M. (2009). Recurrent zoonotic transmission of Nipah virus into humans, Bangladesh, 2001–2007. *Emerging infectious diseases*, 15(8), 1229.
- Luby, S. P., Rahman, M., Hossain, M. J., Blum, L. S., Husain, M. M., Gurley, E., ... & Ksiazek, T. G. (2006). Foodborne transmission of Nipah virus, Bangladesh. *Emerging infectious diseases*, 12(12), 1888.

- Luis, A. D., Hayman, D. T., O'Shea, T. J., Cryan, P. M., Gilbert, A. T., Pulliam, J. R., ... & Webb, C. T. (2013). A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special?. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 280(1756), 20122753.
- Luis, A. D., O'Shea, T. J., Hayman, D. T., Wood, J. L., Cunningham, A. A., Gilbert, A. T., ... & Webb, C. T. (2015). Network analysis of host–virus communities in bats and rodents reveals determinants of cross-species transmission. *Ecology letters*, 18(11), 1153-1162.
- Luk, H. K., Li, X., Fung, J., Lau, S. K., & Woo, P. C. (2019). Molecular epidemiology, evolution and phylogeny of SARS coronavirus. *Infection, Genetics and Evolution*, 71, 21-30.
- Lukashev, A. N., Corman, V. M., Schacht, D., Gloza-Rausch, F., Seebens-Hoyer, A., Gmyl, A. P., ... & Drexler, J. F. (2017). Close genetic relatedness of picornaviruses from European and Asian bats. *Journal of General Virology*, 98(5), 955-961.
- Lumlertdacha, B., Boongird, K., Wanghonsa, S., Wacharapluesadee, S., Chanhom, L., Khawplod, P., ... & Rupprecht, C. E. (2005). Survey for bat lyssaviruses, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, 11(2), 232.
- Lumlertdacha, B., Wacharapluesadee, S., Chanhom, L., & Hemachudha, T. (2005). Bat lyssavirus in Thailand. *J Med Assoc Thai*, 88(7), 1011-4.
- Luo, C. M., Wang, N., Yang, X. L., Liu, H. Z., Zhang, W., Li, B., ... & Shi, Z. L. (2018). Discovery of novel bat coronaviruses in South China that use the same receptor as Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Journal of virology*, 92(13), 10-1128.
- Luo, D. S., Li, B., Shen, X. R., Jiang, R. D., Zhu, Y., Wu, J., ... & Dacheux, L. (2021). Characterization of novel rhabdoviruses in Chinese bats. *Viruses*, 13(1), 64.
- Luo, J., Liang, S., & Jin, F. (2021). Gut microbiota in antiviral strategy from bats to humans: a missing link in COVID-19. *Science China Life Sciences*, 64, 942-956.
- Luo, W., Roy, A., Guo, F., Irwin, D. M., Shen, X., Pan, J., & Shen, Y. (2020). Host adaptation and evolutionary analysis of Zaire ebolavirus: insights from codon usage based investigations. *Frontiers in microbiology*, 11, 570131.
- Luo, Y., Li, B., Jiang, R. D., Hu, B. J., Luo, D. S., Zhu, G. J., ... & Shi, Z. L. (2018). Longitudinal surveillance of betacoronaviruses in fruit bats in Yunnan Province, China during 2009–2016. *Virologica Sinica*, 33, 87-95.
- Lv, L., Li, G., Chen, J., Liang, X., & Li, Y. (2020). Comparative genomic analyses reveal a specific mutation pattern between human coronavirus SARS-CoV-2 and Bat-CoV RaTG13. *Frontiers in microbiology*, 11, 584717.
- Lvov DK, Alkhovsky SV. (2020). [Source of the COVID-19 pandemic: ecology and genetics of coronaviruses (Betacoronavirus: Coronaviridae) SARS-CoV,

SARS-CoV-2 (subgenus Sarbecovirus), and MERS-CoV (subgenus Merbecovirus).]. *Vopr Virusol.* 65(2):62-70. Russian. doi: 10.36233/0507-4088-2020-65-2-62-70. PMID: 32515561.

- L'vov, D. K., Al'khovskii, S. V., Mlu, S., Shchetinin, A. M., Deriabin, P. G., Gitel'man, A. K., ... & Botikov, A. G. (2014). Taxonomy of the Sokuluk virus (SOKV)(Flaviviridae, Flavivirus, Entebbe bat virus group) isolated from bats (*Vespertilio pipistrellus* Schreber, 1774), ticks (Argasidae Koch, 1844), and birds in Kyrgyzstan. *Voprosy virusologii*, 59(1), 30-34.
- Lyapunova, N. A., Khasnatinov, M. A. y Danchinova, G. A. (2020). Features of Reproduction of Tick-Borne Encephalitis Virus in a New Cell Line of the Siberian Bat *Myotis sibiricus* (Kastschenko, 1905)
- Ma, S., Li, H., Yang, J., & Yu, K. (2021). Molecular simulation studies of the interactions between the human/pangolin/cat/bat ACE2 and the receptor binding domain of the SARS-CoV-2 spike protein. *Biochimie*, 187, 1-13.
- Ma, W., García-Sastre, A., & Schwemmle, M. (2015). Expected and unexpected features of the newly discovered bat influenza A-like viruses. *PLoS pathogens*, 11(6), e1004819.
- Ma, X., Monroe, B. P., Cleaton, J. M., Orciari, L. A., Gigante, C. M., Kirby, J. D., ... & Wallace, R. M. (2020). Public veterinary medicine: public health: rabies surveillance in the United States during 2018. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 256(2), 195-208.
- Ma, X., Monroe, B. P., Cleaton, J. M., Orciari, L. A., Li, Y., Kirby, J. D., ... & Blanton, J. D. (2018). Rabies surveillance in the United States during 2017. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 253(12), 1555-1568.
- Ma, X., Monroe, B. P., Cleaton, J. M., Orciari, L. A., Yager, P., Li, Y., ... & Wallace, R. M. (2018). Rabies surveillance in the United States during 2016. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 252(8), 945-957.
- Ma, X., Monroe, B. P., Wallace, R. M., Orciari, L. A., Gigante, C. M., Kirby, J. D., ... & Bonwitt, J. (2021). Rabies surveillance in the United States during 2019. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 258(11), 1205-1220.
- Machain-Williams, C., López-Urbe, M., Talavera-Aguilar, L., Carrillo-Navarrete, J., Vera-Escalante, L., Puerto-Manzano, F., ... & Loroño-Pino, M. A. (2013). Serologic evidence of flavivirus infection in bats in the Yucatan Peninsula of Mexico. *Journal of Wildlife Diseases*, 49(3), 684-689.
- Mackenzie, J. S. (2005). Emerging zoonotic encephalitis viruses: lessons from Southeast Asia and Oceania. *Journal of neurovirology*, 11, 434-440.
- Mackenzie, J. S., Chua, K. B., Daniels, P. W., Eaton, B. T., Field, H. E., Hall, R. A., ... & Williams, D. T. (2001). Emerging viral diseases of Southeast Asia and the Western Pacific. *Emerging infectious diseases*, 7(3 Suppl), 497.

- MacLean, O. A., Lytras, S., Weaver, S., Singer, J. B., Boni, M. F., Lemey, P., ... & Robertson, D. L. (2021). Natural selection in the evolution of SARS-CoV-2 in bats created a generalist virus and highly capable human pathogen. *PLoS biology*, 19(3), e3001115.
- Maeda, K., Hondo, E., Terakawa, J., Kiso, Y., Nakaichi, N., Endoh, D., ... & Mizutani, T. (2008). Isolation of novel adenovirus from fruit bat (*Pteropus dasymallus yayeyamae*). *Emerging infectious diseases*, 14(2), 347.
- Maganga, G. D., Bourgarel, M., Obame Nkoghe, J., N'Dilimabaka, N., Drosten, C., Paupy, C., ... & Leroy, E. M. (2014). Identification of an unclassified paramyxovirus in *Coleura afra*: a potential case of host specificity. *PloS one*, 9(12), e115588.
- Maganga, G. D., Bourgarel, M., Vallo, P., Dallo, T. D., Ngoagouni, C., Drexler, J. F., ... & Morand, S. (2014). Bat distribution size or shape as determinant of viral richness in African bats. *PloS one*, 9(6), e100172.
- Maganga, G. D., Pinto, A., Mombo, I. M., Madjitobaye, M., Mbeang Beyeme, A. M., Boundenga, L., ... & Leroy, E. M. (2020). Genetic diversity and ecology of coronaviruses hosted by cave-dwelling bats in Gabon. *Scientific Reports*, 10(1), 7314.
- Mahalingam, S., Herrero, L. J., Playford, E. G., Spann, K., Herring, B., Rolph, M. S., ... & Wang, L. F. (2012). Hendra virus: an emerging paramyxovirus in Australia. *The Lancet infectious diseases*, 12(10), 799-807.
- Mahdy, M. A., Younis, W., & Ewaida, Z. (2020). An overview of SARS-CoV-2 and animal infection. *Frontiers in veterinary science*, 7, 596391.
- Male, M. F., Kraberger, S., Stainton, D., Kami, V., & Varsani, A. (2016). Cycloviruses, gemycircularviruses and other novel replication-associated protein encoding circular viruses in Pacific flying fox (*Pteropus tonganus*) faeces. *Infection, Genetics and Evolution*, 39, 279-292.
- Malik, Y. S., Ansari, M. I., Kattoor, J. J., Kaushik, R., Sircar, S., Subbaiyan, A., ... & Zhang, K. Y. (2021). Evolutionary and codon usage preference insights into spike glycoprotein of SARS-CoV-2. *Briefings in Bioinformatics*, 22(2), 1006-1022.
- Malmlov, A., Bantle, C., Aboellail, T., Wagner, K., Campbell, C. L., Eckley, M., ... & Schountz, T. (2019). Experimental Zika virus infection of Jamaican fruit bats (*Artibeus jamaicensis*) and possible entry of virus into brain via activated microglial cells. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 13(2), e0007071.
- Malmlov, A., Seetahal, J., Carrington, C., Ramkisson, V., Foster, J., Miazgowicz, K. L., ... & Schountz, T. (2017). Serological evidence of arenavirus circulation among fruit bats in Trinidad. *PLoS One*, 12(9), e0185308.
- Mandl, J. N., Schneider, C., Schneider, D. S., & Baker, M. L. (2018). Going to bat (s) for studies of disease tolerance. *Frontiers in Immunology*, 9, 2112.

- Mani, R. S., Dovih, D. P., Ashwini, M. A., Chattopadhyay, B., Harsha, P. K., Garg, K. M., ... & Madhusudana, S. N. (2017). Serological evidence of lyssavirus infection among bats in Nagaland, a north-eastern state in India. *Epidemiology & Infection*, 145(8), 1635-1641.
- Marí Saéz, A., Weiss, S., Nowak, K., Lapeyre, V., Zimmermann, F., Düb, A., ... & Leendertz, F. H. (2015). Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. *EMBO molecular medicine*, 7(1), 17-23.
- Markotter, W., & Coertse, J. (2018). Bat lyssaviruses. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 37(2), 385-400.
- Markotter, W., Coertse, J., De Vries, L., Geldenhuys, M., & Mortlock, M. (2020). Bat-borne viruses in Africa: a critical review. *Journal of zoology*, 311(2), 77-98.
- Markotter, W., Geldenhuys, M., Jansen van Vuren, P., Kemp, A., Mortlock, M., Mudakikwa, A., ... & Weyer, J. (2019). Paramyxo-and coronaviruses in Rwandan bats. *Tropical medicine and infectious disease*, 4(3), 99.
- Markotter, W., Kuzmin, I., Rupprecht, C. E., & Nel, L. H. (2008). Phylogeny of Lagos bat virus: challenges for lyssavirus taxonomy. *Virus Research*, 135(1), 10-21.
- Markotter, W., Monadjem, A., & Nel, L. H. (2013). Antibodies against Duvenhage virus in insectivorous bats in Swaziland. *Journal of wildlife diseases*, 49(4), 1000-1003.
- Markotter, W., Randles, J., Rupprecht, C. E., Sabeta, C. T., Taylor, P. J., Wandeler, A. I., & Nel, L. H. (2006). Lagos bat virus, South Africa. *Emerging infectious diseases*, 12(3), 504.
- Marsh, G. A., De Jong, C., Barr, J. A., Tachedjian, M., Smith, C., Middleton, D., ... & Wang, L. F. (2012). Cedar virus: a novel Henipavirus isolated from Australian bats.
- Marsh, G. A., Todd, S., Foord, A., Hansson, E., Davies, K., Wright, L., ... & Wang, L. F. (2010). Genome sequence conservation of Hendra virus isolates during spillover to horses, Australia. *Emerging infectious diseases*, 16(11), 1767.
- Marston, D. A., McElhinney, L. M., Johnson, N., Müller, T., Conzelmann, K. K., Tordo, N., & Fooks, A. R. (2007). Comparative analysis of the full genome sequence of European bat lyssavirus type 1 and type 2 with other lyssaviruses and evidence for a conserved transcription termination and polyadenylation motif in the G-L 3' non-translated region. *Journal of General Virology*, 88(4), 1302-1314.
- Marston, D. A., Vázquez-Morón, S., Ellis, R. J., Wise, E. L., McElhinney, L. M., & de Lamballerie, X. Complete Genomic Sequence of European bat lyssavirus 1, isolated from *Eptesicus isabellinus* in Spain. *Genome Announc.* 2015; 3. Epub 2015/02/14. 3/1/e01518-14 [pii] <https://doi.org/10.1128/genomeA.01518-14> PMID: 25676752.

- Martin, G. A., Yanez-Arenas, C., Roberts, B. J., Chen, C., Plowright, R. K., Webb, R. J., & Skerratt, L. F. (2016). Climatic suitability influences species specific abundance patterns of Australian flying foxes and risk of Hendra virus spillover. *One Health*, 2, 115-121.
- Martin, G., Plowright, R., Chen, C., Kault, D., Selleck, P., & Skerratt, L. F. (2015). Hendra virus survival does not explain spillover patterns and implicates relatively direct transmission routes from flying foxes to horses. *Journal of General Virology*, 96(6), 1229-1237.
- Martin, G., Yanez-Arenas, C., Chen, C., Plowright, R. K., Webb, R. J., & Skerratt, L. F. (2018). Climate change could increase the geographic extent of Hendra virus spillover risk. *EcoHealth*, 15, 509-525.
- Martínez-Burnes J, López A, Medellín J, Haines D, Loza E, Martínez M. (1997). An outbreak of vampire bat-transmitted rabies in cattle in northeastern Mexico. *Can Vet J. Mar*;38(3):175-7. PMID: 9056070; PMCID: PMC1576554.
- Martins da Costa, P. S. P., Oliveira, J. S., Domingos, I. J. D. S., e Silva, P. H. B., Dutra, A. G. S., Amaral, C. D., ... & Trindade, G. D. S. (2020). Circulation of vaccinia virus in southern and south-eastern wildlife, Brazil. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67(5), 1781-1785.
- Martorelli, L. F. A., Aguiar, E. A. D. C., Almeida, M. F. D., Silva, M. M. S., & Nunes, V. D. F. P. (1996). Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro, *Lasyurus borealis*. *Revista de Saúde Pública*, 30(1), 101-102.
- Martorelli, L. F., Aguiar, E. A., Almeida, M. F., Silva, M., & Novaes, E. C. (1995). Isolamento do vírus rábico de morcego insetívoro *Myotis nigricans*. *Revista de Saúde Pública*, 29, 140-141.
- Maruyama, J., Nao, N., Miyamoto, H., Maeda, K., Ogawa, H., Yoshida, R., ... & Takada, A. (2016). Characterization of the glycoproteins of bat-derived influenza viruses. *Virology*, 488, 43-50.
- Matsugo, H., Kitamura-Kobayashi, T., Kamiki, H., Ishida, H., Sekine, W., Takenaka-Uema, A., ... & Horimoto, T. (2021). A potential bat adenovirus-based oncolytic virus targeting canine cancers. *Scientific reports*, 11(1), 16706.
- Matsumoto, T., Nanayakkara, S., Perera, D., Ushijima, S., Wimalaratne, O., Nishizono, A., & Ahmed, K. (2017). Terrestrial animal-derived rabies virus in a juvenile Indian flying fox in Sri Lanka. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 70(6), 693-695.
- Matsumoto, T., Sato, M., Nishizono, A., & Ahmed, K. (2019). A novel bat-associated circovirus identified in northern Hokkaido, Japan. *Archives of virology*, 164, 2179-2182.
- Matyášek, R., & Kovařík, A. (2020). Mutation patterns of human SARS-CoV-2 and bat RaTG13 coronavirus genomes are strongly biased towards C> U transitions, indicating rapid evolution in their hosts. *Genes*, 11(7), 761.

- Mawolo, J. B., Akiti, C., & Momo, H. K. (2020). Investigation on the human coronaviruses origin (bats and pangolins): a review. *Turkish Journal of Zoology*, 44(5), 387-400.
- Maxmen, A. (2017). Bats are global reservoir for deadly coronaviruses. *Nature*, 546(7658).
- Mayes, B. C., Wilson, P. J., Oertli, E. H., Hunt, P. R., & Rohde, R. E. (2013). Epidemiology of rabies in bats in Texas (2001–2010). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 243(8), 1129-1137.
- Mbu'u, C. M., Mbacham, W. F., Gontao, P., Sado Kamdem, S. L., Nlôga, A. M. N., Groschup, M. H., ... & Balkema-Buschmann, A. (2019). Henipaviruses at the interface between bats, livestock and human population in Africa. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 19(7), 455-465.
- McCall, B. J., Epstein, J. H., Neill, A. S., Heel, K., Field, H., Barrett, J., ... & Lunt, R. (2000). Potential exposure to Australian bat lyssavirus, Queensland, 1996-1999. *Emerging Infectious Diseases*, 6(3), 259.
- McColl, K. A., Chamberlain, T., Lunt, R. A., Newberry, K. M., & Westbury, H. A. (2007). Susceptibility of domestic dogs and cats to Australian bat lyssavirus (ABLV). *Veterinary microbiology*, 123(1-3), 15-25.
- McColl, K. A., Chamberlain, T., Lunt, R. A., Newberry, K. M., Middleton, D., & Westbury, H. A. (2002). Pathogenesis studies with Australian bat lyssavirus in grey-headed flying foxes (*Pteropus poliocephalus*). *Australian veterinary journal*, 80(10), 636-641.
- McColl, K. A., Tordo, N., & AA, A. S. (2000). Bat lyssavirus infections. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 19(1), 177-196.
- McCollum, A. M., Blanton, J. D., Holman, R. C., Callinan, L. S., Baty, S., Phillips, R., ... & Rupprecht, C. E. (2012). Community survey after rabies outbreaks, Flagstaff, Arizona, USA. *Emerging infectious diseases*, 18(6), 932.
- McElhinney, L. M., Marston, D. A., Leech, S., Freuling, C. M., Van der Poel, W. H. M., Echevarria, J., ... & Fooks, A. R. (2013). Molecular epidemiology of bat lyssaviruses in Europe. *Zoonoses and public health*, 60(1), 35-45.
- McElhinney, L. M., Marston, D. A., Wise, E. L., Freuling, C. M., Bourhy, H., Zanoni, R., ... & Fooks, A. R. (2018). Molecular epidemiology and evolution of European bat lyssavirus 2. *International journal of molecular sciences*, 19(1), 156.
- McKee, C. D., Islam, A., Luby, S. P., Salje, H., Hudson, P. J., Plowright, R. K., & Gurley, E. S. (2021). The ecology of Nipah virus in Bangladesh: a nexus of land-use change and opportunistic feeding behavior in bats. *Viruses*, 13(2), 169.
- McKnight, C. A., Wise, A. G., Maes, R. K., Howe, C., Rector, A., Van Ranst, M., & Kiupel, M. (2006). Papillomavirus-associated basosquamous carcinoma in an Egyptian fruit bat (*Rousettus aegyptiacus*). *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 37(2), 193-196.

- McMichael, L., Edson, D., Mayer, D., Broos, A., Kopp, S., Meers, J., & Field, H. (2017). Physiologic biomarkers and Hendra virus infection in Australian black flying foxes (*Pteropus alecto*). *Journal of wildlife diseases*, 53(1), 111-120.
- McMichael, L., Edson, D., Smith, C., Mayer, D., Smith, I., Kopp, S., ... & Field, H. (2017). Physiological stress and Hendra virus in flying-foxes (*Pteropus* spp.), Australia. *PLoS One*, 12(8), e0182171.
- McMichael, L., Smith, C., Gordon, A., Agnihotri, K., Meers, J., & Oakey, J. (2019). A novel Australian flying-fox retrovirus shares an evolutionary ancestor with Koala, Gibbon and Melomys gamma-retroviruses. *Virus Genes*, 55, 421-424.
- Medeiros, R., Jusot, V., Houillon, G., Rasuli, A., Martorelli, L., Kataoka, A. P., ... & Tordo, N. (2016). Persistence of rabies virus-neutralizing antibodies after vaccination of rural population following vampire bat rabies outbreak in Brazil. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(9), e0004920.
- Megali, A., Yannic, G., Zahno, M. L., Brügger, D., Bertoni, G., Christe, P., & Zanoni, R. (2010). Surveillance for European bat lyssavirus in Swiss bats. *Archives of virology*, 155, 1655-1662.
- Megid, J., Benavides Tala, J. A., Belaz Silva, L. D., Castro Castro, F. F., Ribeiro, B. L. D., Appolinário, C. M., ... & de Almeida, M. F. (2021). Serological surveillance of rabies in free-range and captive common vampire bats *Desmodus rotundus*. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 681423.
- Mehle, A. (2014). Unusual influenza A viruses in bats. *Viruses*, 6(9), 3438-3449.
- Mélade, J., McCulloch, S., Ramasindrazana, B., Lagadec, E., Turpin, M., Pascalis, H., ... & Dellagi, K. (2016). Serological evidence of lyssaviruses among bats on Southwestern Indian Ocean Islands. *PloS one*, 11(8), e0160553.
- MÉLADE, Julien, et al. An eco-epidemiological study of Morbilli-related paramyxovirus infection in Madagascar bats reveals host-switching as the dominant macro-evolutionary mechanism. *Scientific reports*, 2016, vol. 6, no 1, p. 23752.
- Memish, Z. A., Mishra, N., Olival, K. J., Fagbo, S. F., Kapoor, V., Epstein, J. H., ... & Lipkin, W. I. (2013). Middle East respiratory syndrome coronavirus in bats, Saudi Arabia. *Emerging infectious diseases*, 19(11), 1819.
- Menachery, V. D., Dinno III, K. H., Yount Jr, B. L., McAnarney, E. T., Gralinski, L. E., Hale, A., ... & Baric, R. S. (2020). Trypsin treatment unlocks barrier for zoonotic bat coronavirus infection. *Journal of virology*, 94(5), 10-1128.
- Mendenhall, I. H., Borthwick, S., Neves, E. S., Low, D., Linster, M., Liang, B., ... & Smith, G. J. D. (2017). Identification of a lineage D betacoronavirus in cave nectar bats (*Eonycteris spelaea*) in Singapore and an overview of lineage D reservoir ecology in SE Asian bats. *Transboundary and emerging diseases*, 64(6), 1790-1800.

- Mendenhall, I. H., Kerimbayev, A. A., Storchkov, V. M., Sultankulova, K. T., Kopeyev, S. K., Su, Y. C., ... & Orynbayev, M. B. (2019). Discovery and characterization of novel bat coronavirus lineages from Kazakhstan. *Viruses*, 11(4), 356.
- Mendenhall, I. H., Skiles, M. M., Neves, E. S., Borthwick, S. A., Low, D. H., Liang, B., ... & Smith, G. J. (2017). Influence of age and body condition on astrovirus infection of bats in Singapore: an evolutionary and epidemiological analysis. *One Health*, 4, 27-33.
- Mendenhall, I. H., Wen, D. L. H., Jayakumar, J., Gunalan, V., Wang, L., Mauer-Stroh, S., ... & Smith, G. J. (2019). Diversity and evolution of viral pathogen community in cave nectar bats (*Eonycteris spelaea*). *Viruses*, 11(3), 250.
- Méndez-Ojeda, M. L., Rojas-Anaya, E., Morales Álvarez, J. F., Tapia-Pérez, G., Suzán, G., Gaona Pineda, O., ... & Loza-Rubio, E. (2018). Detection of rabies virus in organs unrelated to the central nervous system of experimentally-inoculated vampire bats. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 9(3), 435-450.
- Meng, S. L., Xu, G. L., Wu, J., Yang, X. M., & Yan, J. X. (2009). A comparison of complete genome sequences of a rabies virus Chinese isolate SH06 with the vaccine strains. *Virologica Sinica*, 24, 529-536.
- Menozzi, B. D., da Paz, G. S., Paiz, L. M., Garces, H. G., Adorno, B. M. V., Almeida-Silva, F., ... & Langoni, H. (2020). Rabies virus and *Histoplasma suramericanum* coinfection in a bat from southeastern Brazil. *Zoonoses and public health*, 67(2), 138-147.
- Menozzi, B. D., de Novaes Oliveira, R., Paiz, L. M., Richini-Pereira, V. B., & Langoni, H. (2017). Antigenic and genotypic characterization of rabies virus isolated from bats (Mammalia: Chiroptera) from municipalities in São Paulo State, Southeastern Brazil. *Archives of virology*, 162, 1201-1209.
- Mesquita, L. P., Gamon, T. H. M., Cuevas, S. E. C., Asano, K. M., Fahl, W. D. O., Iamamoto, K., ... & Mori, E. (2017). A rabies virus vampire bat variant shows increased neuroinvasiveness in mice when compared to a carnivore variant. *Archives of virology*, 162, 3671-3679.
- Messenger, S. L., Smith, J. S., & Rupprecht, C. E. (2002). Emerging epidemiology of bat-associated cryptic cases of rabies in humans in the United States. *Clinical Infectious Diseases*, 35(6), 738-747.
- Messenger, S. L., Smith, J. S., Orciari, L. A., Yager, P. A., & Rupprecht, C. E. (2003). Emerging pattern of rabies deaths and increased viral infectivity. *Emerging infectious diseases*, 9(2), 151.
- Meza, D. K., Broos, A., Becker, D. J., Behdenna, A., Willett, B. J., Viana, M., & Streicker, D. G. (2021). Predicting the presence and titre of rabies virus-neutralizing antibodies from low-volume serum samples in low-containment facilities. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(3), 1564-1576.

- Miao, F., Li, N., Yang, J., Chen, T., Liu, Y., Zhang, S., & Hu, R. (2021). Neglected challenges in the control of animal rabies in China. *One Health*, 12, 100212.
- Middleton, D. (2014). Hendra virus. *Veterinary Clinics: Equine Practice*, 30(3), 579-589.
- Middleton, D. J., Morrissy, C. J., Van Der Heide, B. M., Russell, G. M., Braun, M. A., Westbury, H. A., ... & Daniels, P. W. (2007). Experimental Nipah virus infection in pteropid bats (*Pteropus poliocephalus*). *Journal of comparative pathology*, 136(4), 266-272.
- Miia, J. V., Tiina, N., Tarja, S., Olli, V., Liisa, S., & Anita, H. (2015). Evolutionary trends of European bat lyssavirus type 2 including genetic characterization of Finnish strains of human and bat origin 24 years apart. *Archives of Virology*, 160, 1489-1498.
- Miller, M. R., McMinn, R. J., Misra, V., Schountz, T., Müller, M. A., Kurth, A., & Munster, V. J. (2016). Broad and temperature independent replication potential of filoviruses on cells derived from old and new world bat species. *The Journal of Infectious Diseases*, 214(suppl_3), S297-S302.
- Millet, J. K., Jaimes, J. A., & Whittaker, G. R. (2021). Molecular diversity of coronavirus host cell entry receptors. *FEMS microbiology reviews*, 45(3), fuaa057.
- Mingo-Casas, P., Sandonís, V., Obón, E., Berciano, J. M., Vazquez-Moron, S., Juste, J., & Echevarría, J. E. (2018). First cases of European bat lyssavirus type 1 in Iberian serotine bats: Implications for the molecular epidemiology of bat rabies in Europe. *Plos Neglected Tropical Diseases*, 12(4), e0006290.
- Miranda, A. O., Núñez, S. E., Martinez, L., & Gury-Dohmen, D. M. (2009). Molecular analysis of urban rabies case from vampire bat in Corrientes, Argentina. *Revista Veterinaria*, 20(2), 77-80.
- Mishra, N., Fagbo, S. F., Alagaili, A. N., Nitido, A., Williams, S. H., Ng, J., ... & Lipkin, W. I. (2019). A viral metagenomic survey identifies known and novel mammalian viruses in bats from Saudi Arabia. *PLoS One*, 14(4), e0214227.
- Misra, V., Dumonceaux, T., Dubois, J., Willis, C., Nadin-Davis, S., Severini, A., ... & Artsob, H. (2009). Detection of polyoma and corona viruses in bats of Canada. *Journal of general virology*, 90(8), 2015-2022.
- Mochizuki, N., Kawasaki, H., Silva, M. L., Afonso, J. A., Itou, T., Ito, F. H., & Sakai, T. (2012). Molecular epidemiology of livestock rabies viruses isolated in the northeastern Brazilian states of Paraíba and Pernambuco from 2003-2009. *BMC Research Notes*, 5, 1-7.
- Mochizuki, N., Kobayashi, Y., Sato, G., Hirano, S., Itou, T., Ito, F. H., & Sakai, T. (2011). Determination and molecular analysis of the complete genome sequence of two wild-type rabies viruses isolated from a haematophagous bat and a frugivorous bat in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science*, 73(6), 759-766.

- Mohd, H. A., Al-Tawfiq, J. A., & Memish, Z. A. (2016). Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) origin and animal reservoir. *Virology journal*, 13, 1-7.
- Mohsin, H., Asif, A., Fatima, M., & Rehman, Y. (2021). Potential role of viral metagenomics as a surveillance tool for the early detection of emerging novel pathogens. *Archives of Microbiology*, 203(3), 865-872.
- Mok, L., Wynne, J. W., Grimley, S., Shiell, B., Green, D., Monaghan, P., ... & Michalski, W. P. (2015). Mouse fibroblast L929 cells are less permissive to infection by Nelson Bay orthoreovirus compared to other mammalian cell lines. *Journal of General Virology*, 96(Pt_7), 1787-1794.
- Mok, L., Wynne, J. W., Tachedjian, M., Shiell, B., Ford, K., Matthews, D. A., ... & Michalski, W. P. (2017). Proteomics informed by transcriptomics for characterising differential cellular susceptibility to Nelson Bay orthoreovirus infection. *BMC genomics*, 18, 1-17.
- Moldal, T., Vikøren, T., Cliquet, F., Marston, D. A., van Der Kooij, J., Madslien, K., & Ørpetveit, I. (2017). First detection of European bat lyssavirus type 2 (EBLV-2) in Norway. *BMC veterinary research*, 13, 1-8.
- Mollentze, N., & Streicker, D. G. (2020). Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(17), 9423-9430.
- Mollentze, N., Streicker, D. G., Murcia, P. R., Hampson, K., & Biek, R. (2020). Virulence mismatches in index hosts shape the outcomes of cross-species transmission. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(46), 28859-28866.
- Molnár, V., Jánoska, M., Harrach, B., Glávits, R., Pálmai, N., Rigó, D., ... & Liptovszky, M. (2008). Detection of a novel bat gammaherpesvirus in Hungary. *Acta Veterinaria Hungarica*, 56(4), 529-538.
- Monaghan, P., Green, D., Pallister, J., Klein, R., White, J., Williams, C., ... & Wang, L. F. (2014). Detailed morphological characterisation of Hendra virus infection of different cell types using super-resolution and conventional imaging. *Virology journal*, 11, 1-12.
- Monath, T. P. (1999). Ecology of Marburg and Ebola viruses: speculations and directions for future research. *The Journal of infectious diseases*, 179(Supplement_1), S127-S138.
- Monchatre-Leroy, E., Boué, F., Boucher, J. M., Renault, C., Moutou, F., Ar Gouilh, M., & Umhang, G. (2017). Identification of alpha and beta coronavirus in wildlife species in France: bats, rodents, rabbits, and hedgehogs. *Viruses*, 9(12), 364.
- Mondul, A. M., Krebs, J. W., & Childs, J. E. (2003). Trends in national surveillance for rabies among bats in the United States (1993–2000). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 222(5), 633-639.

- Monroe, B. P., Yager, P., Blanton, J., Birhane, M. G., Wadhwa, A., Orciari, L., ... & Wallace, R. (2016). Rabies surveillance in the United States during 2014. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 248(7), 777-788.
- Moore, P. R., Jansen, C. C., Graham, G. C., Smith, I. L., & Craig, S. B. (2010). Emerging tropical diseases in Australia. Part 3. Australian bat lyssavirus. *Annals of Tropical Medicine & Parasitology*, 104(8), 613-621.
- Moran, D., Juliao, P., Alvarez, D., Lindblade, K. A., Ellison, J. A., Gilbert, A. T., ... & Recuenco, S. (2015). Knowledge, attitudes and practices regarding rabies and exposure to bats in two rural communities in Guatemala. *BMC research notes*, 8, 1-7.
- Moratelli, R., & Calisher, C. H. (2015). Bats and zoonotic viruses: can we confidently link bats with emerging deadly viruses?. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 110, 1-22.
- Moreira Marrero, L., Botto Nuñez, G., Malta, L., Delfraro, A., & Frabasile, S. (2021). Ecological and conservation significance of herpesvirus infection in Neotropical bats. *Ecohealth*, 18(1), 123-133.
- Moreira-Soto, A., Soto-Garita, C., & Corrales-Aguilar, E. (2017). Neotropical primary bat cell lines show restricted dengue virus replication. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 50, 101-105.
- Moreira-Soto, A., Taylor-Castillo, L., Vargas-Vargas, N., Rodríguez-Herrera, B., Jiménez, C., & Corrales-Aguilar, E. (2015). Neotropical bats from Costa Rica harbour diverse coronaviruses. *Zoonoses and public health*, 62(7), 501-505.
- Moreno, A., Lelli, D., De Sabato, L., Zaccaria, G., Boni, A., Sozzi, E., ... & Vaccari, G. (2017). Detection and full genome characterization of two beta CoV viruses related to Middle East respiratory syndrome from bats in Italy. *Virology journal*, 14, 1-11.
- Morikawa, V. M., Ribeiro, J., Biondo, A. W., Fellini, A., Bier, D., & Molento, M. B. (2012). Cat infected by a variant of bat rabies virus in a 29-year disease-free urban area of southern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 45, 255-256.
- Morrison, J. H., Miller, C., Bankers, L., Cramer, G., Wang, L. F., & Poeschla, E. M. (2020). A potent postentry restriction to primate lentiviruses in a yinpterochiropteran bat. *MBio*, 11(5), 10-1128.
- Mortlock, M., Dietrich, M., Weyer, J., Paweska, J. T., & Markotter, W. (2019). Co-circulation and excretion dynamics of diverse rubella and related viruses in Egyptian rousette bats from South Africa. *Viruses*, 11(1), 37.
- Mortlock, M., Geldenhuys, M., Dietrich, M., Epstein, J. H., Weyer, J., Paweska, J. T., & Markotter, W. (2021). Seasonal shedding patterns of diverse henipavirus-related paramyxoviruses in Egyptian rousette bats. *Scientific reports*, 11(1), 24262.

- Mortlock, M., Kuzmin, I. V., Weyer, J., Gilbert, A. T., Agwanda, B., Rupprecht, C. E., ... & Markotter, W. (2015). Novel paramyxoviruses in bats from sub-Saharan Africa, 2007–2012. *Emerging infectious diseases*, 21(10), 1840.
- Motayo, B. O., Oluwasemowo, O. O., & Akinduti, P. A. (2020). Evolutionary dynamics and geographic dispersal of beta coronaviruses in African bats. *PeerJ*, 8, e10434.
- Mou, H., Quinlan, B. D., Peng, H., Liu, G., Guo, Y., Peng, S., ... & Farzan, M. (2021). Mutations derived from horseshoe bat ACE2 orthologs enhance ACE2-Fc neutralization of SARS-CoV-2. *PLoS pathogens*, 17(4), e1009501.
- Mourya, D. T., Lakra, R. J., Yadav, P. D., Tyagi, P., Raut, C. G., Shete, A. M., & Singh, D. K. (2013). Establishment of cell line from embryonic tissue of *Pipistrellus ceylonicus* bat species from India & its susceptibility to different viruses. *Indian Journal of Medical Research*, 138(2), 224-231.
- Mourya, D. T., Yadav, P. D., Basu, A., Shete, A., Patil, D. Y., Zawar, D., ... & Jadhav, S. M. (2014). Malsoor virus, a novel bat phlebovirus, is closely related to severe fever with thrombocytopenia syndrome virus and heartland virus. *Journal of virology*, 88(6), 3605-3609.
- Mourya, D. T., Yadav, P., Sudeep, A. B., Gokhale, M. D., Gupta, N., Gangakhedkar, R. R., & Bhargava, B. (2019). Spatial association between a Nipah virus outbreak in India and Nipah virus infection in Pteropus bats. *Clinical Infectious Diseases*, 69(2), 378-379.
- Moussy, C., Atterby, H., Griffiths, A. G. F., Allnutt, T. R., Mathews, F., Smith, G. C., ... & Hosken, D. J. (2015). Population genetic structure of serotine bats (*Eptesicus serotinus*) across Europe and implications for the potential spread of bat rabies (European bat lyssavirus EBLV-1). *Heredity*, 115(1), 83-92.
- Mühldorfer, K., Speck, S., Kurth, A., Lesnik, R., Freuling, C., Müller, T., ... & Wibbelt, G. (2011). Diseases and causes of death in European bats: dynamics in disease susceptibility and infection rates. *PloS one*, 6(12), e29773.
- Muleya, W., Sasaki, M., Orba, Y., Ishii, A., Thomas, Y., Nakagawa, E., ... & Sawa, H. (2014). Molecular epidemiology of paramyxoviruses in frugivorous *Eidolon helvum* bats in Zambia. *Journal of Veterinary Medical Science*, 76(4), 611-614.
- Müller, M. A., Devignot, S., Lattwein, E., Corman, V. M., Maganga, G. D., Gloza-Rausch, F., ... & Drosten, C. (2016). Evidence for widespread infection of African bats with Crimean-Congo hemorrhagic fever-like viruses. *Scientific reports*, 6(1), 26637.
- Müller, M. A., Paweska, J. T., Leman, P. A., Drosten, C., Grywna, K., Kemp, A., ... & Swanepoel, R. (2007a). Coronavirus antibodies in African bat species. *Emerging infectious diseases*, 13(9), 1367.

- Müller, T., Johnson, N., Freuling, C. M., Fooks, A. R., Selhorst, T., & Vos, A. (2007b). Epidemiology of bat rabies in Germany. *Archives of virology*, 152, 273-288.
- Munster, V. J., Adney, D. R., van Doremalen, N., Brown, V. R., Miazgowiec, K. L., Milne-Price, S., ... & Bowen, R. A. (2016). Replication and shedding of MERS-CoV in Jamaican fruit bats (*Artibeus jamaicensis*). *Scientific Reports*, 6(1), 21878.
- Murakami, S., Kitamura, T., Suzuki, J., Sato, R., Aoi, T., Fujii, M., ... & Horimoto, T. (2020). Detection and characterization of bat sarbecovirus phylogenetically related to SARS-CoV-2, Japan. *Emerging infectious diseases*, 26(12), 3025.
- Muyembe-Tamfum, J. J., Mulangu, S., Masumu, J., Kayembe, J. M., Kemp, A., & Paweska, J. T. (2012). Ebola virus outbreaks in Africa: past and present. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 79(2), 06-13.
- Muzeniek, T., Perera, T., Siriwardana, S., Bas, D., Kaplan, F., Öruc, M., ... & Kohl, C. (2021). Detection of Alpha-and Betacoronaviruses in *Miniopterus fuliginosus* and *Rousettus leschenaultii*, two species of Sri Lankan Bats. *Vaccines*, 9(6), 650.
- Na, E. J., Lee, S. Y., Kim, H. J., & Oem, J. K. (2021). Comparative genetic analyses of Korean bat coronaviruses with SARS-CoV and the newly emerged SARS-CoV-2. *Journal of Veterinary Science*, 22(1).
- Nabi, G., Wang, Y., Lü, L., Jiang, C., Ahmad, S., Wu, Y., & Li, D. (2021). Bats and birds as viral reservoirs: a physiological and ecological perspective. *Science of the Total Environment*, 754, 142372.
- Nadin-Davis, S. A., & Loza-Rubio, E. (2006). The molecular epidemiology of rabies associated with chiropteran hosts in Mexico. *Virus Research*, 117(2), 215-226.
- Nadin-Davis, S. A., Abdel-Malik, M., Armstrong, J., & Wandeler, A. I. (2002). Lyssavirus P gene characterisation provides insights into the phylogeny of the genus and identifies structural similarities and diversity within the encoded phosphoprotein. *Virology*, 298(2), 286-305.
- NADIN-DAVIS, S. A., Feng, Y., Mousse, D., Wandeler, A. I., & ARIS-BROSOU, S. T. É. P. H. A. N. E. (2010). Spatial and temporal dynamics of rabies virus variants in big brown bat populations across Canada: footprints of an emerging zoonosis. *Molecular Ecology*, 19(10), 2120-2136.
- Nadin-Davis, S. A., Huang, W., Armstrong, J., Casey, G. A., Bahloul, C., Tordo, N., & Wandeler, A. I. (2001). Antigenic and genetic divergence of rabies viruses from bat species indigenous to Canada. *Virus Research*, 74(1-2), 139-156.
- Nadin-Davis, S. A., Sheen, M., & Wandeler, A. I. (2003). Use of discriminatory probes for strain typing of formalin-fixed, rabies virus-infected tissues by in situ hybridization. *Journal of clinical microbiology*, 41(9), 4343-4352.

- Nadin-Davis, S. A., Torres, G., Ribas, M. D. L. A., Guzman, M., De La Paz, R. C., Morales, M., & Wandeler, A. I. (2006). A molecular epidemiological study of rabies in Cuba. *Epidemiology & Infection*, 134(6), 1313-1324.
- Nadin-Davis, S., Alnabelseya, N., & Knowles, M. K. (2017). The phylogeography of *Myotis* bat-associated rabies viruses across Canada. *PLoS neglected tropical diseases*, 11(5), e0005541.
- Naglič, T., Rihtarič, D., Hostnik, P., Toplak, N., Koren, S., Kuhar, U., ... & Steyer, A. (2018). Identification of novel reassortant mammalian orthoreoviruses from bats in Slovenia. *BMC veterinary research*, 14, 1-10.
- Nagy, A., Basiouni, S., Parvin, R., Hafez, H. M., & Shehata, A. A. (2021). Evolutionary insights into the furin cleavage sites of SARS-CoV-2 variants from humans and animals. *Archives of Virology*, 166, 2541-2549.
- Nahata, K. D., Bollen, N., Gill, M. S., Layan, M., Bourhy, H., Dellicour, S., & Baele, G. (2021). On the use of phylogeographic inference to infer the dispersal history of rabies virus: a review study. *Viruses*, 13(8), 1628.
- Nakagawa, S., & Miyazawa, T. (2020). Genome evolution of SARS-CoV-2 and its virological characteristics. *Inflammation and regeneration*, 40(1), 17.
- Narh, C. A. (2020). Genomic cues from beta-coronaviruses and mammalian hosts sheds light on probable origins and infectivity of SARS-CoV-2 causing COVID-19. *Frontiers in Genetics*, 11, 568187.
- Negrodo, A., Palacios, G., Vázquez-Morón, S., González, F., Dopazo, H., Molero, F., ... & Tenorio, A. (2011). Discovery of an ebolavirus-like filovirus in europe. *PLoS pathogens*, 7(10), e1002304.
- Neill, W. A., & Kading, R. C. (2021). Investigations on Vector-Borne and Aerosol Transmission Potential of Kaeng Khoi Virus in Cave-Dwelling Wrinkle-Lipped Free-Tailed Bats (*Chaerephon Plicatus*) in Thailand. *Microorganisms*, 9(10), 2022.
- Neubaum, M. A., Shankar, V., Douglas, M. R., Douglas, M. E., O'Shea, T. J., & Rupprecht, C. E. (2008). An analysis of correspondence between unique rabies virus variants and divergent big brown bat (*Eptesicus fuscus*) mitochondrial DNA lineages. *Archives of virology*, 153, 1139-1142.
- Ng, J. H., & Baker, M. L. (2013). Bats and bat-borne diseases: a perspective on Australian megabats. *Australian journal of zoology*, 61(1), 48-57.
- Ng, M., Ndungo, E., Kaczmarek, M. E., Herbert, A. S., Binger, T., Kuehne, A. I., ... & Chandran, K. (2015). Filovirus receptor NPC1 contributes to species-specific patterns of ebolavirus susceptibility in bats. *Elife*, 4, e11785.
- Ng, T. F. F., Driscoll, C., Carlos, M. P., Prioleau, A., Schmieder, R., Dwivedi, B., ... & Delwart, E. (2013). Distinct lineage of vesiculovirus from big brown bats, United States. *Emerging infectious diseases*, 19(12), 1978.

- Nie, F. Y., Lin, X. D., Hao, Z. Y., Chen, X. N., Wang, Z. X., Wang, M. R., ... & Zhang, Y. Z. (2018). Extensive diversity and evolution of hepadnaviruses in bats in China. *Virology*, 514, 88-97.
- Nie, J., Li, Q., Zhang, L., Cao, Y., Zhang, Y., Li, T., ... & Wang, Y. (2021). Functional comparison of SARS-CoV-2 with closely related pangolin and bat coronaviruses. *Cell discovery*, 7(1), 21.
- Nielsen, J. R., & Lazear, H. M. (2020). Antiviral effector RTP4 bats against flaviviruses. *Immunity*, 53(6), 1133-1135. *Acta Biomedica Scientifica*, 5(6), 271-275.
- Niemeyer, D., Mösbauer, K., Klein, E. M., Sieberg, A., Mettelman, R. C., Mielech, A. M., ... & Müller, M. A. (2018). The papain-like protease determines a virulence trait that varies among members of the SARS-coronavirus species. *PLoS pathogens*, 14(9), e1007296.
- Nieto-Rabiela, F., Rico-Chávez, O., Suzán, G., & Stephens, C. R. (2021). Niche theory-based modeling of assembly processes of viral communities in bats. *Ecology and Evolution*, 11(11), 6305-6314.
- Nieto-Rabiela, F., Suzán, G., Wiratsudakul, A., & Rico-Chávez, O. (2018). Viral metacommunities associated to bats and rodents at different spatial scales. *Community ecology*, 19(2), 168-175.
- Nieto-Rabiela, F., Wiratsudakul, A., Suzán, G., & Rico-Chávez, O. (2019). Viral networks and detection of potential zoonotic viruses in bats and rodents: A worldwide analysis. *Zoonoses and public health*, 66(6), 655-666.
- Nieuwenhuijs, J., Haagsma, J., & Lina, P. (1992). Epidemiology and control of rabies in bats in The Netherlands. *Revue Scientifique et Technique-office International des epizooties*, 11, 1155-1155.
- Noah, D. L., Drenzek, C. L., Smith, J. S., Krebs, J. W., Orciari, L., Shaddock, J., ... & Childs, J. E. (1998). Epidemiology of human rabies in the United States, 1980 to 1996. *Annals of internal medicine*, 128(11), 922-930.
- Nobach, D., & Herden, C. (2020). No evidence for European bats serving as reservoir for Borna disease virus 1 or other known mammalian orthobornaviruses. *Virology journal*, 17, 1-6.
- Noguchi, K., Kuwata, R., Shimoda, H., Mizutani, T., Hondo, E., & Maeda, K. (2019). The complete genomic sequence of *Rhinolophus gammaherpesvirus 1* isolated from a greater horseshoe bat. *Archives of virology*, 164, 317-319.
- Noh, J. Y., Jeong, D. G., Yoon, S. W., Kim, J. H., Choi, Y. G., Kang, S. Y., & Kim, H. K. (2018). Isolation and characterization of novel bat paramyxovirus B16-40 potentially belonging to the proposed genus Shaanvirus. *Scientific reports*, 8(1), 12533.
- Noh, J. Y., Yoon, S. W., Kim, D. J., Lee, M. S., Kim, J. H., Na, W., ... & Kim, H. K. (2017). Simultaneous detection of severe acute respiratory syndrome, Middle

East respiratory syndrome, and related bat coronaviruses by real-time reverse transcription PCR. *Archives of virology*, 162, 1617-1623.

- Nokireki, T., Huovilainen, A., Lilley, T., Kyheröinen, E. M., Ek-Kommonen, C., Sihvonen, L., & Jakava-Viljanen, M. (2013). Bat rabies surveillance in Finland. *BMC veterinary research*, 9, 1-8.
- Nokireki, T., Sironen, T., Smura, T., Karkamo, V., Sihvonen, L., & Gadd, T. (2017). Second case of European bat lyssavirus type 2 detected in a Daubenton's bat in Finland. *Acta veterinaria scandinavica*, 59, 1-4.
- Nokireki, T., Tammiranta, N., Kokkonen, U. M., Kantala, T., & Gadd, T. (2018). Tentative novel lyssavirus in a bat in Finland. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(3), 593-596.
- Nolden, T., Banyard, A. C., Finke, S., Fooks, A. R., Hanke, D., Höper, D., ... & Freuling, C. M. (2014). Comparative studies on the genetic, antigenic and pathogenic characteristics of Bokeloh bat lyssavirus. *Journal of General Virology*, 95(8), 1647-1653.
- Novel, F. S. R. M. (2012). Metagenomic Analysis of Viruses from Bat. *J. Virol*, 86(8), 4620.
- Nyakarahuka, L., Ojwang, J., Tumusiime, A., Balinandi, S., Whitmer, S., Kyazze, S., ... & Shoemaker, T. R. (2017). Isolated case of Marburg virus disease, Kampala, Uganda, 2014. *Emerging Infectious Diseases*, 23(6), 1001.
- Nyakarahuka, L., Schafer, I. J., Balinandi, S., Mulei, S., Tumusiime, A., Kyondo, J., ... & Shoemaker, T. (2020). A retrospective cohort investigation of seroprevalence of Marburg virus and ebolaviruses in two different ecological zones in Uganda. *BMC Infectious Diseases*, 20, 1-9.
- Nyakarahuka, L., Shoemaker, T. R., Balinandi, S., Chemos, G., Kwesiga, B., Mulei, S., ... & Lutwama, J. J. (2019). Marburg virus disease outbreak in Kween District Uganda, 2017: Epidemiological and laboratory findings. *PLoS neglected tropical diseases*, 13(3), e0007257.
- Nzivo, M. M., & Budambula, N. (2021). Mutations and Epidemiology of SARS-CoV-2 Compared to Selected Corona Viruses during the First Six Months of the COVID-19 Pandemic: A Review.
- Nziza, J., Goldstein, T., Cranfield, M., Webala, P., Nsengimana, O., Nyatanyi, T., ... & Gilardi, K. (2020). Coronaviruses detected in bats in close contact with humans in Rwanda. *Ecohealth*, 17, 152-159.
- O'Dea, M. A., Tu, S. L., Pang, S., De Ridder, T., Jackson, B., & Upton, C. (2016). Genomic characterization of a novel poxvirus from a flying fox: evidence for a new genus?. *Journal of General Virology*, 97(9), 2363-2375.
- O'Shea, T. J., Bowen, R. A., Stanley, T. R., Shankar, V., & Rupprecht, C. E. (2014). Variability in seroprevalence of rabies virus neutralizing antibodies and associated factors in a Colorado population of big brown bats (*Eptesicus fuscus*). *PloS one*, 9(1), e86261.

- Obameso, J. O., Li, H., Jia, H., Han, M., Zhu, S., Huang, C., ... & Gao, G. F. (2017). The persistent prevalence and evolution of cross-family recombinant coronavirus GCCDC1 among a bat population: a two-year follow-up. *Science China Life Sciences*, 60, 1357-1363.
- Oberhuber, M., Schopf, A., Hennrich, A. A., Santos-Mandujano, R., Huhn, A. G., Seitz, S., ... & Conzelmann, K. K. (2021). Glycoproteins of predicted amphibian and reptile lyssaviruses can mediate infection of mammalian and reptile cells. *Viruses*, 13(9), 1726.
- Obregón-Morales, C., Aguilar-Setién, Á., Martínez, L. P., Galvez-Romero, G., Martínez-Martínez, F. O., & Aréchiga-Ceballos, N. (2017). Experimental infection of *Artibeus intermedius* with a vampire bat rabies virus. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 52, 43-47.
- Oelofsen, M. J., & Smith, M. S. (1993). Rabies and bats in a rabies-endemic area of southern Africa: application of two commercial test kits for antigen and antibody detection.
- Oelofsen, M. J., & Van der Ryst, E. (1999). Could bats act as reservoir hosts for Rift Valley fever virus?
- Ogawa, H., Kajihara, M., Nao, N., Shigeno, A., Fujikura, D., Hang'Ombe, B. M., ... & Takada, A. (2017). Characterization of a novel bat adenovirus isolated from straw-colored fruit bat (*Eidolon helvum*). *Viruses*, 9(12), 371.
- Ohemeng, F., Lawson, E. T., Ayivor, J., Leach, M., Waldman, L., & Ntiamoa-Baidu, Y. (2017). Socio-cultural determinants of human–bat interactions in rural Ghana. *Anthrozoös*, 30(2), 181-194.
- Ohimain, E. I. (2021). Ecology of Ebolaviruses. *Current Opinion in Pharmacology*, 60, 66-71.
- Olival, K. J., & Hayman, D. T. (2014). Filoviruses in bats: current knowledge and future directions. *Viruses*, 6(4), 1759-1788.
- Olival, K. J., Hosseini, P. R., Zambrana-Torrel, C., Ross, N., Bogich, T. L., & Daszak, P. (2017). Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature*, 546(7660), 646-650.
- Olival, K. J., Islam, A., Yu, M., Anthony, S. J., Epstein, J. H., Khan, S. A., ... & Daszak, P. (2013). Ebola virus antibodies in fruit bats, Bangladesh. *Emerging infectious diseases*, 19(2), 270.
- Olival, K. J., Latinne, A., Islam, A., Epstein, J. H., Hersch, R., Engstrand, R. C., ... & Daszak, P. (2020). Population genetics of fruit bat reservoir informs the dynamics, distribution and diversity of Nipah virus. *Molecular ecology*, 29(5), 970-985.
- Oliveira, R. N., Freire, C. C., Iamarino, A., Zanotto, P. M., Pessoa, R., Sanabani, S. S., ... & Brandão, P. E. (2020). Rabies virus diversification in aerial and terrestrial mammals. *Genetics and Molecular Biology*, 43, e20190370.

- Oliveira, R. S. D., Costa, L. J. C. D., Andrade, F. A. G. D., Uieda, W., Martorelli, L. F. A., Kataoka, A. P. D. A. G., ... & Fernandes, M. E. B. (2015). Virological and serological diagnosis of rabies in bats from an urban area in the Brazilian Amazon. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 57, 497-503.
- Olivero, J., Fa, J. E., Farfán, M. Á., Márquez, A. L., Real, R., Juste, F. J., ... & Nasi, R. (2020). Human activities link fruit bat presence to Ebola virus disease outbreaks. *Mammal Review*, 50(1), 1-10.
- Olnhausen, L. R., & Gannon, M. R. (2004). An evaluation of bat rabies prevention in the United States, based on an analysis from Pennsylvania. *Acta chiropterologica*, 6(1), 163-168.
- Olson, J. G., Rupprecht, C., Rollin, P. E., An, U. S., Niezgoda, M., Clemins, T., ... & Ksiazek, T. G. (2002). Antibodies to Nipah-like virus in bats (*Pteropus lylei*), Cambodia. *Emerging infectious diseases*, 8(9), 987.
- Olson, S. H., Bounga, G., Ondzie, A., Bushmaker, T., Seifert, S. N., Kuisma, E., ... & Walzer, C. (2019). Lek-associated movement of a putative Ebolavirus reservoir, the hammer-headed fruit bat (*Hypsignathus monstrosus*), in northern Republic of Congo. *Plos one*, 14(10), e0223139.
- Omatsu, T., Watanabe, S., Akashi, H., & Yoshikawa, Y. (2007). Biological characters of bats in relation to natural reservoir of emerging viruses. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 30(5-6), 357-374.
- Ondrejškova, A. N. N. A., Franka, R. I. C. H. A. R. D., Ondrejka, R. Ó. B. E. R. T., Svrcek, S., Suli, J., Benisek, Z., ... & Bourhy, H. E. R. V. É. (2004). Identification of a lyssavirus isolate from a bat (*Eptesicus serotinus*). *Bulletin-Veterinary Institute in Pulawy*, 48(1), 11-14.
- Ono, E. A. D., Taniwaki, S. A., & Brandão, P. (2017). Short interfering RNAs targeting a vampire-bat related rabies virus phosphoprotein mRNA. *brazilian journal of microbiology*, 48, 566-569.
- Orbanz, J., & Finke, S. (2010). Generation of recombinant European bat lyssavirus type 1 and inter-genotypic compatibility of lyssavirus genotype 1 and 5 antigenome promoters. *Archives of virology*, 155, 1631-1641.
- Orlando, S. A., Panchana, V. F., Calderón, J. L., Muñoz, O. S., Campos, D. N., Torres-Lasso, P. R., ... & Quentin, E. (2019). Risk factors associated with attacks of hematophagous bats (*Desmodus rotundus*) on cattle in Ecuador. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 19(6), 407-413.
- Orłowska, A., Smreczak, M., Freuling, C. M., Müller, T., Trębas, P., & Rola, J. (2020). Serological survey of lyssaviruses in polish bats in the frame of passive rabies surveillance using an enzyme-linked immunosorbent assay. *Viruses*, 12(3), 271.
- Orłowska, A., Smreczak, M., Potyrało, P., Bomba, A., Trębas, P., & Rola, J. (2021). First detection of bat astroviruses (BtAstVs) among bats in Poland: The

genetic BtAstVs diversity reveals multiple co-infection of bats with different strains. *Viruses*, 13(2), 158.

- Ortiz-Prado, E., Ponce-Zea, J., Ramirez, D., Stewart-Ibarra, A. M., Armijos, L., Yockteng, J., & Cárdenas, W. B. (2016). Rabies epidemiology and control in Ecuador. *Global Journal of Health Science*, 8(3), 113.
- Osborne, C., Cryan, P. M., O'Shea, T. J., Oko, L. M., Ndaluka, C., Calisher, C. H., ... & Dominguez, S. R. (2011). Alphacoronaviruses in New World bats: prevalence, persistence, phylogeny, and potential for interaction with humans. *PloS one*, 6(5), e19156.
- Osborne, J. C., Rupprecht, C. E., Olson, J. G., Ksiazek, T. G., Rollin, P. E., Niezgodna, M., ... & Nichol, S. T. (2003). Isolation of Kaeng Khoi virus from dead *Chaerephon plicata* bats in Cambodia. *Journal of General Virology*, 84(10), 2685-2689.
- Oude Munnink, B. B., Phan, M. V., van der Hoek, L., Kellam, P., & Cotten, M. (2016). Genome sequences of a novel Vietnamese bat bunyavirus. *Genome announcements*, 4(6), 10-1128.
- Padhan, K., Parvez, M. K., & Al-Dosari, M. S. (2021). Comparative sequence analysis of SARS-CoV-2 suggests its high transmissibility and pathogenicity. *Future Virology*, 16(3), 245-254.
- Páez, A., Nuñez, C., García, C., & Boshell, J. (2003). Epidemiología molecular de epizootias de rabia en Colombia, 1994-2002: evidencia de rabia humana y canina asociada con quirópteros. *Biomédica*, 23(1), 19-30.
- Páez, A., Nuñez, C., García, C., & Bóshell, J. (2003). Molecular epidemiology of rabies epizootics in Colombia: evidence for human and dog rabies associated with bats. *Journal of General Virology*, 84(4), 795-802.
- Páez, A., Velasco-Villa, A., Rey, G., & Rupprecht, C. E. (2007). Molecular epidemiology of rabies in Colombia 1994–2005 based on partial nucleoprotein gene sequences. *Virus Research*, 130(1-2), 172-181.
- Paez, D. J., Giles, J., McCallum, H., Field, H., Jordan, D., Peel, A. J., & Plowright, R. K. (2017). Conditions affecting the timing and magnitude of Hendra virus shedding across pteropodid bat populations in Australia. *Epidemiology & Infection*, 145(15), 3143-3153.
- Paige Brock, A., Cortés-Hinojosa, G., Plummer, C. E., Conway, J. A., Roff, S. R., Childress, A. L., & Wellehan Jr, J. F. (2013). A novel gammaherpesvirus in a large flying fox (*Pteropus vampyrus*) with blepharitis. *Journal of veterinary diagnostic investigation*, 25(3), 433-437.
- Pape, W. J., Fitzsimmons, T. D., & Hoffman, R. E. (1999). Risk for rabies transmission from encounters with bats, Colorado, 1977-1996. *Emerging infectious diseases*, 5(3), 433.
- Parize, P., Travedo Robledo, I. C., Cervantes-Gonzalez, M., Kergoat, L., Larrous, F., Serra-Cobo, J., ... & Bourhy, H. (2020). Circumstances of Human–

- Bat interactions and risk of lyssavirus transmission in metropolitan France. *Zoonoses and Public Health*, 67(7), 774-784.
- Parker, E. K., Dowda, H., Redden, S. E., Tolson, M. W., Turner, N., & Kemick, W. (1999). Bat rabies in South Carolina, 1970–90. *Journal of wildlife diseases*, 35(3), 557-564.
 - Parolin, C., Virtuoso, S., Giovanetti, M., Angeletti, S., Ciccozzi, M., & Borsetti, A. (2021). Animal hosts and experimental models of SARS-CoV-2 infection. *Chemotherapy*, 66(1-2), 8-16.
 - Paskey, A. C., Ng, J. H., Rice, G. K., Chia, W. N., Philipson, C. W., Foo, R. J., ... & Bishop-Lilly, K. A. (2020). Detection of recombinant *Rousettus* bat coronavirus GCCDC1 in lesser dawn bats (*Eonycteris spelaea*) in Singapore. *Viruses*, 12(5), 539.
 - Paskey, A. C., Ng, J. H., Rice, G. K., Chia, W. N., Philipson, C. W., Foo, R. J., ... & Bishop-Lilly, K. A. (2020). The temporal RNA virome patterns of a lesser dawn bat (*Eonycteris spelaea*) colony revealed by deep sequencing. *Virus Evolution*, 6(1), veaa017.
 - Passos, E. C., Carrieri, M. L., Dainovskas, E., Camara, M., & Silva, M. (1998). Isolamento do vírus rábico em morcego insetívoro, *Nyctinomops macrotis*, no município de Diadema, SP (Brasil). *Revista de Saúde Pública*, 32, 74-76.
 - Paterson, D. L., Murray, P. K., & McCormack, J. G. (1998). Zoonotic disease in Australia caused by a novel member of the Paramyxoviridae. *Clinical infectious diseases*, 27(1), 112-118.
 - Patyk, K., Turmelle, A., Blanton, J. D., & Rupprecht, C. E. (2012). Trends in national surveillance data for bat rabies in the United States: 2001–2009. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 12(8), 666-673.
 - Pauly, M., Pir, J. B., Loesch, C., Sausy, A., Snoeck, C. J., Hübschen, J. M., & Muller, C. P. (2017). Novel alphacoronaviruses and paramyxoviruses cocirculate with type 1 and severe acute respiratory system (SARS)-related betacoronaviruses in synanthropic bats of Luxembourg. *Applied and environmental microbiology*, 83(18), e01326-17.
 - Pavlovich, S. S., Lovett, S. P., Koroleva, G., Guito, J. C., Arnold, C. E., Nagle, E. R., ... & Palacios, G. (2018). The Egyptian rousette genome reveals unexpected features of bat antiviral immunity. *Cell*, 173(5), 1098-1110.
 - Pawcska, J. T., van Vuren, P. J., Kemp, A., Storm, N., Grobbelaar, A. A., Wiley, M. R., ... & Markotter, W. (2018). Marburg Virus Infection in Egyptian Rousette Bats, South Africa, 2013-20141. *Emerging Infectious Diseases*, 24(6), 1134-1138.
 - Paweska, J. T., Blumberg, L. H., Liebenberg, C., Hewlett, R. H., Grobbelaar, A. A., Leman, P. A., ... & Swanepoel, R. (2006). Fatal human infection with rabies-related Duvenhage virus, South Africa. *Emerging Infectious Diseases*, 12(12), 1965.

- Paweska, J. T., Jansen van Vuren, P., Fenton, K. A., Graves, K., Grobbelaar, A. A., Moolla, N., ... & Kemp, A. (2015). Lack of Marburg virus transmission from experimentally infected to susceptible in-contact Egyptian fruit bats. *The Journal of infectious diseases*, 212(suppl_2), S109-S118.
- Paweska, J. T., Jansen van Vuren, P., Masumu, J., Leman, P. A., Grobbelaar, A. A., Birkhead, M., ... & Kemp, A. (2012). Virological and serological findings in *Rousettus aegyptiacus* experimentally inoculated with vero cells-adapted hogan strain of Marburg virus.
- Paweska, J. T., Storm, N., Grobbelaar, A. A., Markotter, W., Kemp, A., & Jansen van Vuren, P. (2016). Experimental inoculation of Egyptian fruit bats (*Rousettus aegyptiacus*) with Ebola virus. *Viruses*, 8(2), 29.
- Paweska, J. T., Storm, N., Markotter, W., Di Paola, N., Wiley, M. R., Palacios, G., & van Vuren, P. J. (2020). Shedding of marburg virus in naturally infected egyptian rousette bats, South Africa, 2017. *Emerging infectious diseases*, 26(12), 3051.
- Pearce, R. D., O'Shea, T. J., Shankar, V., & Rupprecht, C. E. (2007). Lack of association between ectoparasite intensities and rabies virus neutralizing antibody seroprevalence in wild big brown bats (*Eptesicus fuscus*), Fort Collins, Colorado. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 7(4), 489-496.
- Peel, A. J., Baker, K. S., Crameri, G., Barr, J. A., Hayman, D. T., Wright, E., ... & Wood, J. L. (2012). Henipavirus neutralising antibodies in an isolated island population of African fruit bats. *PloS one*, 7(1), e30346.
- Peel, A. J., Baker, K. S., Hayman, D. T., Broder, C. C., Cunningham, A. A., Fooks, A. R., ... & Restif, O. (2018). Support for viral persistence in bats from age-specific serology and models of maternal immunity. *Scientific reports*, 8(1), 3859.
- Peel, A. J., Baker, K. S., Hayman, D. T., Suu-Ire, R., Breed, A. C., Gembu, G. C., ... & Wood, J. L. (2016). Bat trait, genetic and pathogen data from large-scale investigations of African fruit bats, *Eidolon helvum*. *Scientific data*, 3(1), 1-11.
- Peel, A. J., McKinley, T. J., Baker, K. S., Barr, J. A., Crameri, G., Hayman, D. T., ... & Wood, J. L. (2013). Use of cross-reactive serological assays for detecting novel pathogens in wildlife: assessing an appropriate cutoff for henipavirus assays in African bats. *Journal of virological methods*, 193(2), 295-303.
- Peel, A. J., Sargan, D. R., Baker, K. S., Hayman, D. T., Barr, J. A., Crameri, G., ... & Cunningham, A. A. (2013). Continent-wide panmixia of an African fruit bat facilitates transmission of potentially zoonotic viruses. *Nature communications*, 4(1), 2770.
- Peel, A. J., Wells, K., Giles, J., Boyd, V., Burroughs, A., Edson, D., ... & Clark, N. (2019). Synchronous shedding of multiple bat paramyxoviruses coincides with peak periods of Hendra virus spillover. *Emerging microbes & infections*, 8(1), 1314-1323.

- Perea-Martínez, L., Moreno-Sandoval, H. N., Moreno-Altamirano, M. M., Salas-Rojas, M., García-Flores, M. M., Aréchiga-Ceballos, N., ... & Aguilar-Setién, A. (2013). Experimental infection of *Artibeus intermedius* bats with serotype-2 dengue virus. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 36(2), 193-198.
- Pereira, A. D. S., Casseb, L. M. N., Barbosa, T. F. S., Begot, A. L., Brito, R. M. O., Vasconcelos, P. F. D. C., & Travassos da Rosa, E. S. (2017). Rabies virus in bats, State of Pará, Brazil, 2005–2011. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(8), 576-581.
- Pérez-Jordá, J. L., Ibáñez, C., Muñoz-Cervera, M., & Téllez, A. (1995). Lyssavirus in *Eptesicus serotinus* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Journal of wildlife diseases*, 31(3), 372-377.
- Periasamy, P., Hutchinson, P. E., Chen, J., Bonne, I., Shahul Hameed, S. S., Selvam, P., ... & Alonso, S. (2019). Studies on B cells in the fruit-eating black flying fox (*Pteropus alecto*). *Frontiers in immunology*, 10, 413189.
- Pernet, O., Schneider, B. S., Beaty, S. M., LeBreton, M., Yun, T. E., Park, A., ... & Lee, B. (2014). Evidence for henipavirus spillover into human populations in Africa. *Nature communications*, 5(1), 5342.
- Perrin, P., Gontier, C., Lecocq, E., & Bourhy, H. (1992). A modified rapid enzyme immunoassay for the detection of rabies and rabies-related viruses: RREID-lyssa. *Biologicals*, 20(1), 51-58.
- Peters, C., Isaza, R., Heard, D. J., Davis, R. D., Moore, S. M., & Briggs, D. J. (2004). Vaccination of egyptian fruit bats (*Rousettus aegyptiacus*) with monovalent inactivated rabies vaccine. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 35(1), 55-59.
- Peterson, A. T., Carroll, D. S., Mills, J. N., & Johnson, K. M. (2004). Potential mammalian filovirus reservoirs. *Emerging infectious diseases*, 10(12), 2073.
- Pfefferle, S., Oppong, S., Drexler, J. F., Gloza-Rausch, F., Ipsen, A., Seebens, A., ... & Drosten, C. (2009). Distant relatives of severe acute respiratory syndrome coronavirus and close relatives of human coronavirus 229E in bats, Ghana. *Emerging infectious diseases*, 15(9), 1377.
- Phelps, K. L., Hamel, L., Alhmoud, N., Ali, S., Bilgin, R., Sidamonidze, K., ... & Olival, K. J. (2019). Bat research networks and viral surveillance: gaps and opportunities in Western Asia. *Viruses*, 11(3), 240.
- Philbey, A. W., Kirkland, P. D., Ross, A. D., Davis, R. J., Gleeson, A. B., Love, R. J., ... & Hyatt, A. D. (1998). An apparently new virus (family Paramyxoviridae) infectious for pigs, humans, and fruit bats. *Emerging infectious diseases*, 4(2), 269.
- Philbey, A. W., Kirkland, P. D., Ross, A. D., Field, H. E., Srivastava, M., Davis, R. J., & Love, R. J. (2008). Infection with Menangle virus in flying foxes (*Pteropus spp.*) in Australia. *Australian veterinary journal*, 86(11), 449-454.

- Piaggio, A. J., Russell, A. L., Osorio, I. A., Jiménez Ramírez, A., Fischer, J. W., Neuwald, J. L., ... & McCracken, G. F. (2017). Genetic demography at the leading edge of the distribution of a rabies virus vector. *Ecology and Evolution*, 7(14), 5343-5351.
- Picard-Meyer, E., Barrat, J., Tissot, E., Barrat, M. J., Bruyere, V., & Cliquet, F. (2004). Genetic analysis of European bat lyssavirus type 1 isolates from France. *Veterinary record*, 154(19), 589-595.
- Picard-Meyer, E., Barrat, J., Wasniewski, M., Wandeler, A., Nadin-Davis, S., Lowings, J. P., ... & Cliquet, F. (2004). Epidemiology of rabid bats in France, 1989 to. *The Veterinary Record*, 155, 774-777.
- Picard-Meyer, E., Beven, V., Hirschaud, E., Guillaume, C., Larcher, G., Robardet, E., ... & Cliquet, F. (2019). Lleida Bat Lyssavirus isolation in *Miniopterus schreibersii* in France. *Zoonoses and public health*, 66(2), 254-258.
- Picard-Meyer, E., Bruyere, V., Barrat, J., Tissot, E., Barrat, M. J., & Cliquet, F. (2004). Development of a hemi-nested RT-PCR method for the specific determination of European Bat Lyssavirus 1: comparison with other rabies diagnostic methods. *Vaccine*, 22(15-16), 1921-1929.
- Picard-Meyer, E., Dubourg-Savage, M. J., Arthur, L., Barataud, M., Bécu, D., Bracco, S., ... & Cliquet, F. (2011). Active surveillance of bat rabies in France: A 5-year study (2004–2009). *Veterinary Microbiology*, 151(3-4), 390-395.
- Picard-Meyer, E., Robardet, E., Arthur, L., Larcher, G., Harbusch, C., Servat, A., & Cliquet, F. (2014). Bat rabies in France: a 24-year retrospective epidemiological study. *PloS one*, 9(6), e98622.
- Picard-Meyer, E., Servat, A., Robardet, E., Moinet, M., Borel, C., & Cliquet, F. (2013). Isolation of Bokeloh bat lyssavirus in *Myotis nattereri* in France. *Archives of virology*, 158, 2333-2340.
- Pieracci, E. G., Brown, J. A., Bergman, D. L., Gilbert, A., Wallace, R. M., Blanton, J. D., ... & Chipman, R. B. (2020). Evaluation of species identification and rabies virus characterization among bat rabies cases in the United States. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 256(1), 77-84.
- Pigott, D. M., Golding, N., Mylne, A., Huang, Z., Weiss, D. J., Brady, O. J., ... & Hay, S. I. (2015). Mapping the zoonotic niche of Marburg virus disease in Africa. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 109(6), 366-378.
- Pigott, D. M., Millel, A. I., Earl, L., Morozoff, C., Han, B. A., Shearer, F. M., ... & Hay, S. I. (2016). Updates to the zoonotic niche map of Ebola virus disease in Africa. *Elife*, 5, e16412.
- Pilipski, J. D., Pilipski, L. M., & Risley, L. S. (2004). West Nile virus antibodies in bats from New Jersey and New York. *Journal of Wildlife Diseases*, 40(2), 335-337.

- Pinero, C., Gury Dohmen, F., Beltran, F., Martinez, L., Novaro, L., Russo, S., ... & Cisterna, D. M. (2012). High diversity of rabies viruses associated with insectivorous bats in Argentina: presence of several independent enzootics. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(5), e1635.
- Platt, K. B., Mangiafico, J. A., Rocha, O. J., Zaldivar, M. E., Mora, J., Trueba, G., & Rowley, W. A. (2000). Detection of dengue virus neutralizing antibodies in bats from Costa Rica and Ecuador. *Journal of medical entomology*, 37(6), 965-967.
- Platto, S., Wang, Y., Zhou, J., & Carafoli, E. (2021). History of the COVID-19 pandemic: Origin, explosion, worldwide spreading. *Biochemical and biophysical research communications*, 538, 14-23.
- Plowright, R. K., Becker, D. J., Crowley, D. E., Washburne, A. D., Huang, T., Nameer, P. O., ... & Han, B. A. (2019). Prioritizing surveillance of Nipah virus in India. *PLoS neglected tropical diseases*, 13(6), e0007393.
- Plowright, R. K., Eby, P., Hudson, P. J., Smith, I. L., Westcott, D., Bryden, W. L., ... & McCallum, H. (2015). Ecological dynamics of emerging bat virus spillover. *Proceedings of the royal society B: biological sciences*, 282(1798), 20142124.
- Plowright, R. K., Field, H. E., Smith, C., Divljan, A., Palmer, C., Tabor, G., ... & Foley, J. E. (2008). Reproduction and nutritional stress are risk factors for Hendra virus infection in little red flying foxes (*Pteropus scapulatus*). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275(1636), 861-869.
- Plowright, R. K., Foley, P., Field, H. E., Dobson, A. P., Foley, J. E., Eby, P., & Daszak, P. (2011). Urban habituation, ecological connectivity and epidemic dampening: the emergence of Hendra virus from flying foxes (*Pteropus spp.*). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278(1725), 3703-3712.
- Poel, W. H. V. D., Lina, P. H., & Kramps, J. A. (2006). Public health awareness of emerging zoonotic viruses of bats: a European perspective. *Vector-Borne & Zoonotic Diseases*, 6(4), 315-324.
- Pons-Salort, M., Serra-Cobo, J., Jay, F., Lopez-Roig, M., Lavenir, R., Guillemot, D., ... & Opatowski, L. (2014). Insights into persistence mechanisms of a zoonotic virus in bat colonies using a multispecies metapopulation model. *PLoS one*, 9(4), e95610.
- Poole, D. S., Yú, S., Cai, Y., Dinis, J. M., Müller, M. A., Jordan, I., ... & Mehle, A. (2014). Influenza A virus polymerase is a site for adaptive changes during experimental evolution in bat cells. *Journal of virology*, 88(21), 12572-12585.
- Poon, L. L., Chu, D. K., Chan, K. H., Wong, O. K., Ellis, T. M., Leung, Y. H. C., ... & Peiris, J. S. M. (2005). Identification of a novel coronavirus in bats. *Journal of virology*, 79(4), 2001-2009.

- Postel, A., Smith, D. B., & Becher, P. (2021). Proposed update to the taxonomy of Pestiviruses: Eight additional species within the genus Pestivirus, family Flaviviridae. *Viruses*, 13(8), 1542.
- Pounder, D. J. (2003). Rabies, lassaviruses and bats. *Scottish medical journal*, 48(4), 99-101.
- Pourrut, X., Délicat, A., Rollin, P. E., Ksiazek, T. G., Gonzalez, J. P., & Leroy, E. M. (2007). Spatial and temporal patterns of Zaire ebolavirus antibody prevalence in the possible reservoir bat species. *The Journal of infectious diseases*, 196(Supplement_2), S176-S183.
- Pourrut, X., Souris, M., Towner, J. S., Rollin, P. E., Nichol, S. T., Gonzalez, J. P., & Leroy, E. (2009). Large serological survey showing cocirculation of Ebola and Marburg viruses in Gabonese bat populations, and a high seroprevalence of both viruses in *Rousettus aegyptiacus*. *BMC infectious diseases*, 9, 1-10.
- Povolayeva, O., Yurkov, S., Lapteva, O., Kolbasova, O., Chadaeva, A., Kol'Tsov, A., ... & Lunitsin, A. (2021). Biological characteristics and permissiveness to viruses of diploid kidney cells strain from the bat *Nathusius' pipistrelle* (*Pipistrellus nathusii* Keyserling & Blasius, 1839; Chiroptera: Microchiroptera: Vespertilionidae).
- Pozo, F., Juste, J., Vázquez-Morón, S., Aznar-López, C., Ibáñez, C., Garin, I., ... & Echevarría, J. E. (2016). Identification of novel betaherpesviruses in Iberian bats reveals parallel evolution. *PLoS One*, 11(12), e0169153.
- Prada, D., Boyd, V., Baker, M. L., O'Dea, M., & Jackson, B. (2019). Viral diversity of microbats within the south west botanical province of Western Australia. *Viruses*, 11(12), 1157.
- Prada, D., Boyd, V., Baker, M., Jackson, B., & O'Dea, M. (2019). Insights into Australian bat lyssavirus in insectivorous bats of Western Australia. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 4(1), 46.
- Pramod, R. K., Nair, A. V., Tambare, P. K., Chauhan, K., Kumar, T. V., Rajan, R. A., ... & Pandey, A. K. (2021). Reverse zoonosis of coronavirus disease-19: Present status and the control by one health approach. *Veterinary World*, 14(10), 2817.
- Prasad, A. N., Ronk, A. J., Widen, S. G., Wood, T. G., Basler, C. F., & Bukreyev, A. (2020). Ebola virus produces discrete small noncoding RNAs independently of the host microRNA pathway which lack RNA interference activity in bat and human cells. *Journal of virology*, 94(6), 10-1128.
- Prathiviraj, R., Kiran, G. S., & Selvin, J. (2020). Phylogenomic proximity and comparative proteomic analysis of SARS-CoV-2. *Gene reports*, 20, 100777.
- Prescott, J., Guito, J. C., Spengler, J. R., Arnold, C. E., Schuh, A. J., Amman, B. R., ... & Towner, J. S. (2019). Rousette bat dendritic cells overcome marburg virus-mediated antiviral responses by upregulation of interferon-related genes

while downregulating proinflammatory disease mediators. *MSphere*, 4(6), 10-1128.

- Preuss, M. A., Faber, M. L., Tan, G. S., Bette, M., Dietzschold, B., Weihe, E., & Schnell, M. J. (2009). Intravenous inoculation of a bat-associated rabies virus causes lethal encephalopathy in mice through invasion of the brain via neurosecretory hypothalamic fibers. *PLoS pathogens*, 5(6), e1000485.
- Pritchard, L. I., Chua, K. B., Cummins, D., Hyatt, A., Crameri, G., Eaton, B. T., & Wang, L. F. (2006). Pulau virus; a new member of the Nelson Bay orthoreovirus species isolated from fruit bats in Malaysia. *Archives of virology*, 151, 229-239.
- Pulliam, J. R., Epstein, J. H., Dushoff, J., Rahman, S. A., Bunning, M., Jamaluddin, A. A., ... & Daszak, P. (2012). Agricultural intensification, priming for persistence and the emergence of Nipah virus: a lethal bat-borne zoonosis. *Journal of the Royal Society Interface*, 9(66), 89-101.
- Qian, Z., Dominguez, S. R., & Holmes, K. V. (2013). Role of the spike glycoprotein of human Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) in virus entry and syncytia formation. *PloS one*, 8(10), e76469.
- Quan, P. L., Firth, C., Conte, J. M., Williams, S. H., Zambrana-Torrel, C. M., Anthony, S. J., ... & Lipkin, W. I. (2013). Bats are a major natural reservoir for hepaciviruses and pegiviruses. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(20), 8194-8199.
- Quan, P. L., Firth, C., Street, C., Henriquez, J. A., Petrosov, A., Tashmukhamedova, A., ... & Lipkin, W. I. (2010). Identification of a severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in a leaf-nosed bat in Nigeria. *MBio*, 1(4), 10-1128.
- Queiroz, L. H., Carvalho, C. D., Buso, D. S., Ferrari, C. I. D. L., & Pedro, W. A. (2009). Perfil epidemiológico da raiva na região Noroeste do Estado de São Paulo no período de 1993 a 2007. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 42, 9-14.
- Queiroz, L. H., Favoretto, S. R., Cunha, E. M. S., Campos, A. C. A., Lopes, M. C., de Carvalho, C., ... & Durigon, E. L. (2012). Rabies in southeast Brazil: a change in the epidemiological pattern. *Archives of virology*, 157, 93-105.
- Racey, P. A., Hutson, A. M., & Lina, P. H. C. (2013). Bat rabies, public health and European bat conservation. *Zoonoses and Public Health*, 60(1), 58-68.
- Rahman, M. A., Hossain, M. J., Sultana, S., Homaira, N., Khan, S. U., Rahman, M., ... & Luby, S. P. (2012). Date palm sap linked to Nipah virus outbreak in Bangladesh, 2008. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 12(1), 65-72.
- Rahman, M. Z., Islam, M. M., Hossain, M. E., Rahman, M. M., Islam, A., Siddika, A., ... & Gurley, E. S. (2021). Genetic diversity of Nipah virus in Bangladesh. *International Journal of Infectious Diseases*, 102, 144-151.

- Rahman, S. A., Hassan, L., Epstein, J. H., Mamat, Z. C., Yatim, A. M., Hassan, S. S., ... & Henipavirus Ecology Research Group. (2013). Risk factors for Nipah virus infection among pteropid bats, Peninsular Malaysia. *Emerging infectious diseases*, 19(1), 51.
- Rahman, S. A., Hassan, S. S., Olival, K. J., Mohamed, M., Chang, L. Y., Hassan, L., ... & Henipavirus Ecology Research Group. (2010). Characterization of Nipah virus from naturally infected *Pteropus vampyrus* bats, Malaysia. *Emerging infectious diseases*, 16(12), 1990.
- Ramírez de Arellano, E., Sanchez-Lockhart, M., Perteguer, M. J., Bartlett, M., Ortiz, M., Campioli, P., ... & Negrodo, A. (2019). First evidence of antibodies against Lloviu virus in Schreiber's bent-winged insectivorous bats demonstrate a wide circulation of the virus in Spain. *Viruses*, 11(4), 360.
- Ramos-Nino, M. E., Fitzpatrick, D. M., Eckstrom, K. M., Tighe, S., Dragon, J. A., & Cheetham, S. (2021). The Kidney-Associated Microbiome of Wild-Caught *Artibeus spp.* in Grenada, West Indies. *Animals*, 11(6), 1571.
- Rasche, A., Souza, B. F. D. C. D., & Drexler, J. F. (2016). Bat hepadnaviruses and the origins of primate hepatitis B viruses. *Current opinion in virology*, 16, 86-94.
- Raut, C. G., Yadav, P. D., Towner, J. S., Amman, B. R., Erickson, B. R., Cannon, D. L., ... & Mourya, D. T. (2012). Isolation of a novel adenovirus from *Rousettus leschenaultii* bats from India. *Intervirology*, 55(6), 488-490.
- Razafindratsimandresy, R., Jeanmaire, E. M., Counor, D., Vasconcelos, P. F., Sall, A. A., & Reynes, J. M. (2009). Partial molecular characterization of alphaherpesviruses isolated from tropical bats. *Journal of General Virology*, 90(1), 44-47.
- Razanajatovo, N. H., Nomenjanahary, L. A., Wilkinson, D. A., Razafimanahaka, J. H., Goodman, S. M., Jenkins, R. K., ... & Heraud, J. M. (2015). Detection of new genetic variants of *Betacoronaviruses* in endemic frugivorous bats of Madagascar. *Virology journal*, 12, 1-8. bats.
- Rector, A., Mostmans, S., Van Doorslaer, K., McKnight, C. A., Maes, R. K., Wise, A. G., ... & Van Ranst, M. (2006). Genetic characterization of the first chiropteran papillomavirus, isolated from a basosquamous carcinoma in an Egyptian fruit bat: the *Rousettus aegyptiacus* papillomavirus type 1. *Veterinary microbiology*, 117(2-4), 267-275.
- Reddy, R. C., Subramanian, B. M., Surendra, K. S. N. L., Babu, R. A., Rana, S. K., Manjari, K. S., & Srinivasan, V. A. (2014). Rabies virus isolates of India—simultaneous existence of two distinct evolutionary lineages. *Infection, Genetics and Evolution*, 27, 163-172.
- Regunath, H., Chinnakotla, B., Rojas-Moreno, C., Salzer, W., Hughes, N. J., & Sangha, H. (2016). Case Report: A Case of Fatal Serotonin Syndrome–Like

Human Rabies Caused by Tricolored Bat–Associated Rabies Virus. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 94(6), 1376.

- Rehman, H. A., Ramzan, F., Basharat, Z., Shakeel, M., Khan, M. U. G., & Khan, I. A. (2021). Comprehensive comparative genomic and microsatellite analysis of SARS, MERS, BAT-SARS, and COVID-19 coronaviruses. *Journal of Medical Virology*, 93(7), 4382-4391.
- Rehman, S. U., Shafique, L., Ihsan, A., & Liu, Q. (2020). Evolutionary trajectory for the emergence of novel coronavirus SARS-CoV-2. *Pathogens*, 9(3), 240.
- Ren, W., Li, W., Yu, M., Hao, P., Zhang, Y., Zhou, P., ... & Shi, Z. (2006). Full-length genome sequences of two SARS-like coronaviruses in horseshoe bats and genetic variation analysis. *Journal of general virology*, 87(11), 3355-3359.
- Ren, W., Qu, X., Li, W., Han, Z., Yu, M., Zhou, P., ... & Shi, Z. (2008). Difference in receptor usage between severe acute respiratory syndrome (SARS) coronavirus and SARS-like coronavirus of bat origin. *Journal of virology*, 82(4), 1899-1907.
- Reusken, C. B., Lina, P. H., Pielaat, A., de Vries, A., Dam-Deisz, C., Adema, J., ... & Kooi, E. A. (2010). Circulation of group 2 coronaviruses in a bat species common to urban areas in Western Europe. *Vector-borne and zoonotic diseases*, 10(8), 785-791.
- Reusken, C. B., Raj, V. S., Koopmans, M. P., & Haagmans, B. L. (2016). Cross host transmission in the emergence of MERS coronavirus. *Current opinion in virology*, 16, 55-62.
- Reuter, G., Pankovics, P., Gyöngyi, Z., Delwart, E., & Boros, Á. (2014). Novel dicistrovirus from bat guano. *Archives of virology*, 159, 3453-3456.
- Reynes, J. M., Counor, D., Ong, S., Faure, C., Seng, V., Molia, S., ... & Sarthou, J. L. (2005). Nipah virus in Lyle's flying foxes, Cambodia. *Emerging infectious diseases*, 11(7), 1042.
- Reynes, J. M., Molia, S., Audry, L., Hout, S., Ngin, S., Walston, J., & Bourhy, H. (2004). Serologic evidence of lyssavirus infection in bats, Cambodia. *Emerging infectious diseases*, 10(12), 2231.
- Ribeiro, J., Staudacher, C., Martins, C. M., Ullmann, L. S., Ferreira, F., Araujo, J. P., & Biondo, A. W. (2018). Bat rabies surveillance and risk factors for rabies spillover in an urban area of Southern Brazil. *BMC veterinary research*, 14, 1-8.
- Rico Chavez, O., Ojeda Flores, R., Sotomayor Bonilla, J., Zambrana-Torrel, C., Loza Rubio, E., Alonso Aguirre, A., & Suzan, G. (2015). Viral diversity of bat communities in human-dominated landscapes in Mexico. *Veterinaria México OA*, 2(1), 01-23.
- Rihtarič, D., Hostnik, P., Steyer, A., Grom, J., & Toplak, I. (2010). Identification of SARS-like coronaviruses in horseshoe bats (*Rhinolophus hipposideros*) in Slovenia. *Archives of virology*, 155, 507-514.

- Rizzo, F., Edenborough, K. M., Toffoli, R., Culasso, P., Zoppi, S., Dondo, A., ... & Mandola, M. L. (2017). Coronavirus and paramyxovirus in bats from Northwest Italy. *BMC veterinary research*, 13, 1-11.
- RM, E. R. (2020). Origin of SARS-CoV-2 theories, keys and unknowns of an emerged disease. *Revista Espanola de Salud Publica*, 94, e202009116-e202009116.
- Robardet, E., Borel, C., Moinet, M., Jouan, D., Wasniewski, M., Barrat, J., ... & Picard-Meyer, E. (2017). Longitudinal survey of two serotine bat (*Eptesicus serotinus*) maternity colonies exposed to EBLV-1 (European Bat Lyssavirus type 1): Assessment of survival and serological status variations using capture-recapture models. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(11), e0006048.
- Robbins, A., Eidson, M., Keegan, M., Sackett, D., & Laniewicz, B. (2005). Bat incidents at children's camps, New York State, 1998–2002. *Emerging infectious diseases*, 11(2), 302.
- Robertson, K., Lumlertdacha, B., Franka, R., Petersen, B., Bhengsri, S., Hanchaichon, S., ... & Rupprecht, C. E. (2011). Rabies-related knowledge and practices among persons at risk of bat exposures in Thailand. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 5(6), e1054.
- Robles-Fernández, Á. L., Santiago-Alarcon, D., & Lira-Noriega, A. (2021). American mammals susceptibility to dengue according to geographical, environmental, and phylogenetic distances. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 604560.
- Rocha, F., & Dias, R. A. (2020). The common vampire bat *Desmodus rotundus* (Chiroptera: Phyllostomidae) and the transmission of the rabies virus to livestock: A contact network approach and recommendations for surveillance and control. *Preventive veterinary medicine*, 174, 104809.
- Rocha, S. M., De Oliveira, S. V., Heinemann, M. B., & Gonçalves, V. S. P. (2017). Epidemiological profile of wild rabies in Brazil (2002–2012). *Transboundary and emerging diseases*, 64(2), 624-633.
- Roche, S. E., Costard, S., Meers, J., Field, H. E., & Breed, A. C. (2015). Assessing the risk of Nipah virus establishment in Australian flying-foxes. *Epidemiology & Infection*, 143(10), 2213-2226.
- Rodhain, F. (2015). Chauves-souris et virus: des relations complexes. *Bulletin de la Société de pathologie exotique*, 4(108), 272-289.
- Roes, F. L. (2020). On the evolution of virulent zoonotic viruses in bats. *Biological theory*, 15(4), 223-225.
- Rohde RE, Mayes BC, Smith JS, Neill SU. (2004). Bat rabies, Texas, 1996-2000. *Emerg Infect Dis*. May;10(5):948-52. doi: 10.3201/eid1005.030719. PMID: 15200840; PMCID: PMC3323228.
- Romijn, P. C., Van Der Heide, R. E. I. N. A., Cattaneo, C. A. M., De Cassia FSilva, R. I. T. A., & Van Der Poel, W. H. (2003). Study of lyssaviruses of bat

origin as a source of rabies for other animal species in the State of Rio De Janeiro, Brazil. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 69(1), 81-86.

- Rosa, A. R. D., Kataoka, A. P. D. A. G., Favoretto, S. R., Sodré, M. M., Trezza Netto, J., Campos, A. C. D. A., ... & Martorelli, L. F. A. (2011). First report of rabies infection in bats, *Molossus molossus*, *Molossops neglectus* and *Myotis riparius* in the city of São Paulo, State of São Paulo, southeastern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44, 146-149.
- Rossetto, F., Iglesias-Caballero, M., Liedtke, H. C., Gomez-Mestre, I., Berciano, J. M., Pérez-Suárez, G., ... & Juste, J. (2020). Mating strategy is determinant of adenovirus prevalence in European bats. *Plos one*, 15(1), e0226203.
- Rougeron, V., Suquet, E., Maganga, G. D., Jiolle, D., Mombo, I. M., Bourgarel, M., ... & Leroy, E. M. (2016). Characterization and phylogenetic analysis of new bat astroviruses detected in Gabon, Central Africa. *Acta virologica*, 60(4), 386-392.
- Rudd, R. J., Smith, J. S., Yager, P. A., Orciari, L. A., & Trimarchi, C. V. (2005). A need for standardized rabies-virus diagnostic procedures: effect of cover-glass mountant on the reliability of antigen detection by the fluorescent antibody test. *Virus research*, 111(1), 83-88.
- Ruiz-Aravena, M., McKee, C., Gamble, A., Lunn, T., Morris, A., Snedden, C. E., ... & Plowright, R. K. (2022). Ecology, evolution and spillover of coronaviruses from bats. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 299-314.
- Sabino-Santos Jr, G., Ferreira, F. F., da Silva, D. J. F., Machado, D. M., da Silva, S. G., São Bernardo, C. S., ... & Canale, G. R. (2020). Hantavirus antibodies among phyllostomid bats from the arc of deforestation in Southern Amazonia, Brazil. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67(3), 1045-1051.
- Sabino-Santos Jr, G., Maia, F. G. M., Martins, R. B., Gagliardi, T. B., Souza, W. M. D., Muylaert, R. L., ... & Figueiredo, L. T. M. (2018). Natural infection of Neotropical bats with hantavirus in Brazil. *Scientific reports*, 8(1), 9018.
- Sabino-Santos Jr, G., Maia, F. G. M., Vieira, T. M., de Lara Muylaert, R., Lima, S. M., Gonçalves, C. B., ... & Figueiredo, L. T. M. (2015). Evidence of hantavirus infection among bats in Brazil. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 93(2), 404.
- Sadanadan, R., Arunkumar, G., Laserson, K. F., Heretik, K. H., Singh, S., Mourya, D. T., ... & Bhargava, B. (2018). Towards global health security: response to the May 2018 Nipah virus outbreak linked to Pteropus bats in Kerala, India. *BMJ global health*, 3(6), e001086.
- Sadkowska-Todys, M., & Kucharczyk, B. (2014). Rabies in Poland in 2012. *Przegl Epidemiol*, 68(3), 465-8.
- Sadkowska-Todys, M., & Kucharczyk, B. (2016). Rabies in Poland in 2013 and 2014. *Przegl Epidemiol*, 70(3), 399-406.

- Saeed, O. S., El-Deeb, A. H., & Hussein Ahmed, H. A. (2021). No evidence of SARS-CoV-2 infection in *Rousettus aegyptiacus* bat in Egypt. *International Journal of Veterinary Science and Medicine*, 9(1), 59-61.
- Saitou, Y., Kobayashi, Y., Hirano, S., Mochizuki, N., Itou, T., Ito, F. H., & Sakai, T. (2010). A method for simultaneous detection and identification of Brazilian dog-and vampire bat-related rabies virus by reverse transcription loop-mediated isothermal amplification assay. *Journal of Virological Methods*, 168(1-2), 13-17.
- Salas-Rojas, M., Sánchez-Hernández, C., Romero-Almaraz, M. D. L., Schnell, G. D., Schmid, R. K., & Aguilar-Setién, A. (2004). Prevalence of rabies and LPM paramyxovirus antibody in non-hematophagous bats captured in the Central Pacific coast of Mexico. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 98(10), 577-584.
- Salinas-Ramos, V. B., Mori, E., Bosso, L., Ancillotto, L., & Russo, D. (2021). Zoonotic risk: One more good reason why cats should be kept away from bats. *Pathogens*, 10(3), 304.
- Salmier, A., Tirera, S., De Thoisy, B., Franc, A., Darcissac, E., Donato, D., ... & Lavergne, A. (2017). Virome analysis of two sympatric bat species (*Desmodus rotundus* and *Molossus molossus*) in French Guiana. *PLoS One*, 12(11), e0186943.
- Salmón-Mulanovich, G., Vásquez, A., Albújar, C., Carolina Guevara, V., Laguna-Torres, A., Salazar, M., ... & Montgomery, J. M. (2009). Human rabies and rabies in vampire and nonvampire bat species, Southeastern Peru, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 15(8), 1308.
- Samaratunga, Searle, & Hudson. (1998). Non-rabies Lyssavirus human encephalitis from fruit bats: Australian bat Lyssavirus (*Pteropid Lyssavirus*) infection. *Neuropathology and applied neurobiology*, 24(4), 331-335.
- Sandekian, V., Lim, D., Prud'homme, P., & Lemay, G. (2013). Transient high level mammalian reovirus replication in a bat epithelial cell line occurs without cytopathic effect. *Virus research*, 173(2), 327-335.
- Sano, K., Okazaki, S., Taniguchi, S., Masangkay, J. S., Puentespina, R., Eres, E., ... & Mizutani, T. (2015). Detection of a novel herpesvirus from bats in the Philippines. *Virus Genes*, 51, 136-139.
- Sasaki, D. M., Middleton, C. R., Sawa, T. R., Christensen, C. C., & Kobayashi, G. Y. (1992). Rabid bat diagnosed in Hawaii.
- Sasaki, M., Gonzalez, G., Wada, Y., Setiyono, A., Handharyani, E., Rahmadani, I., ... & Sawa, H. (2016). Divergent bufavirus harboured in megabats represents a new lineage of parvoviruses. *Scientific reports*, 6(1), 24257.
- Sasaki, M., Kajihara, M., Changula, K., Mori-Kajihara, A., Ogawa, H., Hang'ombe, B. M., ... & Sawa, H. (2018). Identification of group A rotaviruses from Zambian fruit bats provides evidence for long-distance dispersal events in Africa. *Infection, genetics and evolution*, 63, 104-109.

- Sasaki, M., Orba, Y., Sasaki, S., Gonzalez, G., Ishii, A., Hang'ombe, B. M., ... & Sawa, H. (2016). Multi-reassortant G3P [3] group A rotavirus in a horseshoe bat in Zambia. *Journal of General Virology*, 97(10), 2488-2493.
- Sasaki, M., Setiyono, A., Handharyani, E., Kobayashi, S., Rahmadani, I., Taha, S., ... & Kimura, T. (2014). Isolation and characterization of a novel alphaherpesvirus in fruit bats. *Journal of virology*, 88(17), 9819-9829.
- Sasaki, M., Setiyono, A., Handharyani, E., Rahmadani, I., Taha, S., Adiani, S., ... & Kimura, T. (2012). Molecular detection of a novel paramyxovirus in fruit bats from Indonesia. *Virology journal*, 9, 1-7.
- Sasse, D. B., Weinstein, S., & Saugey, D. A. (2014). Interspecific aggression by a rabid Eastern Red Bat (*Lasiurus borealis*). *Journal of Wildlife Diseases*, 50(3), 694-695.
- Sato, G., Itou, T., Shoji, Y., Miura, Y., Mikami, T., Ito, M., ... & Sakai, T. (2004). Genetic and phylogenetic analysis of glycoprotein of rabies virus isolated from several species in Brazil. *Journal of Veterinary Medical Science*, 66(7), 747-753.
- Sato, G., Kobayashi, Y., Motizuki, N., Hirano, S., Itou, T., Cunha, E. M. S., ... & Sakai, T. (2009). A unique substitution at position 333 on the glycoprotein of rabies virus street strains isolated from non-hematophagous bats in Brazil. *Virus genes*, 38, 74-79.
- Sato, G., Kobayashi, Y., Shoji, Y., Sato, T., Itou, T., Ito, F. H., ... & Sakai, T. (2006). Molecular epidemiology of rabies from Maranhão and surrounding states in the northeastern region of Brazil. *Archives of virology*, 151, 2243-2251.
- Sato, G., Tanabe, H., Shoji, Y., Itou, T., Ito, F. H., Sato, T., & Sakai, T. (2005). Rapid discrimination of rabies viruses isolated from various host species in Brazil by multiplex reverse transcription-polymerase chain reaction. *Journal of clinical virology*, 33(4), 267-273.
- Sato, M., Maruyama, J., Kondoh, T., Nao, N., Miyamoto, H., Takadate, Y., ... & Takada, A. (2019). Generation of bat-derived influenza viruses and their reassortants. *Scientific reports*, 9(1), 1158.
- Scarpa, F., Sanna, D., Azzena, I., Cossu, P., Giovanetti, M., Benvenuto, D., ... & Ciccozzi, M. (2021). Update on the Phylodynamics of SARS-CoV-2. *Life*, 11(8), 820.
- Schad, J., & Voigt, C. C. (2016). Adaptive evolution of virus-sensing toll-like receptor 8 in bats. *Immunogenetics*, 68, 783-795.
- Schaefer, R., Batista, H. B. R., Franco, A. C., Rijsewijk, F. A. M., & Roehe, P. M. (2005). Studies on antigenic and genomic properties of Brazilian rabies virus isolates. *Veterinary Microbiology*, 107(3-4), 161-170.
- Schatz, J., Fooks, A. R., McElhinney, L., Horton, D., Echevarria, J., Vázquez-Moron, S., ... & Freuling, C. M. (2013). Bat rabies surveillance in Europe. *Zoonoses and Public Health*, 60(1), 22-34.

- Schatz, J., Freuling, C. M., Auer, E., Goharriz, H., Harbusch, C., Johnson, N., ... & Müller, T. (2014). Enhanced passive bat rabies surveillance in indigenous bat species from Germany—a retrospective study. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(5), e2835.
- Schatz, J., Ohlendorf, B., Busse, P., Pelz, G., Dolch, D., Teubner, J., ... & Freuling, C. M. (2014). Twenty years of active bat rabies surveillance in Germany: a detailed analysis and future perspectives. *Epidemiology & Infection*, 142(6), 1155-1166.
- Schatz, J., Teifke, J. P., Mettenleiter, T. C., Aue, A., Stiefel, D., Müller, T., & Freuling, C. M. (2014). Lyssavirus distribution in naturally infected bats from Germany. *Veterinary microbiology*, 169(1-2), 33-41.
- Scheel, T. K., Simmonds, P., & Kapoor, A. (2015). Surveying the global virome: identification and characterization of HCV-related animal hepaciviruses. *Antiviral research*, 115, 83-93.
- Scheffer KC, Iamamoto K, Asano KM, Mori E, Estevez Garcia AI, Achkar SM, Fahl WO. Murciélagos hematófagos como reservorios de la rabia [Hematophagous bats as reservoirs of rabies]. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. 2014 Apr;31(2):302-9. Spanish. PMID: 25123871.
- Scheffer, K. C., Carrieri, M. L., Albas, A., Santos, H. C. P. D., Kotait, I., & Ito, F. H. (2007). Vírus da raiva em quirópteros naturalmente infectados no Estado de São Paulo, Brasil. *Revista de Saúde Pública*, 41, 389-395.
- Scheffer, K. C., Fahl, W. O., Lima, J. Y. D. O., Oliveira, R. D. N., Castilho, J. G., Iamamoto, K., ... & Batista, H. B. D. C. R. (2015). Genetic identification of species of bats that act as reservoirs or hosts for viral diseases. *Annual Research & Review in Biology*, 9(2), 1-9.
- Schlottau, K., Rissmann, M., Graaf, A., Schön, J., Sehl, J., Wylezich, C., ... & Beer, M. (2020). SARS-CoV-2 in fruit bats, ferrets, pigs, and chickens: an experimental transmission study. *The Lancet Microbe*, 1(5), e218-e225.
- Schmidt, J. P., Maher, S., Drake, J. M., Huang, T., Farrell, M. J., & Han, B. A. (2019). Ecological indicators of mammal exposure to Ebolavirus. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 374(1782), 20180337.
- Schountz, T. (2014). Immunology of bats and their viruses: challenges and opportunities. *Viruses*, 6(12), 4880-4901.
- Schountz, T., Baker, M. L., Butler, J., & Munster, V. (2017). Immunological control of viral infections in bats and the emergence of viruses highly pathogenic to humans. *Frontiers in immunology*, 8, 295561.
- Schuh, A. J., Amman, B. R., Apanaskevich, D. A., Sealy, T. K., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2016). No evidence for the involvement of the argasid tick *Ornithodoros faini* in the enzootic maintenance of marburgvirus within Egyptian rousette bats *Rousettus aegyptiacus*. *Parasites & Vectors*, 9, 1-3.

- Schuh, A. J., Amman, B. R., Jones, M. E., Sealy, T. K., Uebelhoer, L. S., Spengler, J. R., ... & Towner, J. S. (2017). Modelling filovirus maintenance in nature by experimental transmission of Marburg virus between Egyptian rousette bats. *Nature communications*, 8(1), 14446.
- Schuh, A. J., Amman, B. R., Sealy, T. K., Kainulainen, M. H., Chakrabarti, A. K., Guerrero, L. W., ... & Towner, J. S. (2019). Antibody-mediated virus neutralization is not a universal mechanism of Marburg, Ebola, or Sosuga virus clearance in *Egyptian rousette* bats. *The Journal of infectious diseases*, 219(11), 1716-1721.
- Schuh, A. J., Amman, B. R., Sealy, T. K., Spengler, J. R., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2017). Egyptian rousette bats maintain long-term protective immunity against Marburg virus infection despite diminished antibody levels. *Scientific reports*, 7(1), 8763.
- Schuh, A. J., Amman, B. R., Sealy, T. S., Flietstra, T. D., Guito, J. C., Nichol, S. T., & Towner, J. S. (2019). Comparative analysis of serologic cross-reactivity using convalescent sera from filovirus-experimentally infected fruit bats. *Scientific Reports*, 9(1), 6707.
- Schulz, J. E., Seifert, S. N., Thompson, J. T., Avanzato, V., Sterling, S. L., Yan, L., ... & Munster, V. J. (2020). Serological evidence for Henipa-like and filo-like viruses in Trinidad bats. *The Journal of Infectious Diseases*, 221(Supplement_4), S375-S382.
- Seetahal, J. F., Greenberg, L., Satheshkumar, P. S., Sanchez-Vazquez, M. J., Legall, G., Singh, S., ... & Carrington, C. V. (2020). The serological prevalence of rabies virus-neutralizing antibodies in the bat population on the Caribbean island of Trinidad. *Viruses*, 12(2), 178.
- Seetahal, J. F., Sanchez-Vazquez, M. J., Vokaty, A., Carrington, C. V., Mahabir, R., Adesiyun, A. A., & Rupprecht, C. E. (2019). Of bats and livestock: The epidemiology of rabies in Trinidad, West Indies. *Veterinary microbiology*, 228, 93-100.
- Seetahal, J. F., Velasco-Villa, A., Allicock, O. M., Adesiyun, A. A., Bissessar, J., Amour, K., ... & Carrington, C. V. (2013). Evolutionary history and phylogeography of rabies viruses associated with outbreaks in Trinidad. *PLoS neglected tropical diseases*, 7(8), e2365.
- Seetahal, J. F., Vokaty, A., Vigilato, M. A., Carrington, C. V., Pradel, J., Louison, B., ... & Rupprecht, C. E. (2018). Rabies in the Caribbean: A situational analysis and historic review. *Tropical medicine and infectious disease*, 3(3), 89.
- Segovia, K., Salmon-Mulanovich, G., M Gherzi, B., Silva, M., Maturrano, L., & Bausch, D. G. (2016). Prevalencia de paramixovirus en murciélagos en seis zonas de Madre de Dios y Puno, Perú, con dos grados de perturbación antropogénica. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 27(2), 241-251.

- Seidlova, V., Zukal, J., Brichta, J., Anisimov, N., Apoznański, G., Bandouchova, H., ... & Pikula, J. (2020). Active surveillance for antibodies confirms circulation of lyssaviruses in Palearctic bats. *BMC veterinary research*, 16, 1-9.
- Seifert, S. N., Letko, M. C., Bushmaker, T., Laing, E. D., Saturday, G., Meade-White, K., ... & Munster, V. J. (2020). *Rousettus aegyptiacus* bats do not support productive Nipah virus replication. *The Journal of infectious diseases*, 221(Supplement_4), S407-S413.
- Selleck, P. (2021). COVID-19 in animals: contact with humans and potential transmissions. *Microbiology Australia*, 42(1), 27-29.
- Seltmann, A., Corman, V. M., Rasche, A., Drosten, C., Czirják, G. Á., Bernard, H., ... & Voigt, C. C. (2017). Seasonal fluctuations of astrovirus, but not coronavirus shedding in bats inhabiting human-modified tropical forests. *EcoHealth*, 14, 272-284.
- Sendow, I., Field, H. E., Adjid, A., Ratnawati, A., Breed, A. C., Darminto, ... & Daniels, P. (2010). Screening for Nipah virus infection in West Kalimantan province, Indonesia. *Zoonoses and public health*, 57(7-8), 499-503.
- Sendow, I., Field, H. E., Curran, J., Morrissy, C., Meehan, G., Buick, T., & Daniels, P. (2006). Henipavirus in *Pteropus vampyrus* bats, Indonesia. *Emerging infectious diseases*, 12(4), 711.
- Sendow, I., Ratnawati, A., Taylor, T., Adjid, R. A., Saepullo, M., Barr, J., ... & Field, H. (2013). Nipah virus in the fruit bat *Pteropus vampyrus* in Sumatera, Indonesia. *PLoS One*, 8(7), e69544.
- Serra-Cobo, J., Amengual, B., Abellán, C., & Bourhy, H. (2002). European bat lyssavirus infection in Spanish bat populations. *Emerging Infectious Diseases*, 8(4), 413.
- Serra-Cobo, J., López-Roig, M., Lavenir, R., Abdelatif, E., Boucekkine, W., Elharrak, M., ... & Bourhy, H. (2018). Active sero-survey for European bat lyssavirus type-1 circulation in North African insectivorous bats. *Emerging microbes & infections*, 7(1), 1-4.
- Serra-Cobo, J., López-Roig, M., Seguí, M., Sánchez, L. P., Nadal, J., Borrás, M., ... & Bourhy, H. (2013). Ecological factors associated with European bat lyssavirus seroprevalence in Spanish bats. *PLoS one*, 8(5), e64467.
- Servat, A., Herr, J., Picard-Meyer, E., Schley, L., Harbusch, C., Michaux, C., ... & Cliquet, F. (2015). First isolation of a rabid bat infected with European bat lyssavirus in Luxembourg. *Zoonoses and public health*, 62(1), 7-10.
- Servat, A., Picard-Meyer, E., Robardet, E., Muzniere, Z., Must, K., & Cliquet, F. (2012). Evaluation of a Rapid Immunochromatographic Diagnostic Test for the detection of rabies from brain material of European mammals. *Biologicals*, 40(1), 61-66.

- Servat, A., Wasniewski, M., & Cliquet, F. (2019). Cross-protection of inactivated rabies vaccines for veterinary use against bat lyssaviruses occurring in Europe. *Viruses*, 11(10), 936.
- Sétien, A. A., Brochier, B., Tordo, N., De Paz, O., Desmettre, P., Péharpré, D., & Pastoret, P. P. (1998). Experimental rabies infection and oral vaccination in vampire bats (*Desmodus rotundus*). *Vaccine*, 16(11-12), 1122-1126.
- Shabman, R. S., Shrivastava, S., Tsibane, T., Attie, O., Jayaprakash, A., Mire, C. E., ... & Basler, C. F. (2016). Isolation and characterization of a novel gammaherpesvirus from a microbat cell line. *Msphere*, 1(1), 10-1128.
- Shah, Y., Pandey, K., Pant, D. K., Poudel, A., Dahal, B., Panta, K. P., & Pandey, B. D. (2018). Potential threat of rabies virus from bat bite in Nepal. *The Open Microbiology Journal*, 12(1).
- Shankar, V., Bowen, R. A., Davis, A. D., Rupprecht, C. E., & O'shea, T. J. (2004). Rabies in a captive colony of big brown bats (*Eptesicus fuscus*). *Journal of wildlife diseases*, 40(3), 403-413.
- Shankar, V., Orciari, L. A., Mattos, C. D., Kuzmin, I. V., Pape, W. J., O'Shea, T. J., & Rupprecht, C. E. (2005). Genetic divergence of rabies viruses from bat species of Colorado, USA. *Vector-Borne & Zoonotic Diseases*, 5(4), 330-341.
- Shapiro, J. T., Sovie, A. R., Faller, C. R., Monadjem, A., Fletcher, R. J., & McCleery, R. A. (2020). Ebola spillover correlates with bat diversity. *European journal of wildlife research*, 66, 1-12.
- Sharifah, S. H., Sohayati, A. R., Maizan, M., Chang, L. Y., Sharina, M., Syamsiah, A. K., ... & Epstein, J. (2009). Genetic characterization of a Nipah virus isolated from a *Pteropus vampyrus* in Malaysia. *Neurology Asia*, 14(1).
- Shariff, M. (2019). Nipah virus infection: A review. *Epidemiology & Infection*, 147, e95.
- Sharma, V., Kaushik, S., Kumar, R., Yadav, J. P., & Kaushik, S. (2019). Emerging trends of Nipah virus: A review. *Reviews in medical virology*, 29(1), e2010.
- Sharun, K., Dhama, K., Pawde, A. M., Gortázar, C., Tiwari, R., Bonilla-Aldana, D. K., ... & Attia, Y. A. (2021). SARS-CoV-2 in animals: potential for unknown reservoir hosts and public health implications. *Veterinary Quarterly*, 41(1), 181-201.
- Shchelkanov, M., Dunaeva, M., Moskvina, T., Voronova, A., Kononova, Y., Vorobyeva, V., ... & Shestopalov, A. (2021). Catalogue of bat viruses (2020).
- Shehata, M. M., Chu, D. K., Gomaa, M. R., AbiSaid, M., El Shesheny, R., Kandeil, A., ... & Kayali, G. (2016). Surveillance for coronaviruses in bats, Lebanon and Egypt, 2013–2015. *Emerging infectious diseases*, 22(1), 148.
- Sheikh, A., Al-Taher, A., Al-Nazawi, M., Al-Mubarak, A. I., & Kandeel, M. (2020). Analysis of preferred codon usage in the coronavirus N genes and their

implications for genome evolution and vaccine design. *Journal of virological methods*, 277, 113806.

- Shete, A. M., Yadav, P., Kumar, V., Nikam, T., Mehershahi, K., Kokate, P., ... & Mourya, D. T. (2017). Development of polymerase chain reaction-based diagnostic tests for detection of Malsoor virus & adenovirus isolated from *Rousettus* species of bats in Maharashtra, India. *Indian Journal of Medical Research*, 145(1), 90-96.
- Shi Z. (2010). Bat and virus. *Protein Cell*. Feb;1(2):109-14. doi: 10.1007/s13238-010-0029-7. PMID: 21203979; PMCID: PMC4875169.
- Shi, J., Sun, J., Hu, N., & Hu, Y. (2020). Phylogenetic and genetic analyses of the emerging Nipah virus from bats to humans. *Infection, Genetics and Evolution*, 85, 104442.
- Shi, Z. (2013). Emerging infectious diseases associated with bat viruses. *Science China Life Sciences*, 56, 678-682.
- Shi, Z., & Hu, Z. (2008). A review of studies on animal reservoirs of the SARS coronavirus. *Virus research*, 133(1), 74-87.
- Shirai, J., Sohayati, A. L., Ali, A. L. M., Suriani, M. N., Taniguchi, T., & Sharifah, S. H. (2007). Nipah virus survey of flying foxes in Malaysia. *Japan Agricultural Research Quarterly: JARQ*, 41(1), 69-78.
- Shirato, K., Maeda, K., Tsuda, S., Suzuki, K., Watanabe, S., Shimoda, H., ... & Mizutani, T. (2012). Detection of bat coronaviruses from *Miniopterus fuliginosus* in Japan. *Virus genes*, 44(1), 40-44.
- Shiwa, N., Manalo, D. L., Boldbaatar, B., Noguchi, A., Inoue, S., & Park, C. H. (2020). Follicle-sinus complexes in muzzle skin of domestic and wild animals as diagnostic material for detection of rabies. *Journal of Veterinary Medical Science*, 82(8), 1204-1208.
- Shoji, Y., Kobayashi, Y., Sato, G., Itou, T., Miura, Y., Mikami, T., ... & Sakai, T. (2004). Genetic characterization of rabies viruses isolated from frugivorous bat (*Artibeus spp.*) in Brazil. *Journal of veterinary medical science*, 66(10), 1271-1273.
- Si, D., Marquess, J., Donnan, E., Harrower, B., McCall, B., Bennett, S., & Lambert, S. (2016). Potential exposures to Australian bat lyssavirus notified in Queensland, Australia, 2009– 2014. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(12), e0005227.
- Silva, L. A. M. D., Machado, J. L. M., Melo, M. D. L., Alencar, V. I. D. B., Melo, R. S. D., Andrade, L. P. D., & Silva, E. M. V. G. D. (2011). Rabies virus in *Molossus molossus* (Chiroptera: Molossidae) in the State of Pernambuco, Northeastern Brazil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44, 526-527.
- Silva, L. H., Cunha, E. M. S., Pedro, W. A., Cardoso, T. C., de Souza, M. D. C. C., & Ferrari, C. I. L. (1999). Isolamento do vírus rábico em *Molossus ater*

(Chiroptera: Molossidae) no Estado de São Paulo. *Revista de Saúde Pública*, 33, 626-628.

- Silva, M. V. D., Xavier, S. D. M., Moreira, W. C., Santos, B. C. P. D., & Esbérard, C. E. (2007). Vírus rábico em morcego *Nyctinomops laticaudatus* na Cidade do Rio de Janeiro, RJ: isolamento, titulação e epidemiologia. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 40, 479-481.
- Simas, P. V. M., de Souza Barnabé, A. C., Durães-Carvalho, R., de Lima Neto, D. F., Caserta, L. C., Artacho, L., ... & Arns, C. W. (2015). Bat coronavirus in Brazil related to appalachian ridge and porcine epidemic diarrhea viruses. *Emerging infectious diseases*, 21(4), 729.
- Šimić, I., Krešić, N., Lojkić, I., & Bedeković, T. (2017). Rabies in Carnivora and Bats in the Republic of Croatia. *Veterinarska stanica*, 48(2), 145-151.
- Šimić, I., Lojkić, I., Krešić, N., Cliquet, F., Picard-Meyer, E., Wasniewski, M., ... & Bedeković, T. (2018). Molecular and serological survey of lyssaviruses in Croatian bat populations. *BMC veterinary research*, 14, 1-8.
- Šimić, I., Zorec, T. M., Krešić, N., Poljak, M., Bedeković, T., & Lojkić, I. (2019). Novel circo-like virus detected in a Croatian bat population. *Microbiology resource announcements*, 8(16), 10-1128.
- Šimić, I., Zorec, T. M., Lojkić, I., Krešić, N., Poljak, M., Cliquet, F., ... & Bedeković, T. (2020). Viral metagenomic profiling of Croatian bat population reveals sample and habitat dependent diversity. *Viruses*, 12(8), 891.
- Simons, R. R., Gale, P., Horigan, V., Snary, E. L., & Breed, A. C. (2014). Potential for introduction of bat-borne zoonotic viruses into the EU: a review. *Viruses*, 6(5), 2084-2121.
- Simsek, C., Corman, V. M., Everling, H. U., Lukashev, A. N., Rasche, A., Maganga, G. D., ... & Matthijnssens, J. (2021). At least seven distinct rotavirus genotype constellations in bats with evidence of reassortment and zoonotic transmissions. *MBio*, 12(1), 10-1128.
- Sizikova, T. E., Lebedev, V. N., Karulina, N. V., & Borisevich, S. V. (2018). Lloviu virus-a novel filovirus, endemic in europe. *Problems of Virology*, 63(2), 58-61.
- Skerratt, L. F., Speare, R., Berger, L., & Winsor, H. (1998). Lyssaviral infection and lead poisoning in black flying foxes from Queensland. *Journal of Wildlife Diseases*, 34(2), 355-361.
- Skirmuntt, E. C., & Katzourakis, A. (2019). The evolution of endogenous retroviral envelope genes in bats and their potential contribution to host biology. *Virus research*, 270, 197645.
- Skirmuntt, E. C., Escalera-Zamudio, M., Teeling, E. C., Smith, A., & Katzourakis, A. (2020). The potential role of endogenous viral elements in the evolution of bats as reservoirs for zoonotic viruses. *Annual Review of Virology*, 7, 103-119.

- Slater, T., Eckerle, I., & Chang, K. C. (2018). Bat lung epithelial cells show greater host species-specific innate resistance than MDCK cells to human and avian influenza viruses. *Virology journal*, 15, 1-10.
- Smith, C. S., De Jong, C. E., Meers, J., Henning, J., Wang, L. F., & Field, H. E. (2016). Coronavirus infection and diversity in bats in the Australasian region. *Ecohealth*, 13, 72-82.
- Smith, C., Skelly, C., Kung, N., Roberts, B., & Field, H. (2014). Flying-fox species density-a spatial risk factor for Hendra virus infection in horses in eastern Australia. *PloS one*, 9(6), e99965.
- Smith, D. B., & Simmonds, P. (2018). Classification and genomic diversity of enterically transmitted hepatitis viruses. *Cold Spring Harbor perspectives in medicine*, 8(9), a031880.
- Smith, D. B., Becher, P., Bukh, J., Gould, E. A., Meyers, G., Monath, T., ... & Simmonds, P. (2016). Proposed update to the taxonomy of the genera Hepacivirus and Pegivirus within the Flaviviridae family. *Journal of General Virology*, 97(11), 2894-2907.
- Smith, D. B., Purdy, M. A., & Simmonds, P. (2013). Genetic variability and the classification of hepatitis E virus. *Journal of virology*, 87(8), 4161-4169.
- Smith, G. C., Aegerter, J. N., Allnutt, T. R., MacNicoll, A. D., Learmount, J., Hutson, A. M., & Atterby, H. (2011). Bat population genetics and Lyssavirus presence in Great Britain. *Epidemiology & Infection*, 139(10), 1463-1469.
- Smith, I. L., Northill, J. A., Harrower, B. J., & Smith, G. A. (2002). Detection of Australian bat lyssavirus using a fluorogenic probe. *Journal of clinical virology*, 25(3), 285-291.
- Smith, I., & Wang, L. F. (2013). Bats and their virome: an important source of emerging viruses capable of infecting humans. *Current opinion in virology*, 3(1), 84-91.
- Smith, I., Broos, A., de Jong, C., Zeddeman, A., Smith, C., Smith, G., ... & Field, H. (2011). Identifying Hendra virus diversity in pteropid bats. *PLoS one*, 6(9), e25275.
- Smith, J. S., Orciari, L. A., Yager, P. A., Seidel, H. D., & Warner, C. K. (1992). Epidemiologic and historical relationships among 87 rabies virus isolates as determined by limited sequence analysis. *Journal of Infectious Diseases*, 166(2), 296-307.
- Smith, J. S., Yager, P. A., Bigler, W. J., & Hartwig Jr, E. C. (1990). Surveillance and epidemiologic mapping of monoclonal antibody-defined rabies variants in Florida. *Journal of Wildlife Diseases*, 26(4), 473-485.
- Smreczak, M. A. R. C. I. N., Orłowska, A. N. N. A., & Trębas, P. A. W. E. Ł. (2020). Detection of BBLV in Natterer's bat in Poland.
- Smreczak, M. A. R. C. I. N., Orłowska, A., Trebas, P., & Zmudzinski, J. F. (2008). Application of heminested RT-PCR to the detection of EBLV1 and classical

rabies virus infections in bats and terrestrial animals. *Bull Vet Inst Pulawy*, 52, 15-18.

- Smreczak, M., Orłowska, A. N. N. A., & Żmudziński, J. F. (2009). First case of the European bat Lyssavirus type 1b in bats (*Eptesicus serotinus*) in Poland in retrospective study. *Bull Vet Inst Pulawy*, 53(4), 589-595.
- Smreczak, M., Orłowska, A., Marzec, A., Trębas, P., Müller, T., Freuling, C. M., & Żmudziński, J. F. (2018). Bokeloh bat lyssavirus isolation in a Natterer's bat, Poland. *Zoonoses and public health*, 65(8), 1015-1019.
- Snary, E. L., Ramnial, V., Breed, A. C., Stephenson, B., Field, H. E., & Fooks, A. R. (2012). Qualitative release assessment to estimate the likelihood of henipavirus entering the United Kingdom. *PLoS One*, 7(2), e27918.
- Soares, R. M., Bernardi, F., Sakamoto, S. M., Heinemann, M. B., Cortez, A., Alves, L. M., ... & Richtzenhain, L. J. (2002). A heminested polymerase chain reaction for the detection of Brazilian rabies isolates from vampire bats and herbivores. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 97, 109-111.
- Sodré, M. M., Gama, A. R. D., & Almeida, M. F. D. (2010). Updated list of bat species positive for rabies in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 52, 75-81.
- Sohayati, A. R., Hassan, L., Sharifah, S. H., Lazarus, K., Zaini, C. M., Epstein, J. H., ... & Alliance, E. (2011). Evidence for Nipah virus recrudescence and serological patterns of captive *Pteropus vampyrus*. *Epidemiology & Infection*, 139(10), 1570-1579.
- Soman Pillai, V., Krishna, G., & Valiya Veetil, M. (2020). Nipah virus: past outbreaks and future containment. *Viruses*, 12(4), 465.
- Sonntag M, Mühldorfer K, Speck S, Wibbelt G, Kurth A. (2009). New adenovirus in bats, Germany. *Emerg Infect Dis*. Dec;15(12):2052-5. doi: 10.3201/eid1512.090646. PMID: 19961700; PMCID: PMC3044533.
- Sotomayor-Bonilla, J., Abella-Medrano, C. A., Chaves, A., Álvarez-Mendizábal, P., Rico-Chávez, Ó., Ibáñez-Bernal, S., ... & Suzán, G. (2017). Potential sympatric vectors and mammalian hosts of Venezuelan equine encephalitis virus in Southern Mexico. *Journal of wildlife diseases*, 53(3), 657-661.
- Sotomayor-Bonilla, J., Chaves, A., Rico-Chávez, O., Rostal, M. K., Ojeda-Flores, R., Salas-Rojas, M., ... & Suzán, G. (2014). Dengue virus in bats from southeastern Mexico. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 91(1), 129.
- Sotomayor-Bonilla, J., García-Suárez, O., Cigarroa-Toledo, N., Cetina-Trejo, R. C., Espinosa-García, A. C., Sarmiento-Silva, R. E., ... & Suzán, G. (2018). Survey of mosquito-borne flaviviruses in the Cuitzmala River Basin, Mexico: do they circulate in rodents and bats?. *Tropical medicine and health*, 46, 1-5.
- Souza, M. C. A. M., de Castro Nassar, A. F., Cortez, A., Sakai, T., Itou, T., Cunha, E. M. S., ... & Ito, F. H. (2009). Infecção experimental de morcegos

hematófagos *Desmodus rotundus* (E. Geoffroy) mantidos em cativeiro e alimentados com sangue desfibrinado adicionado de vírus da raiva. *Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science*, 46(2), 92-100..

- Souza, W. M. D., Romeiro, M. F., Fumagalli, M. J., Modha, S., de Araujo, J., Queiroz, L. H., ... & Gifford, R. J. (2017). Chapparvoviruses occur in at least three vertebrate classes and have a broad biogeographic distribution. *Journal of General Virology*, 98(2), 225-229.
- Spengler, J. R., Ervin, E. D., Towner, J. S., Rollin, P. E., & Nichol, S. T. (2016). Perspectives on West Africa Ebola virus disease outbreak, 2013–2016. *Emerging infectious diseases*, 22(6), 956.
- Stading, B. R., Osorio, J. E., Velasco-Villa, A., Smotherman, M., Kingstad-Bakke, B., & Rocke, T. E. (2016). Infectivity of attenuated poxvirus vaccine vectors and immunogenicity of a raccoonpox vectored rabies vaccine in the Brazilian Free-tailed bat (*Tadarida brasiliensis*). *Vaccine*, 34(44), 5352-5358.
- Stading, B., Ellison, J. A., Carson, W. C., Satheshkumar, P. S., Rocke, T. E., & Osorio, J. E. (2017). Protection of bats (*Eptesicus fuscus*) against rabies following topical or oronasal exposure to a recombinant raccoon poxvirus vaccine. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(10), e0005958.
- Stein, L. T., Rech, R. R., Harrison, L., & Brown, C. C. (2010). Immunohistochemical study of rabies virus within the central nervous system of domestic and wildlife species. *Veterinary pathology*, 47(4), 630-633.
- Stockman, L. J., Haynes, L. M., Miao, C., Harcourt, J. L., Rupprecht, C. E., Ksiazek, T. G., ... & Anderson, L. J. (2008). Coronavirus antibodies in bat biologists. *Emerging infectious diseases*, 14(6), 999.
- Stone, D., Lyons, A. C., Huang, Y. J., Vanlandingham, D. L., Higgs, S., Blitvich, B. J., ... & Cheetham, S. (2018). Serological evidence of widespread exposure of Grenada fruit bats to chikungunya virus. *Zoonoses and public health*, 65(5), 505-511.
- Storm, N., Jansen Van Vuren, P., Markotter, W., & Paweska, J. T. (2018). Antibody responses to marburg virus in Egyptian rousette bats and their role in protection against infection. *Viruses*, 10(2), 73.
- Stout, A. E., Millet, J. K., Stanhope, M. J., & Whittaker, G. R. (2021). Furin cleavage sites in the spike proteins of bat and rodent coronaviruses: Implications for virus evolution and zoonotic transfer from rodent species. *One Health*, 13, 100282.
- Straková, P., Dufkova, L., Širmarová, J., Salát, J., Bartonička, T., Klempa, B., ... & Růžek, D. (2017). Novel hantavirus identified in European bat species *Nyctalus noctula*. *Infection, Genetics and Evolution*, 48, 127-130.

- Streicker, D. G., & Allgeier, J. E. (2016). Foraging choices of vampire bats in diverse landscapes: Potential implications for land-use change and disease transmission. *Journal of Applied Ecology*, 53(4), 1280-1288.
- Streicker, D. G., & Gilbert, A. T. (2020). Contextualizing bats as viral reservoirs. *Science*, 370(6513), 172-173.
- Streicker, D. G., Altizer, S. M., Velasco-Villa, A., & Rupprecht, C. E. (2012a). Variable evolutionary routes to host establishment across repeated rabies virus host shifts among bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(48), 19715-19720.
- Streicker, D. G., Fallas González, S. L., Luconi, G., Barrientos, R. G., & Leon, B. (2019). Phylodynamics reveals extinction–recolonization dynamics underpin apparently endemic vampire bat rabies in Costa Rica. *Proceedings of the Royal Society B*, 286(1912), 20191527.
- Streicker, D. G., Franka, R., Jackson, F. R., & Rupprecht, C. E. (2013). Anthropogenic roost switching and rabies virus dynamics in house-roosting big brown bats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 13(7), 498-504.
- Streicker, D. G., Lemey, P., Velasco-Villa, A., & Rupprecht, C. E. (2012b). Rates of viral evolution are linked to host geography in bat rabies. *PLoS pathogens*, 8(5), e1002720.
- Streicker, D. G., Recuenco, S., Valderrama, W., Gomez Benavides, J., Vargas, I., Pacheco, V., ... & Altizer, S. (2012c). Ecological and anthropogenic drivers of rabies exposure in vampire bats: implications for transmission and control. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1742), 3384-3392.
- Streicker, D. G., Turmelle, A. S., Vonhof, M. J., Kuzmin, I. V., McCracken, G. F., & Rupprecht, C. E. (2010). Host phylogeny constrains cross-species emergence and establishment of rabies virus in bats. *Science*, 329(5992), 676-679.
- Streicker, D. G., Winternitz, J. C., Satterfield, D. A., Condori-Condori, R. E., Broos, A., Tello, C., ... & Valderrama, W. (2016). Host–pathogen evolutionary signatures reveal dynamics and future invasions of vampire bat rabies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(39), 10926-10931.
- Subudhi, S., Rapin, N., & Misra, V. (2019). Immune system modulation and viral persistence in bats: understanding viral spillover. *Viruses*, 11(2), 192.
- Subudhi, S., Rapin, N., Bollinger, T. K., Hill, J. E., Donaldson, M. E., Davy, C. M., ... & Misra, V. (2017). A persistently infecting coronavirus in hibernating *Myotis lucifugus*, the North American little brown bat. *Journal of General Virology*, 98(9), 2297-2309.
- Subudhi, S., Rapin, N., Dorville, N., Hill, J. E., Town, J., Willis, C. K., ... & Misra, V. (2018). Isolation, characterization and prevalence of a novel

Gammaherpesvirus in *Eptesicus fuscus*, the North American big brown bat. *Virology*, 516, 227-238.

- Sudeep, A. B., Yadav, P. D., Gokhale, M. D., Balasubramanian, R., Gupta, N., Shete, A., ... & Mourya, D. T. (2021). Detection of Nipah virus in *Pteropus medius* in 2019 outbreak from Ernakulam district, Kerala, India. *BMC Infectious Diseases*, 21, 1-7.
- Sumibcay, L., Kadjo, B., Gu, S. H., Kang, H. J., Lim, B. K., Cook, J. A., ... & Yanagihara, R. (2012). Divergent lineage of a novel hantavirus in the banana pipistrelle (*Neoromicia nanus*) in Cote d'Ivoire. *Virology journal*, 9, 1-7.
- Sun, B., Jia, L., Liang, B., Chen, Q., & Liu, D. (2018). Phylogeography, transmission, and viral proteins of Nipah virus. *Virologica Sinica*, 33(5), 385-393.
- Surtees, R., Stern, D., Ahrens, K., Kromarek, N., Lander, A., Kreher, P., ... & Kurth, A. (2020). Development of a multiplex microsphere immunoassay for the detection of antibodies against highly pathogenic viruses in human and animal serum samples. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(10), e0008699.
- Suu-Ire, R. D., Fooks, A. R., Banyard, A. C., Selden, D., Amponsah-Mensah, K., Riesle, S., ... & Cunningham, A. A. (2017). Lagos bat virus infection dynamics in free-ranging straw-colored fruit bats (*Eidolon helvum*). *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 2(3), 25.
- Suu-Ire, R., Begeman, L., Banyard, A. C., Breed, A. C., Drosten, C., Eggerbauer, E., ... & Cunningham, A. A. (2018). Pathogenesis of bat rabies in a natural reservoir: Comparative susceptibility of the straw-colored fruit bat (*Eidolon helvum*) to three strains of Lagos bat virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 12(3), e0006311.
- Suwannarong, K., Janetanakit, T., Kanthawee, P., Suwannarong, K., Theamboonlers, A., Poovorawan, Y., ... & Amonsin, A. (2021). Coronavirus seroprevalence among villagers exposed to bats in Thailand. *Zoonoses and Public Health*, 68(5), 464-473.
- Suzuki, J., Sato, R., Kobayashi, T., Aoi, T., & Harasawa, R. (2014). Group B betacoronavirus in rhinolophid bats, Japan. *Journal of Veterinary Medical Science*, 76(9), 1267-1269.
- Swanepoel, R., Barnard, B. J. H., Meredith, C. D., Bishop, G., Bruckner, G. K., Foggin, C. M., & Hubschle, O. J. B. (1993). Rabies in southern Africa. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 60, 325-325.
- Swanepoel, R., Leman, P. A., Burt, F. J., Zachariades, N. A., Braack, L. E., Ksiazek, T. G., ... & Peters, C. J. (1996). Experimental inoculation of plants and animals with Ebola virus. *Emerging infectious diseases*, 2(4), 321.
- Swanepoel, R., Smit, S. B., Rollin, P. E., Formenty, P., Leman, P. A., Kemp, A., ... & Paweska, J. T. (2007). Studies of reservoir hosts for Marburg virus. *Emerging infectious diseases*, 13(12), 1847.

- Tabibzadeh, A., Esghaei, M., Soltani, S., Yousefi, P., Taherizadeh, M., Safarnezhad Tameshkel, F., ... & Karbalaie Niya, M. H. (2021). Evolutionary study of COVID-19, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) as an emerging coronavirus: Phylogenetic analysis and literature review. *Veterinary medicine and science*, 7(2), 559-571.
- Tadeu, A. D., Asano, K. M., Rodrigues, A. C., Batista, H. B. D. C. R., Barboza, C. M., de Oliveira Fahl, W., ... & Scheffer, K. C. (2021). Detection of rabies virus in cranial cavity lavage of naturally infected bats. *Journal of Virological Methods*, 298, 114265.
- Tajima, S., Takasaki, T., Matsuno, S., Nakayama, M., & Kurane, I. (2005). Genetic characterization of Yokose virus, a flavivirus isolated from the bat in Japan. *Virology*, 332(1), 38-44.
- Takadate, Y., Kondoh, T., Igarashi, M., Maruyama, J., Manzoor, R., Ogawa, H., ... & Takada, A. (2020). Niemann-Pick C1 heterogeneity of bat cells controls filovirus tropism. *Cell Reports*, 30(2), 308-319.
- Takadate, Y., Manzoor, R., Saito, T., Kida, Y., Maruyama, J., Kondoh, T., ... & Takada, A. (2020). Receptor-mediated host cell preference of a bat-derived filovirus, Lloviu virus. *Microorganisms*, 8(10), 1530.
- Takemae, H., Basri, C., Mayasari, N. L. P. I., Tarigan, R., Shimoda, H., Omatsu, T., ... & Hondo, E. (2018). Isolation of Pteropine orthoreovirus from *Pteropus vampyrus* in Garut, Indonesia. *Virus Genes*, 54, 823-827.
- Takumi, K., Lina, P. H. C., Van der Poel, W. H. M., Kramps, J. A., & Van Der Giessen, J. W. B. (2009). Public health risk analysis of European bat lyssavirus infection in The Netherlands. *Epidemiology & Infection*, 137(6), 803-809.
- Tampon, N. V. T., Rabaya, Y. M. C., Malbog, K. M. A., Burgos, S. C., Bacus, M. G., Libre Jr, K., ... & Murao, L. A. E. (2020). First Molecular Evidence for Bat Betacoronavirus in Mindanao. *Philippine Journal of Science*, 149(1).
- Tan, B., Yang, X. L., Ge, X. Y., Peng, C., Liu, H. Z., Zhang, Y. Z., ... & Shi, Z. L. (2017). Novel bat adenoviruses with low G+ C content shed new light on the evolution of adenoviruses. *Journal of General Virology*, 98(4), 739-748.
- Tan, B., Yang, X. L., Ge, X. Y., Peng, C., Zhang, Y. Z., Zhang, L. B., & Shi, Z. L. (2016). Novel bat adenoviruses with an extremely large E3 gene. *Journal of General Virology*, 97(7), 1625-1635.
- Tan, Z., Gonzalez, G., Sheng, J., Wu, J., Zhang, F., Xu, L., ... & He, B. (2020). Extensive genetic diversity of polyomaviruses in sympatric bat communities: host switching versus coevolution. *Journal of Virology*, 94(9), 10-1128.
- Tandler, B. (1996). Cytomegalovirus in the principal submandibular gland of the little brown bat, *Myotis lucifugus*. *Journal of comparative pathology*, 114(1), 1-9.
- Tang, X. C., Zhang, J. X., Zhang, S. Y., Wang, P., Fan, X. H., Li, L. F., ... & Guan, Y. (2006). Prevalence and genetic diversity of coronaviruses in bats from China. *Journal of virology*, 80(15), 7481-7490.

- Taniguchi, S., Maeda, K., Horimoto, T., Masangkay, J. S., Puentespina, R., Alvarez, J., ... & Kyuwa, S. (2017). First isolation and characterization of pteropine orthoreoviruses in fruit bats in the Philippines. *Archives of virology*, 162, 1529-1539.
- Taniguchi, S., Watanabe, S., Masangkay, J. S., Omatsu, T., Ikegami, T., Alviola, P., ... & Morikawa, S. (2011). Reston Ebolavirus antibodies in bats, the Philippines. *Emerging infectious diseases*, 17(8), 1559.
- Tao, Y., & Tong, S. (2019). Complete genome sequence of a severe acute respiratory syndrome-related coronavirus from Kenyan bats. *Microbiology resource announcements*, 8(28), 10-1128.
- Tao, Y., Shi, M., Chommanard, C., Queen, K., Zhang, J., Markotter, W., ... & Tong, S. (2017). Surveillance of bat coronaviruses in Kenya identifies relatives of human coronaviruses NL63 and 229E and their recombination history. *Journal of virology*, 91(5), 10-1128.
- Tao, Y., Shi, M., Conrardy, C., Kuzmin, I. V., Recuenco, S., Agwanda, B., ... & Tong, S. (2013). Discovery of diverse polyomaviruses in bats and the evolutionary history of the Polyomaviridae. *Journal of General Virology*, 94(4), 738-748.
- Tao, Y., Tang, K., Shi, M., Conrardy, C., Li, K. S., Lau, S. K., ... & Tong, S. (2012). Genomic characterization of seven distinct bat coronaviruses in Kenya. *Virus research*, 167(1), 67-73.
- Tarigan, R., Katta, T., Takemae, H., Shimoda, H., Maeda, K., Iida, A., & Hondo, E. (2021). Distinct interferon response in bat and other mammalian cell lines infected with Pteropine orthoreovirus. *Virus Genes*, 57(6), 510-520.
- Tarigan, R., Shimoda, H., Doysabas, K. C. C., Ken, M., Iida, A., & Hondo, E. (2020). Role of pattern recognition receptors and interferon-beta in protecting bat cell lines from encephalomyocarditis virus and Japanese encephalitis virus infection. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 527(1), 1-7.
- Taylor, D. J., Dittmar, K., Ballinger, M. J., & Bruenn, J. A. (2011). Evolutionary maintenance of filovirus-like genes in bat genomes. *BMC Evolutionary Biology*, 11, 1-12.
- Taylor, D. J., Leach, R. W., & Bruenn, J. (2010). Filoviruses are ancient and integrated into mammalian genomes. *BMC evolutionary biology*, 10, 1-10.
- Tee, K. K., Takebe, Y., & Kamarulzaman, A. (2009). Emerging and re-emerging viruses in Malaysia, 1997–2007. *International Journal of Infectious Diseases*, 13(3), 307-318.
- Teider-Junior, P. I., Felipetto, L. G., Kmetiuk, L. B., Machado, F. P., Chaves, L. B., dos Santos Cunha Neto, R., ... & Biondo, A. W. (2021). Exposure of wild boar (*Sus scrofa*) to the common vampire bat and lack of immune protection to rabies virus in Brazilian hunters. *The Journal of Wildlife Diseases*, 57(3), 561-568.

- Teixeira, L. H. M., Tomaz, L. A. G., Linhares, G. F. C., Santos, M. F. C., & Jayme, V. D. S. (2015). Distribuição espaço-temporal dos diagnósticos laboratoriais da raiva animal. *Ciência Animal Brasileira*, 16, 144-157.
- Teixeira, T. F., Holz, C. L., Caixeta, S. P., Dezen, D., Cibulski, S. P., Silva, J. R. D., ... & Roehe, P. M. (2008). Diagnóstico de raiva no Rio Grande do Sul, Brasil, de 1985 a 2007. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 28, 515-520.
- Temmam, S., Bigot, T., Chrétien, D., Gondard, M., Pérot, P., Pommelet, V., ... & Eloit, M. (2019). Insights into the host range, genetic diversity, and geographical distribution of jingmenviruses. *MSphere*, 4(6), 10-1128.
- Temmam, S., Hul, V., Bigot, T., Bessaud, M., Chrétien, D., Hoem, T., ... & Eloit, M. (2020). Whole genome sequencing and phylogenetic characterization of a novel bat-associated picornavirus-like virus with an unusual genome organization. *Infection, Genetics and Evolution*, 78, 104130.
- Temmam, S., Hul, V., Bigot, T., Hoem, T., Gorman, C., Duong, V., ... & Eloit, M. (2019). A novel Polycipiviridae virus identified in *Pteropus lylei* stools. *Microbiology Resource Announcements*, 8(15), 10-1128.
- Těšíková, J., Bryjová, A., Bryja, J., Lavrenchenko, L. A., & Goüy de Bellocq, J. (2017). Hantavirus strains in East Africa related to Western African hantaviruses. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(4), 278-280.
- Thalmann, C. M., Cummins, D. M., Yu, M., Lunt, R., Pritchard, L. I., Hansson, E., ... & Wang, L. F. (2010). Broome virus, a new fusogenic Orthoreovirus species isolated from an Australian fruit bat. *Virology*, 402(1), 26-40.
- Thanapongtharm, W., Linard, C., Wiriyarat, W., Chinsorn, P., Kanchanasaka, B., Xiao, X., ... & Gilbert, M. (2015). Spatial characterization of colonies of the flying fox bat, a carrier of Nipah virus in Thailand. *BMC veterinary research*, 11, 1-14.
- Thapa, V., Turner, G. G., Hafenstein, S., Overton, B. E., Vanderwolf, K. J., & Roossinck, M. J. (2016). Using a novel partitivirus in *Pseudogymnoascus destructans* to understand the epidemiology of white-nose syndrome. *PLoS pathogens*, 12(12), e1006076.
- Theimer, T. C., Dyer, A. C., Keeley, B. W., Gilbert, A. T., & Bergman, D. L. (2017). Ecological potential for rabies virus transmission via scavenging of dead bats by mesocarnivores. *Journal of wildlife diseases*, 53(2), 382-385.
- Thézé, J., Lowes, S., Parker, J., & Pybus, O. G. (2015). Evolutionary and phylogenetic analysis of the hepaciviruses and pegiviruses. *Genome Biology and Evolution*, 7(11), 2996-3008.
- Thoisy, B. D., Lacoste, V., Germain, A., Muñoz-Jordán, J., Colón, C., Mauffrey, J. F., ... & Lavergne, A. (2009). Dengue infection in neotropical forest mammals. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 9(2), 157-170.
- Thompson, G. K. (1999). Veterinary surgeon's guide to Australian bat lyssavirus. *Australian Veterinary Journal*, 77(11), 710-712.

- Thompson, N. N., Auguste, A. J., Travassos da Rosa, A. P. A., Carrington, C. V. F., Blitvich, B. J., Chadee, D. D., ... & Adesiyun, A. A. (2015). Seroepidemiology of selected alphaviruses and flaviviruses in bats in Trinidad. *Zoonoses and public health*, 62(1), 53-60.
- Tidemann, C., Vardon, M., Nelson, J., Speare, R., & Gleeson, L. (1997). Health and conservation implications of Australian bat Lyssavirus. *Australian zoologist*, 30(3), 369-376.
- To, K. K., Chan, J. F., Tsang, A. K., Cheng, V. C., & Yuen, K. Y. (2015). Ebola virus disease: a highly fatal infectious disease reemerging in West Africa. *Microbes and infection*, 17(2), 84-97.
- Tong, S., Conrardy, C., Ruone, S., Kuzmin, I. V., Guo, X., Tao, Y., ... & Rupprecht, C. E. (2009). Detection of novel SARS-like and other coronaviruses in bats from Kenya. *Emerging infectious diseases*, 15(3), 482.
- Tong, S., Li, Y., Rivaller, P., Conrardy, C., Castillo, D. A. A., Chen, L. M., ... & Donis, R. O. (2012). A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(11), 4269-4274.
- Tong, S., Zhu, X., Li, Y., Shi, M., Zhang, J., Bourgeois, M., ... & Donis, R. O. (2013). New world bats harbor diverse influenza A viruses. *PLoS pathogens*, 9(10), e1003657.
- Torres, C., Lema, C., Dohmen, F. G., Beltran, F., Novaro, L., Russo, S., ... & Cisterna, D. M. (2014). Phylodynamics of vampire bat-transmitted rabies in Argentina. *Molecular ecology*, 23(9), 2340-2352.
- Torres-Castro, M., Noh-Pech, H., Hernández-Betancourt, S., Peláez-Sánchez, R., Lugo-Caballero, C., & Puerto, F. I. (2021). West Nile and Zika viruses in bats from a suburban area of Merida, Yucatan, Mexico. *Zoonoses and Public Health*, 68(7), 834-841.
- Tort, F. L., Castells, M., & Cristina, J. (2020). A comprehensive analysis of genome composition and codon usage patterns of emerging coronaviruses. *Virus research*, 283, 197976.
- Touati, R., Haddad-Boubaker, S., Ferchichi, I., Messaoudi, I., Ouesleti, A. E., Triki, H., ... & Kharrat, M. (2020). Comparative genomic signature representations of the emerging COVID-19 coronavirus and other coronaviruses: High identity and possible recombination between Bat and Pangolin coronaviruses. *Genomics*, 112(6), 4189-4202.
- Towner, J. S., Amman, B. R., Sealy, T. K., Carroll, S. A. R., Comer, J. A., Kemp, A., ... & Rollin, P. E. (2009). Isolation of genetically diverse Marburg viruses from Egyptian fruit bats. *PLoS pathogens*, 5(7), e1000536.
- Towner, J. S., Pourrut, X., Albariño, C. G., Nkogue, C. N., Bird, B. H., Grard, G., ... & Leroy, E. M. (2007). Marburg virus infection detected in a common African bat. *PloS one*, 2(8), e764.

- Triana-Llanos, C., Guerrero-Chacón, A. L., Rivera-Ruíz, D., Rojas-Díaz, V., & Niño-Castro, A. (2019). The acute phase response elicited by a viral-like molecular pattern increases energy expenditure in *Artibeus lituratus*. *Biologia*, 74, 667-673.
- Troupin, C., Picard-Meyer, E., Dellicour, S., Casademont, I., Kergoat, L., Lepelletier, A., ... & Bourhy, H. (2017). Host genetic variation does not determine spatio-temporal patterns of European bat 1 lyssavirus. *Genome biology and evolution*, 9(11), 3202-3213.
- Tsang, S. M., Low, D. H., Wiantoro, S., Smith, I., Jayakumar, J., Simmons, N. B., ... & Mendenhall, I. H. (2021). Detection of Tioman virus in *Pteropus vampyrus* near flores, Indonesia. *Viruses*, 13(4), 563.
- Tsanou, B., Lubuma, J., Ouemba Tassé, A. J., & Tenkam, H. M. (2018). Dynamics of host-reservoir transmission of Ebola with spillover potential to humans. *Electronic Journal of Qualitative Theory of Differential Equations*, 2018(14), 1-32.
- Tse, H., Chan, W. M., Li, K. S., Lau, S. K., Woo, P. C., & Yuen, K. Y. (2012). Discovery and genomic characterization of a novel bat sapovirus with unusual genomic features and phylogenetic position. *PloS one*, 7(4), e34987.
- Tse, H., Tsang, A. K., Tsoi, H. W., Leung, A. S., Ho, C. C., Lau, S. K., ... & Yuen, K. Y. (2012). Identification of a novel bat papillomavirus by metagenomics.
- Tsuda, S., Watanabe, S., Masangkay, J. S., Mizutani, T., Alviola, P., Ueda, N., ... & Akashi, H. (2012). Genomic and serological detection of bat coronavirus from bats in the Philippines. *Archives of virology*, 157, 2349-2355.
- Tu, S. L., Nakazawa, Y., Gao, J., Wilkins, K., Gallardo-Romero, N., Li, Y., ... & Upton, C. (2017). Characterization of Eptesipoxvirus, a novel poxvirus from a microchiropteran bat. *Virus Genes*, 53, 856-867.
- Turkington, H. L., Juozapaitis, M., Tsolakos, N., Corrales-Aguilar, E., Schwemmler, M., & Hale, B. G. (2018). Unexpected functional divergence of bat influenza virus NS1 proteins. *Journal of virology*, 92(5), 10-1128.
- Turmelle, A. S., Allen, L. C., Jackson, F. R., Kunz, T. H., Rupprecht, C. E., & McCracken, G. F. (2010a). Ecology of rabies virus exposure in colonies of Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*) at natural and man-made roosts in Texas. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 10(2), 165-175.
- Turmelle, A. S., Allen, L. C., Schmidt-French, B. A., Jackson, F. R., Kunz, T. H., McCracken, G. F., & Rupprecht, C. E. (2010b). Response to vaccination with a commercial inactivated rabies vaccine in a captive colony of Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*). *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 41(1), 140-143.
- Turmelle, A. S., Jackson, F. R., Green, D., McCracken, G. F., & Rupprecht, C. E. (2010c). Host immunity to repeated rabies virus infection in big brown bats. *Journal of General Virology*, 91(9), 2360-2366.

- Tyem, D. A., Dogonyaro, B. B., Woma, T. A., Ngoepe, E. C., & Sabeta, C. T. (2017). Sero-surveillance of lyssavirus specific antibodies in Nigerian fruit bats (*Eidolon helvum*). *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 2(3), 26.
- Ubico, S. R., & McLean, R. G. (1995). Serologic survey of neotropical bats in Guatemala for virus antibodies. *Journal of wildlife diseases*, 31(1), 1-9.
- Udow, S. J., Marrie, R. A., & Jackson, A. C. (2013). Clinical features of dog-and bat-acquired rabies in humans. *Clinical infectious diseases*, 57(5), 689-696.
- Uieda, W., Harmani, N., & Silva, M. (1995). Raiva em morcegos insetívoros (Molossidae) do Sudeste do Brasil. *Revista de Saúde Pública*, 29, 393-397.
- Ul-Rahman, A., Shabbir, M. A. B., Aziz, M. W., Yaquub, S., Mehmood, A., Raza, M. A., & Shabbir, M. Z. (2020). A comparative phylogenomic analysis of SARS-CoV-2 strains reported from non-human mammalian species and environmental samples. *Molecular Biology Reports*, 47(11), 9207-9217.
- Valderrama, J., García, I., Figueroa, G., Rico, E., Sanabria, J., Rocha, N., ... & Páez, A. (2006). Brotes de rabia humana transmitida por vampiros en los municipios de Bajo y Alto Baudó, departamento del Chocó, Colombia 2004-2005. *Biomédica*, 26(3), 387-396.
- Vale, F. F., Vítor, J. M., Marques, A. T., Azevedo-Pereira, J. M., Anes, E., & Goncalves, J. (2021). Origin, phylogeny, variability and epitope conservation of SARS-CoV-2 worldwide. *Virus Research*, 304, 198526.
- Valitutto, M. T., Aung, O., Tun, K. Y. N., Vodzak, M. E., Zimmerman, D., Yu, J. H., ... & Mazet, J. (2020). Detection of novel coronaviruses in bats in Myanmar. *PloS one*, 15(4), e0230802.
- van den Hurk, A. F., Smith, C. S., Field, H. E., Smith, I. L., Northill, J. A., Taylor, C. T., ... & Mackenzie, J. S. (2009). Transmission of Japanese encephalitis virus from the black flying fox, *Pteropus alecto*, to *Culex annulirostris* mosquitoes, despite the absence of detectable viremia. *Am J Trop Med Hyg*, 81(3), 457-62.
- Van der Poel, W. H. M., Van der Heide, R., Van Amerongen, G., Van Keulen, L. J. M., Wellenberg, G. J., Bourhy, H., ... & Osterhaus, A. D. M. E. (2000). Characterisation of a recently isolated lyssavirus in frugivorous zoo bats. *Archives of virology*, 145, 1919-1931.
- Van der Poel, W. H., Van der Heide, R., Verstraten, E. R., Takumi, K., Lina, P. H., & Kramps, J. A. (2005). European bat lyssaviruses, the Netherlands. *Emerging Infectious Diseases*, 11(12), 1854.
- Van Doremalen, N., Schäfer, A., Menachery, V. D., Letko, M., Bushmaker, T., Fischer, R., ... & Baric, R. SARS-like coronavirus WIV1-CoV does not replicate in Egyptian fruit bats. *Rousettus aegyptiacus*.
- Van Eeden, C., Markotter, W., & Nel, L. H. (2011). Molecular phylogeny of Duvenhage virus. *South African Journal of Science*, 107(11), 1-5.
- Van Nguyen, D., Van Nguyen, C., Bonsall, D., Ngo, T. T., Carrique-Mas, J., Pham, A. H., ... & Simmonds, P. (2018). Detection and characterization of

homologues of human hepatitis viruses and pegiviruses in rodents and bats in Vietnam. *Viruses*, 10(3), 102.

- van Thiel, P. P. A., de Bie, R. M., Eftimov, F., Tepaske, R., Zaaijer, H. L., van Doornum, G. J., ... & Kager, P. A. (2009). Fatal human rabies due to Duvenhage virus from a bat in Kenya: failure of treatment with coma-induction, ketamine, and antiviral drugs. *PLoS neglected tropical diseases*, 3(7), e428.
- Vázquez-Morón, S., Avellón, A., & Echevarría, J. E. (2006). RT-PCR for detection of all seven genotypes of *Lyssavirus* genus. *Journal of virological methods*, 135(2), 281-287.
- Vazquez-Moron, S., Juste, J., Ibáñez, C., Aznar, C., Ruiz-Villamor, E., & Echevarría, J. E. (2008). Asymptomatic rhabdovirus infection in meridional serotine bats (*Eptesicus isabellinus*) from Spain. *Developments in biologicals*, 131, 311-316.
- Vázquez-Morón, S., Juste, J., Ibáñez, C., Berciano, J. M., & Echevarría, J. E. (2011). Phylogeny of European bat Lyssavirus 1 in *Eptesicus isabellinus* bats, Spain. *Emerging infectious diseases*, 17(3), 520.
- Vazquez-Moron, S., Juste, J., Ibáñez, C., Ruiz-Villamor, E., Avellón, A., Vera, M., & Echevarría, J. E. (2008). Endemic circulation of European bat lyssavirus type 1 in serotine bats, Spain. *Emerging Infectious Diseases*, 14(8), 1263.
- Velasco-Villa, A., Gómez-Sierra, M., Hernández-Rodríguez, G., Juárez-Islas, V., Meléndez-Félix, A., Vargas-Pino, F., ... & Flisser, A. (2002). Antigenic diversity and distribution of rabies virus in Mexico. *Journal of clinical microbiology*, 40(3), 951-958.
- Velasco-Villa, A., Messenger, S. L., Orciari, L. A., Niezgoda, M., Blanton, J. D., Fukagawa, C., & Rupprecht, C. E. (2008). Identification of new rabies virus variant in Mexican immigrant. *Emerging Infectious Diseases*, 14(12), 1906.
- Velasco-Villa, A., Orciari, L. A., Juárez-Islas, V., Gómez-Sierra, M., Padilla-Medina, I., Flisser, A., ... & Rupprecht, C. E. (2006). Molecular diversity of rabies viruses associated with bats in Mexico and other countries of the Americas. *Journal of Clinical Microbiology*, 44(5), 1697-1710.
- Velasco-Villa, A., Orciari, L. A., Souza, V., Juárez-Islas, V., Gomez-Sierra, M., Castillo, A., ... & Rupprecht, C. E. (2005). Molecular epizootiology of rabies associated with terrestrial carnivores in Mexico. *Virus research*, 111(1), 13-27.
- Venturi, G., Ciccozzi, M., Montieri, S., Bartoloni, A., Francisci, D., Nicoletti, L., ... & Ciufolini, M. G. (2007). Genetic variability of the M genome segment of clinical and environmental Toscana virus strains. *Journal of general virology*, 88(4), 1288-1294.
- Vicente-Santos, A., Moreira-Soto, A., Soto-Garita, C., Chaverri, L. G., Chaves, A., Drexler, J. F., ... & Corrales-Aguilar, E. (2017). Neotropical bats that co-habit with humans function as dead-end hosts for dengue virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(5), e0005537.

- Vidgen, M. E., de Jong, C., Rose, K., Hall, J., Field, H. E., & Smith, C. S. (2015). Novel paramyxoviruses in Australian flying-fox populations support host–virus co-evolution. *Journal of General Virology*, 96(Pt_7), 1619-1625.
- Vidovszky, M. Z., Kohl, C., Boldogh, S., Görföl, T., Wibbelt, G., Kurth, A., & Harrach, B. (2015). Random sampling of the Central European bat fauna reveals the existence of numerous hitherto unknown adenoviruses. *Acta Veterinaria Hungarica*, 63(4), 508-525.
- Vidovszky, M. Z., Tan, Z., Carr, M. J., Boldogh, S., Harrach, B., & Gonzalez, G. (2020). Bat-borne polyomaviruses in Europe reveal an evolutionary history of intrahost divergence with horseshoe bats distributed across the African and Eurasian continents. *Journal of General Virology*, 101(10), 1119-1130.
- Vieira, L. F. P., Pereira, S. R. F. G., Brandão, P. E., Oliveira, R. N., Carnieli-Junior, P., Galante, A. C., ... & Kotait, I. (2010). Caracterização molecular do vírus da raiva isolado de *Desmodus rotundus* capturados no Estado do Rio de Janeiro. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 62, 343-349.
- Vieira, L. F. P., Pereira, S. R. F. G., Carnieli, P., Tavares, L. C. B., & Kotait, I. (2013). Phylogeography of rabies virus isolated from herbivores and bats in the Espírito Santo State, Brazil. *Virus Genes*, 46, 330-336.
- Vieira, L. F., Pereira, S. R., Galante, A. C., Castilho, J. G., Oliveira, R. N., Brandão, P. E., & Kotait, I. (2011). Detection of rabies virus nucleoprotein-RNA in several organs outside the Central Nervous System in naturally-infected vampire bats. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 31, 922-925.
- Virtue, E. R., Marsh, G. A., Baker, M. L., & Wang, L. F. (2011). Interferon production and signaling pathways are antagonized during henipavirus infection of fruit bat cell lines. *PloS one*, 6(7), e22488.
- Voon, K., Chua, K. B., Yu, M., Crameri, G., Barr, J. A., Malik, Y., & Wang, L. F. (2011). Evolutionary relationship of the L-and M-class genome segments of bat-borne fusogenic orthoreoviruses in Malaysia and Australia.
- Vora, N. M., Osinubi, M. O., Davis, L., Abdurrahman, M., Adedire, E. B., Akpan, H., ... & Recuenco, S. (2020). Bat and lyssavirus exposure among humans in area that celebrates bat festival, Nigeria, 2010 and 2013. *Emerging Infectious Diseases*, 26(7), 1399.
- Wacharapluesadee, S., & Hemachudha, T. (2007). Duplex nested RT-PCR for detection of Nipah virus RNA from urine specimens of bats. *Journal of virological methods*, 141(1), 97-101.
- Wacharapluesadee, S., Boongird, K., Wanghongsas, S., Ratanasetyuth, N., Supavonwong, P., Saengsen, D., ... & Hemachudha, T. (2010). A longitudinal study of the prevalence of Nipah virus in *Pteropus lylei* bats in Thailand: evidence for seasonal preference in disease transmission. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 10(2), 183-190.

- Wacharapluesadee, S., Duengkae, P., Chaiyes, A., Kaewpom, T., Rodpan, A., Yingsakmongkon, S., ... & Hemachudha, T. (2018). Longitudinal study of age-specific pattern of coronavirus infection in Lyle's flying fox (*Pteropus lylei*) in Thailand. *Virology journal*, 15, 1-10.
- Wacharapluesadee, S., Duengkae, P., Rodpan, A., Kaewpom, T., Maneeorn, P., Kanchanasaka, B., ... & Hemachudha, T. (2015). Diversity of coronavirus in bats from Eastern Thailand. *Virology Journal*, 12, 1-7.
- Wacharapluesadee, S., Lumlertdacha, B., Boongird, K., Wanghongsa, S., Chanhom, L., Rollin, P., ... & Hemachudha, T. (2005). Bat Nipah virus, Thailand. *Emerging infectious diseases*, 11(12), 1949.
- Wacharapluesadee, S., Ngamprasertwong, T., Kaewpom, T., Kattong, P., Rodpan, A., Wanghongsa, S., & Hemachudha, T. (2013). Genetic characterization of Nipah virus from Thai fruit bats (*Pteropus lylei*). *Asian Biomedicine*, 7(6), 813-819.
- Wacharapluesadee, S., Olival, K. J., Kanchanasaka, B., Duengkae, P., Kaewchot, S., Srongmongkol, P., ... & Hemachudha, T. (2015). Surveillance for Ebola virus in wildlife, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, 21(12), 2271.
- Wacharapluesadee, S., Samseeneam, P., Phernpool, M., Kaewpom, T., Rodpan, A., Maneeorn, P., ... & Hemachudha, T. (2016). Molecular characterization of Nipah virus from *Pteropus hypomelanus*
- Wacharapluesadee, S., Sintunawa, C., Kaewpom, T., Khongnomnan, K., Olival, K. J., Epstein, J. H., ... & Hemachudha, T. (2013). Group C betacoronavirus in bat guano fertilizer, Thailand. *Emerging infectious diseases*, 19(8), 1349.
- Wacharapluesadee, S., Tan, C. W., Maneeorn, P., Duengkae, P., Zhu, F., Joyjinda, Y., ... & Wang, L. F. (2021). Evidence for SARS-CoV-2 related coronaviruses circulating in bats and pangolins in Southeast Asia. *Nature communications*, 12(1), 972.
- Wada, Y., Sasaki, M., Setiyono, A., Handharyani, E., Rahmadani, I., Taha, S., ... & Sawa, H. (2018). Detection of novel gammaherpesviruses from fruit bats in Indonesia. *Journal of medical microbiology*, 67(3), 415-422.
- Wadhwa, A., Wilkins, K., Gao, J., Condori Condori, R. E., Gigante, C. M., Zhao, H., ... & Li, Y. (2017). A pan-lyssavirus Taqman real-time RT-PCR assay for the detection of highly variable rabies virus and other lyssaviruses. *PLoS neglected tropical diseases*, 11(1), e0005258.
- Walker, P. J., Widen, S. G., Firth, C., Blasdel, K. R., Wood, T. G., Da Rosa, A. P. T., ... & Vasilakis, N. (2015). Genomic characterization of Yague, Kasokero, Issyk-Kul, Keterah, Gossas, and Thiafora viruses: nairoviruses naturally infecting bats, shrews, and ticks. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 93(5), 1041.

- Walsh, M. G. (2015). Mapping the risk of Nipah virus spillover into human populations in South and Southeast Asia. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 109(9), 563-571.
- Walsh, M. G., Wiethoelter, A., & Haseeb, M. A. (2017). The impact of human population pressure on flying fox niches and the potential consequences for Hendra virus spillover. *Scientific Reports*, 7(1), 8226.
- Wang X, DeMaria A, Smole S, Brown CM, Han L. Bat rabies in Massachusetts, USA, 1985-2009. *Emerg Infect Dis*. 2010 Aug;16(8):1285-8. doi: 10.3201/eid1608.100205. PMID: 20678326; PMCID: PMC3298317.
- Wang, B., Yang, X. L., Li, W., Zhu, Y., Ge, X. Y., Zhang, L. B., ... & Shi, Z. L. (2017). Detection and genome characterization of four novel bat hepadnaviruses and a hepevirus in China. *Virology Journal*, 14, 1-10.
- Wang, H. H., Kung, N. Y., Grant, W. E., Scanlan, J. C., & Field, H. E. (2013). Recrudescence supports Hendra virus persistence in Australian flying-fox populations. *PloS one*, 8(11), e80430.
- Wang, J. L., Pan, X. L., Zhang, H. L., Fu, S. H., Wang, H. Y., Tang, Q., ... & Liang, G. D. (2009). Japanese encephalitis viruses from bats in Yunnan, China. *Emerging Infectious Diseases*, 15(6), 939.
- Wang, J., Anderson, D. E., Halpin, K., Hong, X., Chen, H., Walker, S., ... & Williams, D. T. (2021). A new Hendra virus genotype found in Australian flying foxes. *Virology journal*, 18, 1-13.
- Wang, J., Moore, N. E., Murray, Z. L., McInnes, K., White, D. J., Tompkins, D. M., & Hall, R. J. (2015). Discovery of novel virus sequences in an isolated and threatened bat species, the New Zealand lesser short-tailed bat (*Mystacina tuberculata*). *Journal of General Virology*, 96(8), 2442-2452.
- Wang, L. F. (2009). Bats and viruses: a brief review. *Virologica Sinica*, 24, 93-99.
- Wang, L. F., & Anderson, D. E. (2019). Viruses in bats and potential spillover to animals and humans. *Current opinion in virology*, 34, 79-89.
- Wang, L. F., Gamage, A. M., Chan, W. O., Hiller, M., & Teeling, E. C. (2021). Decoding bat immunity: the need for a coordinated research approach. *Nature Reviews Immunology*, 21(5), 269-271.
- Wang, L. F., Hansson, E., Yu, M., Chua, K. B., Mathe, N., Crameri, G., ... & Eaton, B. T. (2007). Full-length genome sequence and genetic relationship of two paramyxoviruses isolated from bat and pigs in the Americas. *Archives of virology*, 152, 1259-1271.
- Wang, L. F., Shi, Z., Zhang, S., Field, H., Daszak, P., & Eaton, B. T. (2006). Review of bats and SARS. *Emerging infectious diseases*, 12(12), 1834.
- Wang, L., Fu, S., Cao, L., Lei, W., Cao, Y., Song, J., ... & Liang, G. (2015). Isolation and identification of a natural reassortant mammalian orthoreovirus from least horseshoe bat in China. *PLoS One*, 10(3), e0118598.

- Wang, L., Fu, S., Cao, Y., Zhang, H., Feng, Y., Yang, W., ... & Liang, G. (2017). Discovery and genetic analysis of novel coronaviruses in least horseshoe bats in southwestern China. *Emerging microbes & infections*, 6(1), 1-8.
- Wang, L., Tang, Q., & Liang, G. (2014). Rabies and rabies virus in wildlife in mainland China, 1990–2013. *International Journal of Infectious Diseases*, 25, 122-129.
- Wang, M. N., Zhang, W., Gao, Y. T., Hu, B., Ge, X. Y., Yang, X. L., ... & Shi, Z. L. (2016). Longitudinal surveillance of SARS-like coronaviruses in bats by quantitative real-time PCR. *Virologica Sinica*, 31(1), 78-80.
- Wang, N., Li, S. Y., Yang, X. L., Huang, H. M., Zhang, Y. J., Guo, H., ... & Shi, Z. L. (2018). Serological evidence of bat SARS-related coronavirus infection in humans, China. *Virologica Sinica*, 33, 104-107.
- Wang, N., Luo, C. M., Yang, X. L., Liu, H. Z., Zhang, L. B., Zhang, W., ... & Hu, B. (2021). Genomic characterization of diverse bat coronavirus HKU10 in *Hipposideros* bats. *Viruses*, 13(10), 1962.
- Wang, N., Luo, C., Liu, H., Yang, X., Hu, B., Zhang, W., ... & Shi, Z. (2019). Characterization of a new member of alphacoronavirus with unique genomic features in *Rhinolophus* bats. *Viruses*, 11(4), 379.
- Wang, X., Werner, B. G., Konomi, R., Hennigan, D., Fadden, D., Caten, E., ... & DeMaria, A. (2009). Animal rabies in Massachusetts, 1985–2006. *Journal of wildlife diseases*, 45(2), 375-387.
- Wanzeller, A. L., Diniz, J. A., Gomes, M. L., Cruz, A. C., Soares, M. C., Souza, W. D., ... & Vasconcelos, P. F. (2002). Ultrastructural, antigenic and physicochemical characterization of the Mojuí dos Campos (Bunyavirus) isolated from bat in the Brazilian Amazon region. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 97, 307-311.
- Warner, C. K., Zaki, S. R., Shieh, W. J., Whitfield, S. G., Smith, J. S., Orciari, L. A., ... & Rupprecht, C. E. (1999). Laboratory investigation of human deaths from vampire bat rabies in Peru. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 60(3), 502-507.
- Warrilow, D., Harrower, B., Smith, I. L., Field, H., Taylor, R., Walker, G. C., & Smith, G. A. (2003). Public health surveillance for Australian bat lyssavirus in Queensland, Australia, 2000–2001. *Emerging Infectious Diseases*, 9(2), 262.
- Warrilow, D., Smith, I. L., Harrower, B., & Smith, G. A. (2002). Sequence analysis of an isolate from a fatal human infection of Australian bat lyssavirus. *Virology*, 297(1), 109-119.
- Waruhiu, C., Ommeh, S., Obanda, V., Agwanda, B., Gakuya, F., Ge, X. Y., ... & Shi, Z. L. (2017). Molecular detection of viruses in Kenyan bats and discovery of novel astroviruses, caliciviruses and rotaviruses. *Virologica Sinica*, 32, 101-114.

- Wassenaar, T. M., & Zou, Y. (2020). 2019_nCoV/SARS-CoV-2: rapid classification of betacoronaviruses and identification of Traditional Chinese Medicine as potential origin of zoonotic coronaviruses. *Letters in Applied Microbiology*, 70(5), 342-348.
- Wassenaar, T. M., Jun, S. R., Robeson, M., & Ussery, D. W. (2020). Comparative genomics of hepatitis A virus, hepatitis C virus, and hepatitis E virus provides insights into the evolutionary history of Hepatovirus species. *Microbiologyopen*, 9(2), e973.
- Watanabe S, Maeda K, Suzuki K, Ueda N, Iha K, Taniguchi S, Shimoda H, Kato K, Yoshikawa Y, Morikawa S, Kurane I, Akashi H, Mizutani T. Novel betaherpesvirus in bats. *Emerg Infect Dis*. 2010 Jun;16(6):986-8. doi: 10.3201/eid1606.091567. PMID: 20507753; PMCID: PMC3086227.
- Watanabe, S., Masangkay, J. S., Nagata, N., Morikawa, S., Mizutani, T., Fukushi, S., ... & Akashi, H. (2010). Bat coronaviruses and experimental infection of bats, the Philippines. *Emerging infectious diseases*, 16(8), 1217.
- Watanabe, S., Omatsu, T., Miranda, M. E., Masangkay, J. S., Ueda, N., Endo, M., ... & Akashi, H. (2010). Epizootology and experimental infection of Yokose virus in bats. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 33(1), 25-36.
- Watanabe, S., Ueda, N., Iha, K., Masangkay, J. S., Fujii, H., Alviola, P., ... & Akashi, H. (2009). Detection of a new bat gammaherpesvirus in the Philippines. *Virus Genes*, 39, 90-93.
- Weatherman, S., Feldmann, H., & de Wit, E. (2018). Transmission of henipaviruses. *Current opinion in virology*, 28, 7-11.
- Webber, Q. M., Fletcher, Q. E., & Willis, C. K. (2017). Viral richness is positively related to group size, but not mating system, in bats. *EcoHealth*, 14, 652-661.
- Weingartl, H. M., Berhane, Y., & Czup, M. (2009). Animal models of henipavirus infection: a review. *The veterinary journal*, 181(3), 211-220.
- Weir, D. L., Annand, E. J., Reid, P. A., & Broder, C. C. (2014). Recent observations on Australian bat lyssavirus tropism and viral entry. *Viruses*, 6(2), 909-926.
- Weir, D. L., Coggins, S. A. A., Vu, B. K., Coertse, J., Yan, L., Smith, I. L., ... & Schaefer, B. C. (2021). Isolation and characterization of cross-reactive human monoclonal antibodies that potently neutralize Australian bat Lyssavirus variants and other phylogroup 1 Lyssaviruses. *Viruses*, 13(3), 391.
- Weir, D. L., Smith, I. L., Bossart, K. N., Wang, L. F., & Broder, C. C. (2013). Host cell tropism mediated by Australian bat lyssavirus envelope glycoproteins. *Virology*, 444(1-2), 21-30.
- Weis, M., Behner, L., Hoffmann, M., Krüger, N., Herrler, G., Drosten, C., ... & Maisner, A. (2014). Characterization of African bat henipavirus GH-M74a glycoproteins. *Journal of General Virology*, 95(3), 539-548.

- Weiss, S., Dabrowski, P. W., Kurth, A., Leendertz, S. A. J., & Leendertz, F. H. (2017). A novel Coltivirus-related virus isolated from free-tailed bats from Côte d'Ivoire is able to infect human cells in vitro. *Virology journal*, 14, 1-7.
- Weiss, S., Nowak, K., Fahr, J., Wibbelt, G., Mombouli, J. V., Parra, H. J., ... & Leendertz, F. H. (2012a). Henipavirus-related sequences in fruit bat bushmeat, Republic of Congo. *Emerging infectious diseases*, 18(9), 1536.
- Weiss, S., Witkowski, P. T., Auste, B., Nowak, K., Weber, N., Fahr, J., ... & Kruger, D. H. (2012b). Hantavirus in bat, sierra leone. *Emerging Infectious Diseases*, 18(1), 159.
- Wellehan Jr, J. F., Childress, A. L., Marschang, R. E., Johnson, A. J., Lamirande, E. W., Roberts, J. F., ... & Jacobson, E. R. (2009). Consensus nested PCR amplification and sequencing of diverse reptilian, avian, and mammalian orthoreoviruses. *Veterinary microbiology*, 133(1-2), 34-42.
- Wellenberg, G. J., Audry, L., Rønsholt, L., Van der Poel, W. H. M., Bruschke, C. J. M., & Bourhy, H. (2002). Presence of European bat lyssavirus RNAs in apparently healthy *Rousettus aegyptiacus* bats. *Archives of virology*, 147, 349-361.
- Wertheim, J. O., Chu, D. K., Peiris, J. S., Kosakovsky Pond, S. L., & Poon, L. L. (2013). A case for the ancient origin of coronaviruses. *Journal of Virology*, 87(12), 7039-7045.
- Whitaker Jr, J. O., & Douglas, L. R. (2006). Bat rabies in Indiana. *The Journal of wildlife management*, 70(6), 1569-1573.
- Whitby, J. E., Heaton, P. R., Black, E. M., Wooldridge, M., McElhinney, L. M., & Johnstone, P. (2000). First isolation of a rabies-related virus from a Daubenton's bat in the United Kingdom. *Veterinary Record*, 147(14), 385-388.
- Whitby, J. E., Johnstone, P., Parsons, G., King, A. A., & Hutson, A. M. (1996). Ten-year survey of British bats for the existence of rabies. *Veterinary record*, 139(20), 491-493.
- Whitfield, S. G., Fekadu, M., Shaddock, J. H., Niezgoda, M., Warner, C. K., Messenger, S. L., ... & Yager, P. (2001). A comparative study of the fluorescent antibody test for rabies diagnosis in fresh and formalin-fixed brain tissue specimens. *Journal of virological methods*, 95(1-2), 145-151.
- Whitfield, Z. J., Prasad, A. N., Ronk, A. J., Kuzmin, I. V., Ilinykh, P. A., Andino, R., & Bukreyev, A. (2020). Species-specific evolution of Ebola virus during replication in human and bat cells. *Cell reports*, 32(7).
- Wibbelt, G., Kurth, A., Yasmum, N., Bannert, M., Nagel, S., Nitsche, A., & Ehlers, B. (2007). Discovery of herpesviruses in bats. *Journal of General Virology*, 88(10), 2651-2655.
- Widagdo, W., Begeman, L., Schipper, D., Run, P. R. V., Cunningham, A. A., Kley, N., ... & van den Brand, J. M. (2017). Tissue distribution of the MERS-coronavirus receptor in bats. *Scientific Reports*, 7(1), 1193.

- Wilkinson, D. A., Mélade, J., Dietrich, M., Ramasindrazana, B., Soarimalala, V., Lagadec, E., ... & Pascalis, H. (2014). Highly diverse morbillivirus-related paramyxoviruses in wild fauna of the southwestern Indian Ocean Islands: evidence of exchange between introduced and endemic small mammals. *Journal of virology*, 88(15), 8268-8277.
- Wilkinson, D. A., Temmam, S., Lebarbenchon, C., Lagadec, E., Chotte, J., Guillebaud, J., ... & Pascalis, H. (2012). Identification of novel paramyxoviruses in insectivorous bats of the Southwest Indian Ocean. *Virus research*, 170(1-2), 159-163.
- Wille, M. (2020). Unravelling virus community ecology in bats through the integration of metagenomics and community ecology.
- Williams, C. G., Gibbons, J. S., Keiffer, T. R., Luthra, P., Edwards, M. R., & Basler, C. F. (2020). Impact of Měnglà virus proteins on human and bat innate immune pathways. *Journal of Virology*, 94(13), 10-1128.
- Williamson, M. M., Hooper, P. T., Selleck, P. W., Gleeson, L. J., Daniels, P. W., Westbury, H. A., & Murray, P. K. (1998). Transmission studies of Hendra virus (equine morbilli-virus) in fruit bats, horses and cats. *Australian veterinary journal*, 76(12), 813-818.
- Williamson, M. M., Hooper, P. T., Selleck, P. W., Westbury, H. A., & Slocombe, R. F. (2000). Experimental hendra virus infection in pregnant guinea-pigs and fruit Bats (*Pteropus poliocephalus*). *Journal of comparative pathology*, 122(2-3), 201-207.
- Wise, E. L., Marston, D. A., Banyard, A. C., Goharriz, H., Selden, D., MacLaren, N., ... & Fooks, A. R. (2017). Passive surveillance of United Kingdom bats for lyssaviruses (2005–2015). *Epidemiology & Infection*, 145(12), 2445-2457.
- Witkowski, P. T., Drexler, J. F., Kallies, R., Ličková, M., Bokorova, S., Mananga, G. D., ... & Klempa, B. (2016). Phylogenetic analysis of a newfound bat-borne hantavirus supports a laurasiatherian host association for ancestral mammalian hantaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 41, 113-119.
- Witkowski, P. T., Klempa, B., Ithete, N. L., Auste, B., Mfuné, J. K., Hoveka, J., ... & Kruger, D. H. (2014). Hantaviruses in Africa. *Virus research*, 187, 34-42.
- Wong, A. C., Li, X., Lau, S. K., & Woo, P. C. (2019). Global epidemiology of bat coronaviruses. *Viruses*, 11(2), 174.
- Wong, G., He, S., Leung, A., Cao, W., Bi, Y., Zhang, Z., ... & Qiu, X. (2019). Naturally occurring single mutations in Ebola virus observably impact infectivity. *Journal of Virology*, 93(1), 10-1128.
- Wong, S., Lau, S., Woo, P., & Yuen, K. Y. (2007). Bats as a continuing source of emerging infections in humans. *Reviews in medical virology*, 17(2), 67-91.
- Woo, P. C., Lau, S. K., Chen, Y., Wong, E. Y., Chan, K. H., Chen, H., ... & Yuen, K. Y. (2018). Rapid detection of MERS coronavirus-like viruses in bats: potential

for tracking MERS coronavirus transmission and animal origin. *Emerging Microbes & Infections*, 7(1), 1-7.

- Woo, P. C., Lau, S. K., Lam, C. S., Lau, C. C., Tsang, A. K., Lau, J. H., ... & Yuen, K. Y. (2012). Discovery of seven novel Mammalian and avian coronaviruses in the genus deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus. *Journal of virology*, 86(7), 3995-4008.
- Woo, P. C., Lau, S. K., Li, K. S., Poon, R. W., Wong, B. H., Tsoi, H. W., ... & Yuen, K. Y. (2006). Molecular diversity of coronaviruses in bats. *Virology*, 351(1), 180-187.
- Woo, P. C., Lau, S. K., Li, K. S., Tsang, A. K., & Yuen, K. Y. (2012). Genetic relatedness of the novel human group C betacoronavirus to Tylonycteris bat coronavirus HKU4 and Pipistrellus bat coronavirus HKU5. *Emerging microbes & infections*, 1(1), 1-5.
- Woo, P. C., Wang, M., Lau, S. K., Xu, H., Poon, R. W., Guo, R., ... & Yuen, K. Y. (2007). Comparative analysis of twelve genomes of three novel group 2c and group 2d coronaviruses reveals unique group and subgroup features. *Journal of virology*, 81(4), 1574-1585.
- Woon, A. P., Boyd, V., Todd, S., Smith, I., Klein, R., Woodhouse, I. B., ... & Baker, M. L. (2020). Acute experimental infection of bats and ferrets with Hendra virus: Insights into the early host response of the reservoir host and susceptible model species. *PLoS pathogens*, 16(3), e1008412.
- World Health Organization. (1997). Zoonoses control: Human rabies, Kentucky and Montana, 1996. *Weekly Epidemiological Record= Relevé épidémiologique hebdomadaire*, 72(29), 218-219.
- World Health Organization. (1997). Zoonoses control: Lyssavirus infection in 3 fruit bats, Australia. *Weekly Epidemiological Record= Relevé épidémiologique hebdomadaire*, 72(26), 194-196.
- Worsley-Tonks, K. E., Escobar, L. E., Biek, R., Castaneda-Guzman, M., Craft, M. E., Streicker, D. G., ... & Fountain-Jones, N. M. (2020). Using host traits to predict reservoir host species of rabies virus. *PLoS neglected tropical diseases*, 14(12), e0008940.
- Wray, A. K., Olival, K. J., Morán, D., Lopez, M. R., Alvarez, D., Navarrete-Macias, I., ... & Anthony, S. J. (2016). Viral diversity, prey preference, and Bartonella prevalence in *Desmodus rotundus* in Guatemala. *EcoHealth*, 13, 761-774.
- Wright, E., Hayman, D. T., Vaughan, A., Temperton, N. J., Wood, J. L., Cunningham, A. A., ... & Fooks, A. R. (2010). Virus neutralising activity of African fruit bat (*Eidolon helvum*) sera against emerging lyssaviruses. *Virology*, 408(2), 183-189.

- Wrobel, A. G., Benton, D. J., Xu, P., Roustan, C., Martin, S. R., Rosenthal, P. B., ... & Gamblin, S. J. (2020). SARS-CoV-2 and bat RaTG13 spike glycoprotein structures inform on virus evolution and furin-cleavage effects. *Nature structural & molecular biology*, 27(8), 763-767.
- Wu, J., Hu, T., Qin, S., Deng, B., Liu, J., Zhang, F., ... & Tu, C. (2018). Genetic diversity of bat orthohepadnaviruses in China and a proposed new nomenclature. *Infection, Genetics and Evolution*, 63, 135-143.
- Wu, L., Zhou, P., Ge, X., Wang, L. F., Baker, M. L., & Shi, Z. (2013). Deep RNA sequencing reveals complex transcriptional landscape of a bat adenovirus. *Journal of Virology*, 87(1), 503-511.
- Wu, Z., Liu, B., Du, J., Zhang, J., Lu, L., Zhu, G., ... & Jin, Q. (2018). Discovery of diverse rodent and bat pestiviruses with distinct genomic and phylogenetic characteristics in several Chinese provinces. *Frontiers in microbiology*, 9, 414609.
- Wu, Z., Ren, X., Yang, L., Hu, Y., Yang, J., He, G., ... & Jin, Q. (2012). Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bat species from Chinese provinces. *Journal of virology*, 86(20), 10999-11012.
- Wu, Z., Yang, L. I., Ren, X., He, G., Zhang, J., Yang, J., ... & Jin, Q. (2016). Deciphering the bat virome catalog to better understand the ecological diversity of bat viruses and the bat origin of emerging infectious diseases. *The ISME journal*, 10(3), 609-620.
- Wu, Z., Yang, L., Ren, X., Zhang, J., Yang, F., Zhang, S., & Jin, Q. (2016). ORF8-related genetic evidence for Chinese horseshoe bats as the source of human severe acute respiratory syndrome coronavirus. *The Journal of infectious diseases*, 213(4), 579-583.
- Wynne, J. W., Shiell, B. J., Marsh, G. A., Boyd, V., Harper, J. A., Heesom, K., ... & Wang, L. F. (2014). Proteomics informed by transcriptomics reveals Hendra virus sensitizes bat cells to TRAIL-mediated apoptosis. *Genome biology*, 15, 1-21.
- Wynne, J. W., Todd, S., Boyd, V., Tachedjian, M., Klein, R., Shiell, B., ... & Baker, M. L. (2017). Comparative transcriptomics highlights the role of the activator protein 1 transcription factor in the host response to ebolavirus. *Journal of virology*, 91(23), 10-1128.
- Xia, L., Fan, Q., He, B., Xu, L., Zhang, F., Hu, T., ... & Tu, C. (2014). The complete genome sequence of a G3P [10] Chinese bat rotavirus suggests multiple bat rotavirus inter-host species transmission events. *Infection, genetics and evolution: journal of molecular epidemiology and evolutionary genetics in infectious diseases*, 28, 1-4.
- Xu, J., Zhao, S., Teng, T., Abdalla, A. E., Zhu, W., Xie, L., ... & Guo, X. (2020). Systematic comparison of two animal-to-human transmitted human coronaviruses: SARS-CoV-2 and SARS-CoV. *Viruses*, 12(2), 244.

- Xu, L., Wu, J., He, B., Qin, S., Xia, L., Qin, M., ... & Tu, C. (2015). Novel hantavirus identified in black-bearded tomb bats, China. *Infection, Genetics and Evolution*, 31, 158-160.
- Xu, L., Wu, J., Jiang, T., Qin, S., Xia, L., Li, X., ... & Tu, C. (2018). Molecular detection and sequence characterization of diverse rhabdoviruses in bats, China. *Virus research*, 244, 208-212.
- Xu, L., Wu, J., Li, Q., Wei, Y., Tan, Z., Cai, J., ... & Tu, C. (2019). Seroprevalence, cross antigenicity and circulation sphere of bat-borne hantaviruses revealed by serological and antigenic analyses. *PLoS Pathogens*, 15(1), e1007545.
- Xu, L., Zhang, F., Yang, W., Jiang, T., Lu, G., He, B., ... & Tu, C. (2016). Detection and characterization of diverse alpha-and betacoronaviruses from bats in China. *Virologica Sinica*, 31, 69-77.
- Yadav, P. D., Raut, C. G., Shete, A. M., Mishra, A. C., Towner, J. S., Nichol, S. T., & Mourya, D. T. (2012). Detection of Nipah virus RNA in fruit bat (*Pteropus giganteus*) from India. *Am J Trop Med Hyg*, 87(3), 576-578.
- Yadav, P. D., Shete, A. M., Kumar, G. A., Sarkale, P., Sahay, R. R., Radhakrishnan, C., ... & Mourya, D. T. (2019). Nipah virus sequences from humans and bats during Nipah outbreak, Kerala, India, 2018. *Emerging infectious diseases*, 25(5), 1003.
- Yadav, P. D., Shete-Aich, A., Nyayanit, D. A., Pardeshi, P., Majumdar, T., Balasubramanian, R., ... & Mourya, D. T. (2020). Detection of coronaviruses in *Pteropus* & *Rousettus* species of bats from different States of India. *Indian Journal of Medical Research*, 151(2-3), 226-235.
- Yadav, P., Deoshatwar, A., Shete, A., Tandale, B., Patil, D., Dalal, S., & Mourya, D. (2017). Serosurvey of Malsoor virus among *Rousettus leschenaulti* bat & human population residing nearby Robber's cave, Mahabaleshwar, Maharashtra, India. *Indian Journal of Medical Research*, 146(4), 545-547.
- Yadav, P., Sarkale, P., Patil, D., Shete, A., Kokate, P., Kumar, V., ... & Mourya, D. (2016). Isolation of Tioman virus from *Pteropus giganteus* bat in North-East region of India. *Infection, Genetics and Evolution*, 45, 224-229.
- Yadav, P., Sudeep, A., Gokhale, M., Pawar, S., Shete, A., Patil, D., ... & Mourya, D. (2018). Circulation of Nipah virus in *Pteropus giganteus* bats in northeast region of India, 2015. *Indian Journal of Medical Research*, 147(3), 318-320.
- Yan, H., Jiao, H., Liu, Q., Zhang, Z., Xiong, Q., Wang, B. J., ... & Zhao, H. (2021). ACE2 receptor usage reveals variation in susceptibility to SARS-CoV and SARS-CoV-2 infection among bat species. *Nature ecology & evolution*, 5(5), 600-608.
- Yan, X., Prosniak, M., Curtis, M. T., Weiss, M. L., Faber, M., Dietzschold, B., & Fu, Z. F. (2001). Silver-haired bat rabies virus variant does not induce apoptosis in the brain of experimentally infected mice. *Journal of neurovirology*, 7, 518-527.

- Yang, L. E., Wang, Q., Xu, L., Tu, C., Huang, X., & He, B. (2018). Detection and characterization of a novel norovirus in bats, China. *Virologica Sinica*, 33(1), 100-103.
- Yang, L., Wu, Z., Ren, X., Yang, F., He, G., Zhang, J., ... & Jin, Q. (2013). Novel SARS-like betacoronaviruses in bats, China, 2011. *Emerging infectious diseases*, 19(6), 989.
- Yang, L., Wu, Z., Ren, X., Yang, F., Zhang, J., He, G., ... & Jin, Q. (2014). MERS-related betacoronavirus in *Vespertilio superans* bats, China. *Emerging Infectious Diseases*, 20(7), 1260.
- Yang, W., Schountz, T., & Ma, W. (2021). Bat influenza viruses: current status and perspective. *Viruses*, 13(4), 547.
- Yang, X. L., Hu, B., Wang, B., Wang, M. N., Zhang, Q., Zhang, W., ... & Shi, Z. L. (2016). Isolation and characterization of a novel bat coronavirus closely related to the direct progenitor of severe acute respiratory syndrome coronavirus. *Journal of virology*, 90(6), 3253-3256.
- Yang, X. L., Tan, B., Wang, B., Li, W., Wang, N., Luo, C. M., ... & Shi, Z. L. (2015). Isolation and identification of bat viruses closely related to human, porcine and mink orthoreoviruses. *Journal of General Virology*, 96(12), 3525-3531.
- Yang, X. L., Tan, C. W., Anderson, D. E., Jiang, R. D., Li, B., Zhang, W., ... & Shi, Z. L. (2019). Characterization of a filovirus (Měnglà virus) from *Rousettus* bats in China. *Nature microbiology*, 4(3), 390-395.
- Yang, X. L., Zhang, Y. Z., Jiang, R. D., Guo, H., Zhang, W., Li, B., ... & Shi, Z. L. (2017). Genetically diverse filoviruses in *Rousettus* and *Eonycteris spp.* bats, China, 2009 and 2015. *Emerging Infectious Diseases*, 23(3), 482.
- Yang, X., Zhang, Y., Ge, X., Yuan, J., & Shi, Z. (2012). A novel totivirus-like virus isolated from bat guano. *Archives of virology*, 157, 1093-1099.
- Yang, Y. L., Qin, P., Wang, B., Liu, Y., Xu, G. H., Peng, L., ... & Huang, Y. W. (2019). Broad cross-species infection of cultured cells by bat HKU2-related swine acute diarrhea syndrome coronavirus and identification of its replication in murine dendritic cells in vivo highlight its potential for diverse interspecies transmission. *Journal of virology*, 93(24), 10-1128.
- Yang, Y., Liu, C., Du, L., Jiang, S., Shi, Z., Baric, R. S., & Li, F. (2015). Two mutations were critical for bat-to-human transmission of Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Journal of virology*, 89(17), 9119-9123.
- Yinda, C. K., Conceição-Neto, N., Zeller, M., Heylen, E., Maes, P., Ghogomu, S. M., ... & Matthijnssens, J. (2017). Novel highly divergent sapoviruses detected by metagenomics analysis in straw-colored fruit bats in Cameroon: divergent bat sapoviruses. *Emerging microbes & infections*, 6(1), 1-7.
- Yinda, C. K., Ghogomu, S. M., Conceicao-Neto, N., Beller, L., Deboutte, W., Vanhulle, E., ... & Matthijnssens, J. (2018). Cameroonian fruit bats harbor

divergent viruses, including rotavirus H, bastroviruses, and picobirnaviruses using an alternative genetic code. *Virus evolution*, 4(1), vey008.

- Yinda, C. K., Rector, A., Zeller, M., Conceição-Neto, N., Heylen, E., Maes, P., ... & Matthijnssens, J. (2016). A single bat species in Cameroon harbors multiple highly divergent papillomaviruses in stool identified by metagenomics analysis. *Virology Reports*, 6, 74-80.
- Yinda, C. K., Zell, R., Deboutte, W., Zeller, M., Conceição-Neto, N., Heylen, E., ... & Matthijnssens, J. (2017). Highly diverse population of Picornaviridae and other members of the Picornavirales, in Cameroonian fruit bats. *BMC genomics*, 18, 1-14.
- Yinda, C. K., Zeller, M., Conceição-Neto, N., Maes, P., Deboutte, W., Beller, L., ... & Matthijnssens, J. (2016). Novel highly divergent reassortant bat rotaviruses in Cameroon, without evidence of zoonosis. *Scientific reports*, 6(1), 34209.
- Yip, C. W., Hon, C. C., Shi, M., Lam, T. T. Y., Chow, K. Y. C., Zeng, F., & Leung, F. C. C. (2009). Phylogenetic perspectives on the epidemiology and origins of SARS and SARS-like coronaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 9(6), 1185-1196.
- Yob, J. M., Field, H., Rashdi, A. M., Morrissy, C., van der Heide, B., Rota, P., ... & Ksiazek, T. (2001). Nipah virus infection in bats (order Chiroptera) in peninsular Malaysia. *Emerging infectious diseases*, 7(3), 439.
- Younes, S., Younes, N., Shurrah, F., & Nasrallah, G. K. (2021). Severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 natural animal reservoirs and experimental models: systematic review. *Reviews in medical virology*, 31(4), e2196.
- Young, C. C., & Olival, K. J. (2016). Optimizing viral discovery in bats. *PloS one*, 11(2), e0149237.
- Young, P. L., Halpin, K., Selleck, P. W., Field, H., Gravel, J. L., Kelly, M. A., & Mackenzie, J. S. (1996). Serologic evidence for the presence in Pteropus bats of a paramyxovirus related to equine morbillivirus. *Emerging infectious diseases*, 2(3), 239.
- Yu, M., Tachedjian, M., Crameri, G., Shi, Z., & Wang, L. F. (2010). Identification of key amino acid residues required for horseshoe bat angiotensin-I converting enzyme 2 to function as a receptor for severe acute respiratory syndrome coronavirus. *Journal of General Virology*, 91(7), 1708-1712.
- Yu, P., Hu, B., Shi, Z. L., & Cui, J. (2019). Geographical structure of bat SARS-related coronaviruses. *Infection, Genetics and Evolution*, 69, 224-229.
- Yuan, J., Hon, C. C., Li, Y., Wang, D., Xu, G., Zhang, H., ... & Shi, Z. (2010). Intraspecies diversity of SARS-like coronaviruses in *Rhinolophus sinicus* and its implications for the origin of SARS coronaviruses in humans. *Journal of general virology*, 91(4), 1058-1062.
- Yuan, J., Zhang, Y., Li, J., Zhang, Y., Wang, L. F., & Shi, Z. (2012). Serological evidence of ebolavirus infection in bats, China. *Virology journal*, 9, 1-5.

- Yuan, L., Li, M., Li, L., Monagin, C., Chmura, A. A., Schneider, B. S., ... & Chen, J. (2014). Evidence for retrovirus and paramyxovirus infection of multiple bat species in China. *Viruses*, 6(5), 2138-2154.
- Yuan, Y., Qi, J., Peng, R., Li, C., Lu, G., Yan, J., ... & Gao, G. F. (2020). Molecular basis of binding between Middle East respiratory syndrome coronavirus and CD26 from seven bat species. *Journal of Virology*, 94(5), 10-1128.
- Yung, V., Favi, M., & Fernández, J. (2002). Genetic and antigenic typing of rabies virus in Chile: Brief Report. *Archives of virology*, 147, 2197-2205.
- Yung, V., Favi, M., & Fernandez, J. (2012). Typing of the rabies virus in Chile, 2002–2008. *Epidemiology & Infection*, 140(12), 2157-2162.
- Zana, B., Kemenesi, G., Buzás, D., Csorba, G., Görföl, T., Khan, F. A. A., ... & Jakab, F. (2019). Molecular identification of a novel hantavirus in Malaysian bronze tube-nosed bats (*Murina aenea*). *Viruses*, 11(10), 887.
- Zana, B., Kemenesi, G., Urbán, P., Földes, F., Görföl, T., Estók, P., ... & Jakab, F. (2018). Metagenomic analysis of bat guano samples revealed the presence of viruses potentially carried by insects, among others by *Apis mellifera* in Hungary. *Acta Veterinaria Hungarica*, 66(1), 151-161.
- Zeghib, S., Herczeg, R., Kemenesi, G., Zana, B., Kurucz, K., Urbán, P., ... & Jakab, F. (2019). Genetic characterization of a novel picornavirus in Algerian bats: co-evolution analysis of bat-related picornaviruses. *Scientific Reports*, 9(1), 15706.
- Zeng, L. P., Gao, Y. T., Ge, X. Y., Zhang, Q., Peng, C., Yang, X. L., ... & Shi, Z. L. (2016). Bat severe acute respiratory syndrome-like coronavirus WIV1 encodes an extra accessory protein, ORFX, involved in modulation of the host immune response. *Journal of virology*, 90(14), 6573-6582.
- Zeus, V. M., Köhler, A., Reusch, C., Fischer, K., Balkema-Buschmann, A., & Kerth, G. (2020). Analysis of astrovirus transmission pathways in a free-ranging fission-fusion colony of Natterer's bats (*Myotis nattereri*). *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 74, 1-11.
- Zhai, X., Sun, J., Yan, Z., Zhang, J., Zhao, J., Zhao, Z., ... & Su, S. (2020). Comparison of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 spike protein binding to ACE2 receptors from human, pets, farm animals, and putative intermediate hosts. *Journal of virology*, 94(15), 10-1128.
- Zhang, C., Sheng, J., Zhao, Z., Yan, C., Tu, C., & He, B. (2019). Genomic characterization of the first parechovirus in bats. *Virologica Sinica*, 34, 471-473.
- Zhang, C., Wang, Z., Cai, J., Yan, X., Zhang, F., Wu, J., ... & He, B. (2020). Seroreactive profiling of filoviruses in Chinese bats reveals extensive infection of diverse viruses. *Journal of Virology*, 94(7), 10-1128.

- Zhang, G., Li, B., Yoo, D., Qin, T., Zhang, X., Jia, Y., & Cui, S. (2021). Animal coronaviruses and SARS-CoV-2. *Transboundary and emerging diseases*, 68(3), 1097-1110.
- Zhang, H., Todd, S., Tachedjian, M., Barr, J. A., Luo, M., Yu, M., ... & Wang, L. F. (2012). A novel bat herpesvirus encodes homologues of major histocompatibility complex classes I and II, C-type lectin, and a unique family of immune-related genes. *Journal of virology*, 86(15), 8014-8030.
- Zhang, Q., Zeng, L. P., Zhou, P., Irving, A. T., Li, S., Shi, Z. L., & Wang, L. F. (2017). IFNAR2-dependent gene expression profile induced by IFN- α in *Pteropus alecto* bat cells and impact of IFNAR2 knockout on virus infection. *PLoS one*, 12(8), e0182866.
- Zhang, R., Xiao, K., Gu, Y., Liu, H., & Sun, X. (2020). Whole genome identification of potential G-quadruplexes and analysis of the G-quadruplex binding domain for SARS-CoV-2. *Frontiers in genetics*, 11, 587829.
- Zhang, Y. Z. (2014). Discovery of hantaviruses in bats and insectivores and the evolution of the genus Hantavirus. *Virus Research*, 187, 15-21.
- Zhang, Y., Wen, J., Li, X., & Li, G. (2021). Exploration of hosts and transmission traits for SARS-CoV-2 based on the k-mer natural vector. *Infection, Genetics and Evolution*, 93, 104933.
- Zheng, X. Y., Qiu, M., Chen, S. W., Xiao, J. P., Ma, L. Z., Liu, S., ... & Chen, Q. (2016). High prevalence and diversity of viruses of the subfamily Gammaherpesvirinae, family Herpesviridae, in fecal specimens from bats of different species in southern China. *Archives of virology*, 161, 135-140.
- Zheng, X. Y., Qiu, M., Guan, W. J., Li, J. M., Chen, S. W., Cheng, M. J., ... & Chen, Q. (2018). Viral metagenomics of six bat species in close contact with humans in southern China. *Archives of virology*, 163, 73-88.
- Zhou, B., Ma, J., Liu, Q., Bawa, B., Wang, W., Shabman, R. S., ... & Ma, W. (2014). Characterization of uncultivable bat influenza virus using a replicative synthetic virus. *PLoS pathogens*, 10(10), e1004420.
- Zhou, H., Chen, X., Hu, T., Li, J., Song, H., Liu, Y., ... & Shi, W. (2020). A novel bat coronavirus closely related to SARS-CoV-2 contains natural insertions at the S1/S2 cleavage site of the spike protein. *Current biology*, 30(11), 2196-2203.
- Zhou, H., Ji, J., Chen, X., Bi, Y., Li, J., Wang, Q., ... & Shi, W. (2021). Identification of novel bat coronaviruses sheds light on the evolutionary origins of SARS-CoV-2 and related viruses. *Cell*, 184(17), 4380-4391.
- Zhou, J., Li, C., Liu, X., Chiu, M. C., Zhao, X., Wang, D., ... & Yuen, K. Y. (2020). Infection of bat and human intestinal organoids by SARS-CoV-2. *Nature medicine*, 26(7), 1077-1083.
- Zhou, P., Cowled, C., Todd, S., Crameri, G., Virtue, E. R., Marsh, G. A., ... & Baker, M. L. (2011). Type III IFNs in pteropid bats: differential expression

patterns provide evidence for distinct roles in antiviral immunity. *The Journal of Immunology*, 186(5), 3138-3147.

- Zhou, P., Fan, H., Lan, T., Yang, X. L., Shi, W. F., Zhang, W., ... & Ma, J. Y. (2018). Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature*, 556(7700), 255-258.
- Zhou, P., Tachedjian, M., Wynne, J. W., Boyd, V., Cui, J., Smith, I., ... & Baker, M. L. (2016). Contraction of the type I IFN locus and unusual constitutive expression of IFN- α in bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(10), 2696-2701.
- Zhu, A., Jiang, T., Hu, T., Mi, S., Zhao, Z., Zhang, F., ... & Tu, C. (2018). Molecular characterization of a novel bat-associated circovirus with a poly-T tract in the 3' intergenic region. *Virus research*, 250, 95-103.
- Zhu, C., Wang, C., Wu, J., Ye, F., Lv, R., Hu, D., ... & Tan, W. (2020). Distribution and genetic diversity of adeno-associated viruses in bats from coastal areas of Southeast China. *Scientific Reports*, 10(1), 3725.
- Zhu, H. C., Chu, D. K., Liu, W., Dong, B. Q., Zhang, S. Y., Zhang, J. X., ... & Guan, Y. (2009). Detection of diverse astroviruses from bats in China. *Journal of general virology*, 90(4), 883-887.
- Zhuang, Q., Wang, S., Liu, S., Hou, G., Li, J., Jiang, W., ... & Chen, J. (2019). Diversity and distribution of type A influenza viruses: an updated panorama analysis based on protein sequences. *Virology Journal*, 16, 1-38.
- Zhuo, X., & Feschotte, C. (2015). Cross-species transmission and differential fate of an endogenous retrovirus in three mammal lineages. *PLoS pathogens*, 11(11), e1005279.
- Zhuo, X., Rho, M., & Feschotte, C. (2013). Genome-wide characterization of endogenous retroviruses in the bat *Myotis lucifugus* reveals recent and diverse infections. *Journal of virology*, 87(15), 8493-8501.
- Zieger, U., Cheetham, S., Santana, S. E., Leiser-Miller, L., Matthew-Belmar, V., Goharriz, H., & Fooks, A. R. (2017). Natural exposure of bats in Grenada to rabies virus. *Infection ecology & epidemiology*, 7(1), 1332935.
- Żmudzki, J. A. C. E. K. (2017). Free-living animals as a source of zoonotic microorganisms.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

ACTA DE EXAMEN DE GRADO

Nº. 002/37

Matrícula: 2212801305

Análisis bibliométrico y filogenético de la investigación de murciélagos y virus en el mundo (1990-2021).

En la Ciudad de México, se presentaron a las 11:00 horas del día 6 del mes de febrero del año 2025 en la Unidad Iztapalapa de la Universidad Autónoma Metropolitana, los suscritos miembros del jurado:

DR. MIGUEL ANGEL LEON GALVAN
DR. JOSE ALVARO AGUILAR SETIEN
DR. MIGUEL ANGEL LEON TAPIA
DR. FERNANDO SALGADO MEJIA

Bajo la Presidencia del primero y con carácter de Secretario el último, se reunieron para proceder al Examen de Grado cuya denominación aparece al margen, para la obtención del grado de:

MAESTRO EN BIOLOGÍA

DE: WENCESLAO PARRILLA MARTINEZ

y de acuerdo con el artículo 78 fracción III del Reglamento de Estudios Superiores de la Universidad Autónoma Metropolitana, los miembros del jurado resolvieron:

APROBAR

Acto continuo, el presidente del jurado comunicó al interesado el resultado de la evaluación y, en caso aprobatorio, le fue tomada la protesta.

REVISÓ

MTA. ROSALÍA SERRANO DE LA PAZ
DIRECTORA DE SISTEMAS ESCOLARES

DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CBS

DR. JOSE LUIS GÓMEZ OLIVARES

PRESIDENTE

DR. MIGUEL ANGEL LEON GALVAN

VOCAL

DR. JOSE ALVARO AGUILAR SETIEN

VOCAL

DR. MIGUEL ANGEL LEON TAPIA

SECRETARIO

DR. FERNANDO SALGADO MEJIA