**附件：**

**SARS冠状病毒溯源研究集体**

**中国科学院武汉病毒研究所**

**研究集体主要科技贡献：**

持续多年开展SARS冠状病毒的动物溯源研究。在我国蝙蝠粪便样品中分离、鉴定了多株与SARS冠状病毒高度同源并可使用相同细胞受体、具有潜在跨种传播风险的SARS样冠状病毒。发现云南一处菊头蝠种群为SARS冠状病毒的天然基因库，其携带的SARS样冠状病毒含有SARS冠状病毒全部基因组组分，揭示SARS冠状病毒的直接祖先可能来源于蝙蝠SARS样冠状病毒的重组。建立了高效的SARS样冠状病毒反向遗传学系统，对新型SARS样冠状病毒的附属基因功能进行了初步研究，评估了SARS冠状病毒单克隆抗体对蝙蝠SARS样冠状病毒的中和与保护效果。该项目成果充分、有力地证实了SARS冠状病毒的蝙蝠起源，为类似SARS的蝙蝠源新发冠状病毒病的防治提供了重要依据。

**研究集体突出贡献者及主要科技贡献：**

**突出贡献者姓名 石正丽**

**工作单位 中国科学院武汉病毒研究所**

**主要科技贡献：证实SARS病毒起源于蝙蝠，揭示我国蝙蝠携带SARS样冠状病毒的跨种传播风险。**

**研究集体主要完成者及工作单位：**

**姓名 工作单位**

杨兴娄 中国科学院武汉病毒研究所

葛行义 湖南大学

胡犇 中国科学院武汉病毒研究所

曾磊平 上海交通大学

张玮 中国科学院武汉病毒研究所

李贝 中国科学院武汉病毒研究所

朱燕 中国科学院武汉病毒研究所