

Trabajo de grado para aspirar al título de Medicina Veterinaria y Zootecnia

Nipah virus en Quirópteros: Revisión sistemática y meta-análisis

Juan Alejandro Gaviria Ramírez

Asesores:

Alfonso Javier Rodríguez Morales

Diana. Katterine Bonilla Aldana

Universidad Tecnológica de Pereira

Facultad Ciencias de la Salud

Medicina Veterinaria y Zootecnia

Pereira

2020

Infección por Nipah virus en Quirópteros: Revisión sistemática y meta-análisis

Juan Alejandro Gaviria Ramírez^{1,2}, Alfonso J. Rodríguez Morales^{1,2,3,4}, D. Katterine Bonilla Aldana¹

¹Grupo y Semillero de Investigación y Salud Pública e Infección, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia.

²Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia.

³Codiirector Grupo y Semillero de Investigación en Salud Pública e Infección, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia.

⁴Investigador Senior COLCIENCIAS, Colombia.

Resumen

Introducción: Los virus Nipah son paramixovirus que están presentes en múltiples especies animales y también afectando al ser humano. Los estudios de prevalencia han mostrado tradicionalmente una amplia variación por lo cual es de interés meta-analizar dicha frecuencia y conocer su distribución geográfica y de acuerdo a las técnicas empleadas para su detección. **Objetivos:** Meta-analizar la prevalencia de Nipah en quirópteros a nivel mundial. **Metodología:** Se realizó una revisión sistemática de la literatura en seis bases de datos internacionales (Web of Sciences, Scopus, PubMed, SciELO, Lilacs y Google Scholar) para evaluar la proporción de quirópteros infectados con el virus Nipah, por técnicas moleculares y/o inmunológicas. Se realizó un meta-análisis utilizando un modelo de efectos aleatorios para calcular la prevalencia combinada y los intervalos de confianza del 95% (IC95%). Se usó un nivel alfa del 5% de 2 colas para las pruebas de hipótesis. Se estimó y reportó medidas de heterogeneidad, incluida la estadística Q de Cochrane, el índice I² y la prueba de tau cuadrado. **Resultados:** De un total de 18 estudios con 106 subgrupos, se obtuvo un total de 4.497 quirópteros evaluados por ELISA, 646 por PRNT y 3.762 por PCR. Por ELISA se obtuvo una

prevalencia combinada de 5,6% (IC95% 4,1-7,2%). Por PRNT se obtuvo una prevalencia combinada de 15,2% (IC95% 7,8-22,5%). Y por PCR se obtuvo una prevalencia combinada de 1,8% (IC95% 1,0-2,5%). **Conclusión:** El presente meta-análisis confirma la circulación, por métodos moleculares y serológicos, de Nipah y henipavirus en murciélagos de múltiples países y continentes, especialmente del continente Asiático. Para América Latina, aún no se confirma circulación específica de virus Nipah, pero sí de Henipavirus en quirópteros. Se requieren entonces más estudios al respecto.

Palabras clave: Nipah, Serología, Diagnóstico molecular, RT-PCR, Revisión sistemática, Meta-análisis.

Abstract

Introduction: Nipah viruses are paramyxoviruses that are present in multiple animal species and also affect humans. Prevalence studies have traditionally shown a wide variation, which is why it is of interest to meta-analyze said frequency and know its geographical distribution and according to the techniques used for its detection.

Objectives: Meta-analyze the prevalence of Nipah in chiropterans worldwide.

Methodology: A systematic review of the literature was carried out in six international databases (Web of Sciences, Scopus, PubMed, SciELO, Lilacs and Google Scholar) to evaluate the proportion of bats infected with the Nipah virus, by molecular techniques and / or immunological. A meta-analysis was performed using a random effects model to calculate the pooled prevalence and 95% confidence intervals (95% CI). A 2-tailed 5% alpha level was used for hypothesis testing. Measures of heterogeneity were estimated and reported, including Cochrane's Q statistic, I^2 index, and tau-squared test. **Results:** From a total of 18 studies with 106 subgroups, a total of 4,497 chiropterans evaluated by ELISA, 646 by PRNT and 3,762 by PCR were obtained. By ELISA, a combined prevalence of 5.6% (95% CI 4.1-7.2%) was obtained. By PRNT a combined prevalence of 15.2% was obtained (95% CI 7.8-22.5%). And by PCR a combined prevalence of 1.8% (95% CI 1.0-2.5%) was obtained. **Conclusion:** The present meta-analysis confirms the circulation, by

molecular and serological methods, of Nipah and henipavirus in bats from multiple countries and continents, especially from the Asian continent. For Latin America, the specific circulation of Nipah virus has not yet been confirmed, but it has been confirmed for Henipavirus in chiropterans. More studies are then required in this regard.

Keywords: Nipah, Serology, Molecular diagnosis, RT-PCR, Systematic review, Meta-analysis.

Introducción

El virus Nipah es un patógeno emergente, perteneciente a la familia Paramyxoviridae, del género *Henipavirus*, el cual puede afectar principalmente a humanos y porcinos y cuyo reservorio son los murciélagos del género *Pteropus* (1). En sus primeros brotes entre los años 1998 y 1999 en los países de Malasia y Singapur se presentaron infecciones en humanos y porcinos las cuales ocasionaron la muerte de aproximadamente el 40% de la población de personas infectadas en Malasia (105 de 265 casos reportados en humanos) y de un 9% en Singapur, además del sacrificio de más de un millón de cerdos y altas pérdidas económicas (2).

El virus Nipah, a diferencia de la mayoría de Paramyxovirus, posee una amplia predilección de especies, este puede infectar cerdos, caballos, perros y humanos debido al consumo de frutas y aguas contaminadas con las excretas de los murciélagos, además del consumo por parte de los humanos de la salvia de la palma datilera de la cual también se alimentan los murciélagos contaminándola con sus heces y orina. En humanos también se ha identificado la transmisión por contacto prolongado con cerdos infectados (1).

Los murciélagos del género *Pteropus*, son potenciales reservorios para el virus Nipah, el cual puede cruzar la barrera de especie característica que lo hace un patógeno zoonótico. Sin embargo, la vigilancia epidemiológica para determinar el riesgo de infección de estas patologías ha sido muy limitada y no se tienen protocolos que determinen el nivel de riesgo en las zonas donde habitan los mamíferos voladores ni su prevalencia, permitiendo así la diseminación del virus y ocasionando la muerte de humanos y porcinos que además generan grandes pérdidas económicas (3).

Los brotes del virus Nipah en cerdos han generado pérdidas económicas a los productores debido a que la identificación de animales infectados conllevaba al beneficio de la totalidad de los animales del predio y de los predios que estuvieran en un radio menor a 500m del lugar de la identificación, dejando más de 1 millón de animales

sacrificados y grandes pérdidas para la industria porcícola en los países donde se dieron los brotes (4).

En las últimas décadas el virus Nipah se ha considerado de preocupación regional y global, por parte de la Organización Mundial de la Salud (OMS). En 2018 se evaluaron evidencias científicas de su riesgo por parte del comité de expertos de enfermedades emergentes (5).

En un estudio realizado en India, en donde se capturaron 41 murciélagos de la especie *Pteropus giganteus*, tomando muestras de sangre que fueron sometidas a ELISA, 26 (63%) dieron resultados positivos para el anticuerpo de Nipah virus (6). En Malasia muestrearon 253 murciélagos *Pteropus Vampyrus*, de los cuales 82 (32.8%) dieron resultados positivos por métodos moleculares (7). En otro estudio realizado en Madagascar se evaluaron 740 murciélagos (314 *Eidolon dupreanum*, 201 *Pteropus rufus*, 225 *Rousettus madagascariensis*). A los *Eidolon dupreanum* se les realizó prueba para la identificación del antígeno NiV-G, encontrando 76 positivos, lo cual equivale a un 24.2% de prevalencia del virus (8). En adición a Asia, existen datos de América Latina. En Brasil, se capturaron 76 murciélagos de diferentes especies, en donde tomaron muestras de sangre, orina y heces. Estas fueron sometidas a pruebas de ELISA, obteniendo resultados positivos para Nipah virus en 9/76 animales muestreados y por medio la prueba de inmunofluorescencia indirecta 13/76 resultados positivos (9).

Las manifestaciones clínicas de los humanos infectados por el virus Nipah, pueden ir desde cuadros febriles y dolores de cabeza hasta encefalitis letales. El virus Nipah tiene un periodo de incubación que puede variar entre los 4 días y los 2 meses, pero en el 90% de los casos es de 2 semanas o menos. Sus principales manifestaciones clínicas suelen ser migrañas, fiebres altas, somnolencia, vómitos, hasta cuadros severos de encefalitis (1). En varios pacientes se presentó una disminución en el nivel de conciencia y signos de disfunción en el tronco encefálico, incluyendo anomalías en los reflejos palpebrales y pupilares, además de cambios en el sistema vasomotor, convulsiones y espasmos mioclónicos. Las manifestaciones neurológicas pueden ser variadas y multifocales incluyendo meningitis aséptica, encefalitis generalizada y alteraciones focales en el

tronco encefálico, además de cambios en el comportamiento como la depresión, cambios en la personalidad, déficit de atención. En algunos casos se pueden presentar sintomatologías respiratorias (1).

Hasta el momento no existen vacunas ni tratamientos etiológicos para el virus Nipah lo cual representa un gran problema dada su alta letalidad y que solo se pueden llevar a cabo tratamientos sintomáticos por medio de anticonvulsivantes o ventilaciones mecánicas a pacientes con manifestaciones respiratorias (1). Los cuales se pueden confundir con la sintomatología de otras enfermedades por ejemplo la Encefalitis Japonesa B generando problemas para el diagnóstico oportuno de la enfermedad, además también existen presentaciones asintomáticas del virus. El diagnóstico de NiV se puede llevar a cabo por medio de PCR lo cual puede generar fuertes limitaciones para el diagnóstico (1).

Materiales y métodos

Protocolo:

Este protocolo sigue las recomendaciones establecidas por la declaración PRISMA

.

Criterios de elegibilidad: Se incluyeron artículos revisados por pares que informaron la infección por el virus Nipah en murciélagos con confirmación serológica o molecular por RT-PCR. No se estableció el límite de idioma del artículo, e incluimos publicaciones desde el 1 de enero de 2002 hasta el 1 de abril de 2020, cuando finalizó la búsqueda. Los artículos de revisión, opinión y correspondencia que no presentan datos originales fueron excluidos del estudio, así como los informes con información incompleta.

Fuentes de información y estrategia de búsqueda:

Realizamos una revisión sistemática utilizando Medline / PubMed, Scopus y Web of Sciences. "Nipah Bats", "Prevalence Nipah Bats", "Epidemiology Nipah Bats". Las búsquedas concluyeron el 1 de abril de 2020, y cuatro investigadores diferentes evaluaron de forma independiente los resultados.

Selección de los estudios:

Los resultados de la estrategia de búsqueda inicial se seleccionaron primero por título y resumen. Se examinó el texto completo de los artículos relevantes para los criterios de inclusión y exclusión. Cuando un artículo informó información duplicada del mismo paciente, la información de ambos informes se combinó para obtener datos complementarios, contando como un solo caso. Se incluyeron estudios de observación que informaron la frecuencia de infección por el virus Nipah en murciélagos para síntesis cuantitativa (meta-análisis).

Proceso de recopilación de datos y elementos de datos:

Los formularios de extracción de datos que incluyen información sobre el tipo de publicación, la institución editorial, el país, el año y la fecha de publicación, así como el número de animales infectados evaluados por RT-PCR fueron llenados independientemente por cuatro investigadores. Un investigador adicional verificó la lista de artículos y las extracciones de datos para asegurarse de que no hubiera artículos duplicados o información duplicada del mismo estudio y también resolvió las discrepancias sobre la inclusión del estudio.

Evaluación de la calidad metodológica y el riesgo de sesgo:

Para evaluar la calidad de los estudios transversales (AXIS), utilizamos la herramienta de evaluación crítica de la Lista de evaluación de la calidad de los estudios de series de casos del Instituto de Economía de la Salud (IHE). El sesgo de publicación se evaluó utilizando un gráfico en embudo. Se usó un modelo de efectos aleatorios para calcular la prevalencia agrupada y el IC del 95%, dados los grados variables de heterogeneidad de datos y la heterogeneidad inherente en cualquier revisión sistemática de estudios de la literatura publicada.

Enfoque estadístico:

La discordancia de unidades para las variables se resolvió convirtiendo todas las unidades en una medida estándar. Los porcentajes y las medias \pm desviación estándar

(DE) se calcularon para describir las distribuciones de variables categóricas y continuas, respectivamente. Dado que la información del paciente individual no estaba disponible para todos los pacientes, informamos medios ponderados y DE. Los datos de referencia se analizaron con Stata versión 14.0, con licencia de la Universidad Tecnológica de Pereira.

Los Meta-análisis se realizaron con Stata, Open Meta [Analyst] (47) y Comprehensive Meta Analysis ve.3.3® con licencia de la Universidad Tecnológica de Pereira. Las prevalencias agrupadas y sus intervalos de confianza del 95% (IC del 95%) se usaron para resumir el tamaño del efecto ponderado para cada variable de agrupación de estudio utilizando el modelo binario de efectos aleatorios, teniendo en cuenta el tamaño de la muestra de los estudios individuales. Para la mediana de edad, se aplicó un modelo continuo de efectos aleatorios (procedimiento DerSimonian-Laird). Un modelo de Meta-análisis de efectos aleatorios implica la suposición de que los efectos que se estiman en los diferentes estudios no son idénticos, sino que siguen cierta distribución. Para los análisis de efectos aleatorios, la estimación agrupada y los IC del 95% se refieren al centro de la distribución de la prevalencia agrupada, pero no describen el ancho de la distribución. A menudo, la estimación agrupada y su IC del 95% se citan de forma aislada como una estimación alternativa de la cantidad evaluada en un Meta-análisis de efectos fijos, lo cual es inapropiado. El IC del 95% de un Meta-análisis de efectos aleatorios describe la incertidumbre en la ubicación de la media de prevalencia sistemáticamente diferente en diferentes estudios.

Se estimaron e informaron medidas de heterogeneidad, incluida la estadística Q de Cochran, el índice I^2 y la prueba de tau cuadrado. Realizamos análisis de subgrupos por técnica, animal y país, y metaanálisis para cada una de las variables de interés.

Resultados

De un total de 18 estudios con 106 subgrupos, se obtuvo un total de 4.497 quirópteros evaluados por ELISA (Cuadro 1, Anexos), 646 por PRNT (Cuadro 2, Anexos) y 3.762 por PCR (Cuadro 3, Anexos).

Por ELISA se obtuvo una prevalencia combinada de 5,6% (IC95% 4,1-7,2%) (Figura 1) ($\tau^2=0,001$; Q de Cochran=412,42; $I^2=84,48$; $p<0,001$).

Al analizar dicho valor por países se encontró una gran variación, la mayor prevalencia combinada se encontró en Papua Nueva Guinea (60,2%) (IC95% 47,3-73,1%) (Figura 2), seguido por India (17,3%) (IC95% 2,5-32,1%), y Brasil (10,7%) (IC95% 4,3%-17,0%) entre otros (Figura 2) (Cuadro 1, Anexos).

Al ver ello por continentes se observó que la mayor prevalencia se encontró en las Américas (23,4%) (IC95% 9,1-37,7%) para la variante de virus tipo Henipa, seguido por Asia (4,6%) (IC95% 3,2-6,1%), que corresponde fundamentalmente a virus Nipah propiamente (Figura 3) (Cuadro 1, Anexos).

Por PRNT se obtuvo una prevalencia combinada de 15,2% (IC95% 7,8-22,5%) (Figura 4) ($\tau^2=0,015$; Q de Cochran=115,786; $I^2=86,181$; $p<0,001$).

Por PCR se obtuvo una prevalencia combinada de 1,8% (IC95% 1,0-2,5%) (Figura 5) ($\tau^2<0,001$; Q de Cochran=69,388; $I^2=43,795$; $p<0,001$).

Al analizar dicho valor por países se encontró una gran variación, la mayor prevalencia combinada se encontró en Indonesia (2,9%) (IC95% 0,2-5,6%) (Figura 6), seguido por India (2,6%) (IC95% 0,2-5,0%), y Tailandia (1,7%) (IC95% 0,9%-2,4%) entre otros (Cuadro 3, Anexos).

Figura 1. Prevalencia combinada de Nipah en murciélagos por ELISA.

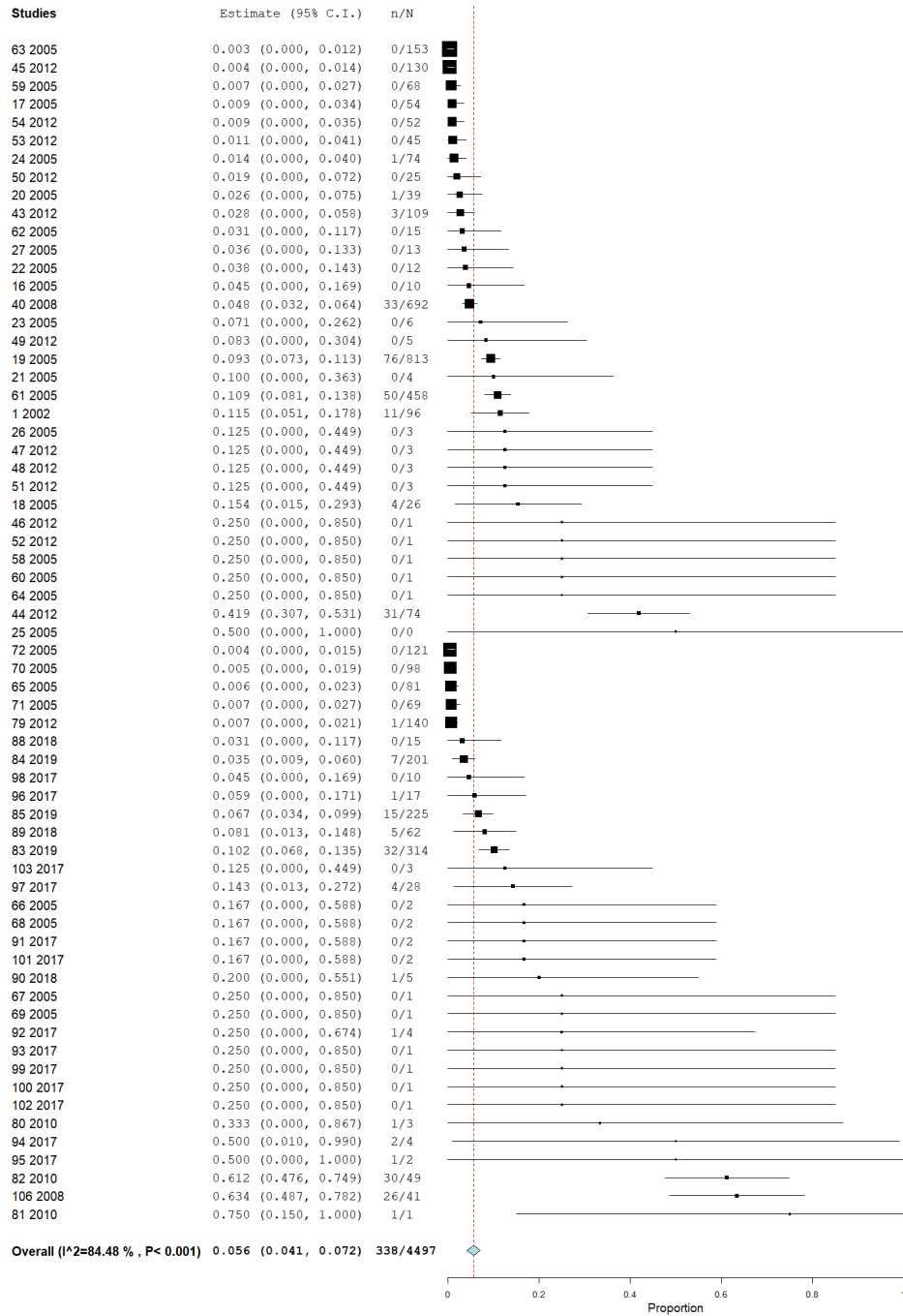


Figura 2. Prevalencia combinada de Nipah en murciélagos por ELISA y por países.

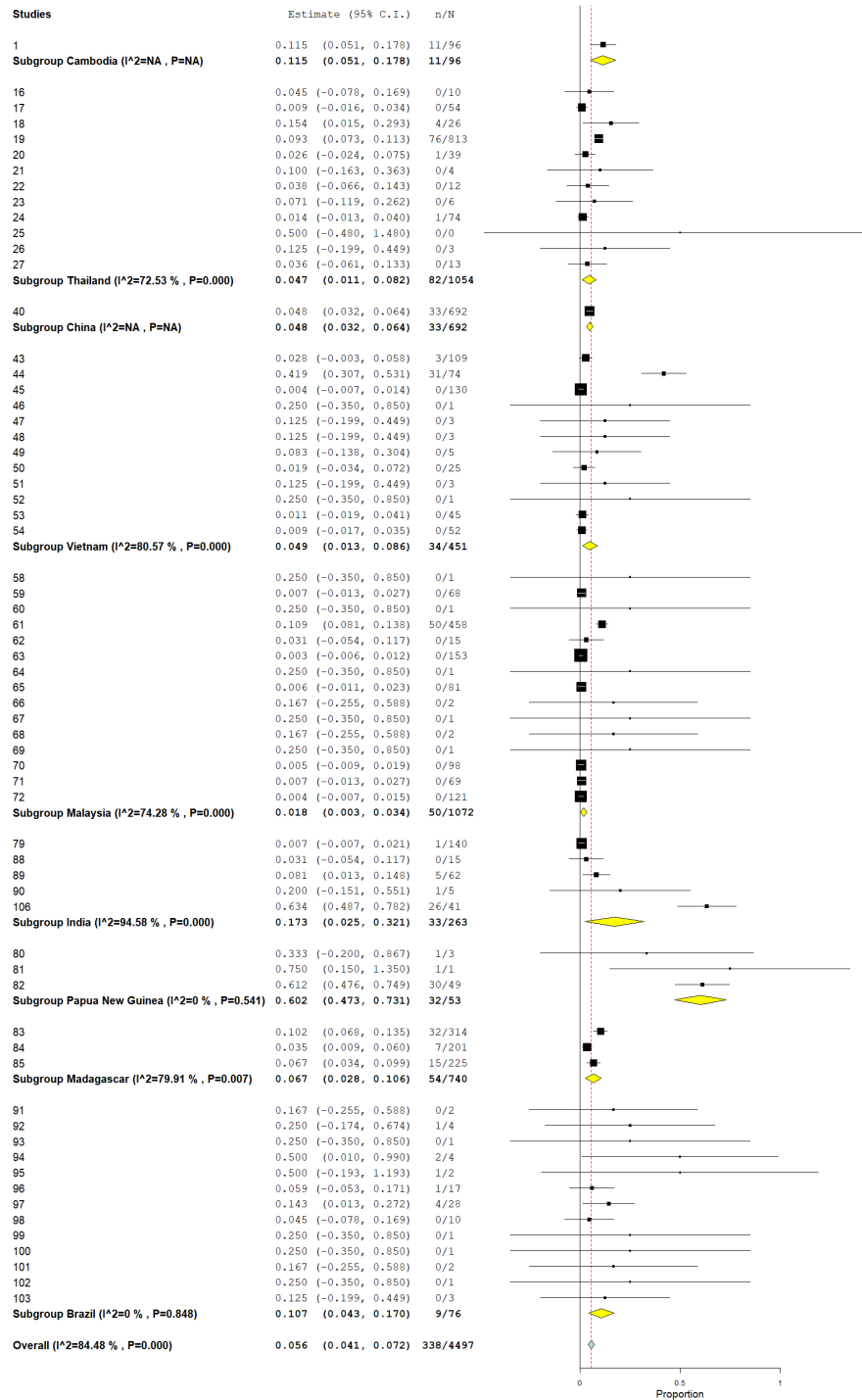


Figura 3. Prevalencia combinada de Nipah por ELISA en murciélagos por continentes.

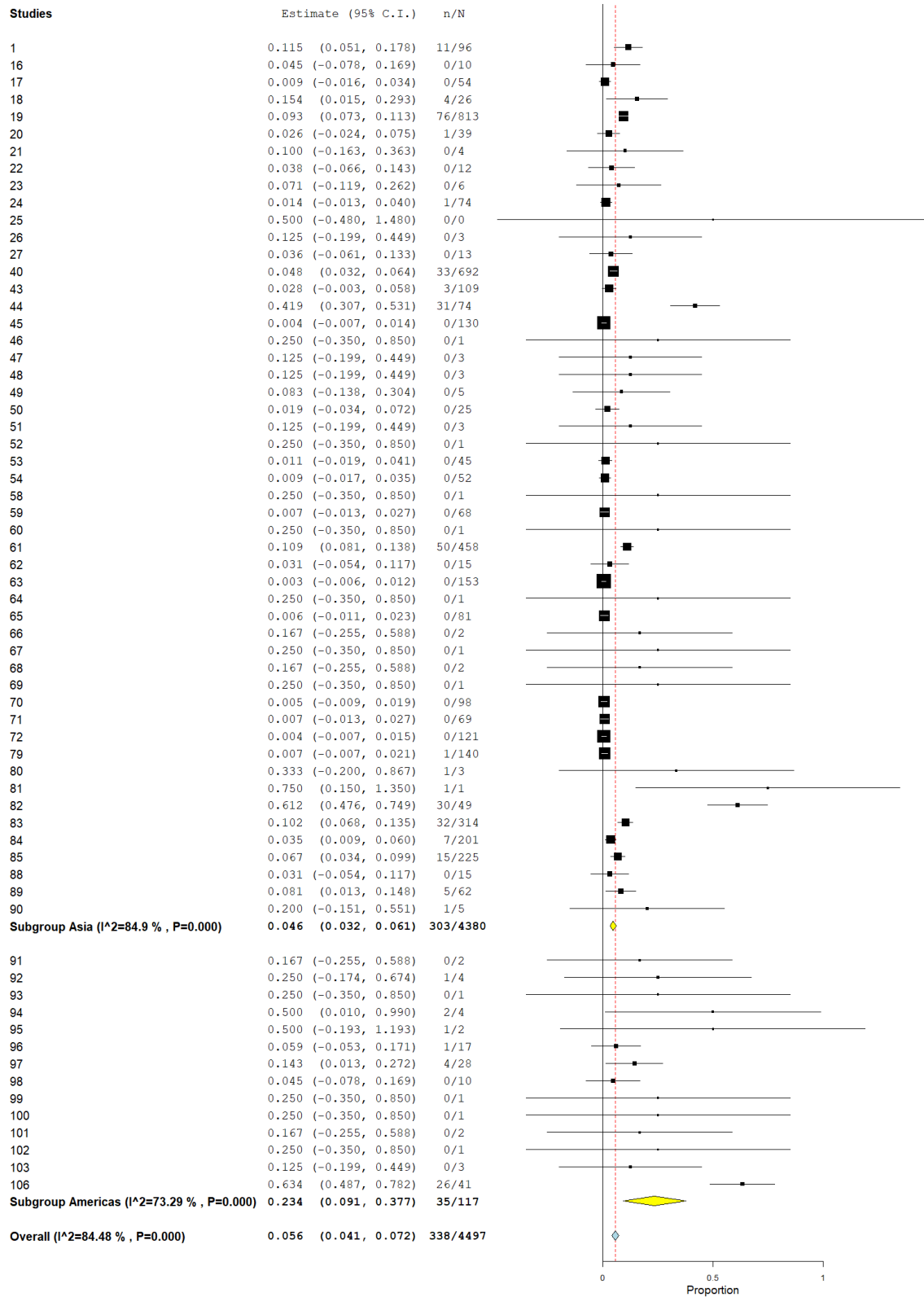


Figura 4. Prevalencia combinada de Nipah en murciélagos por PRNT.

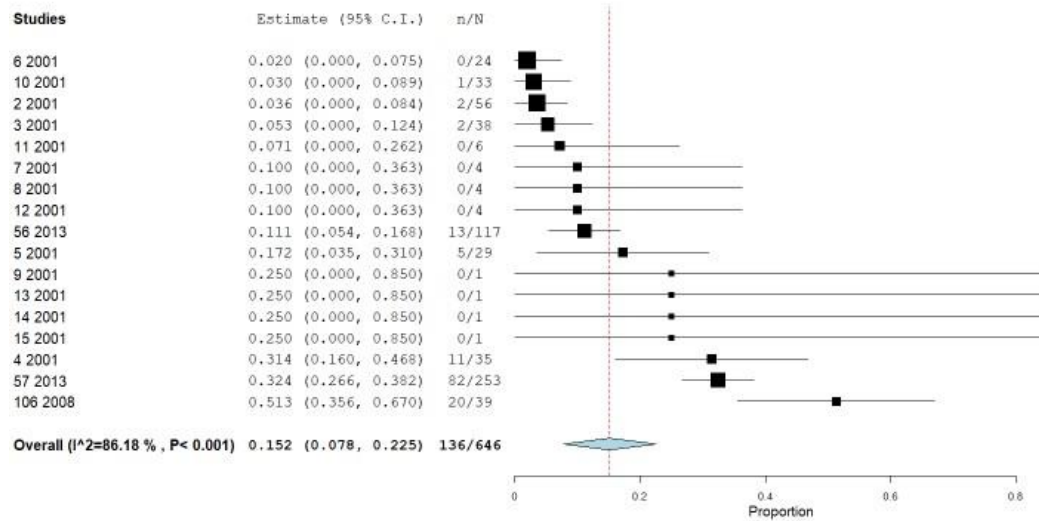


Figura 5. Prevalencia combinada de Nipah en murciélagos por PCR.

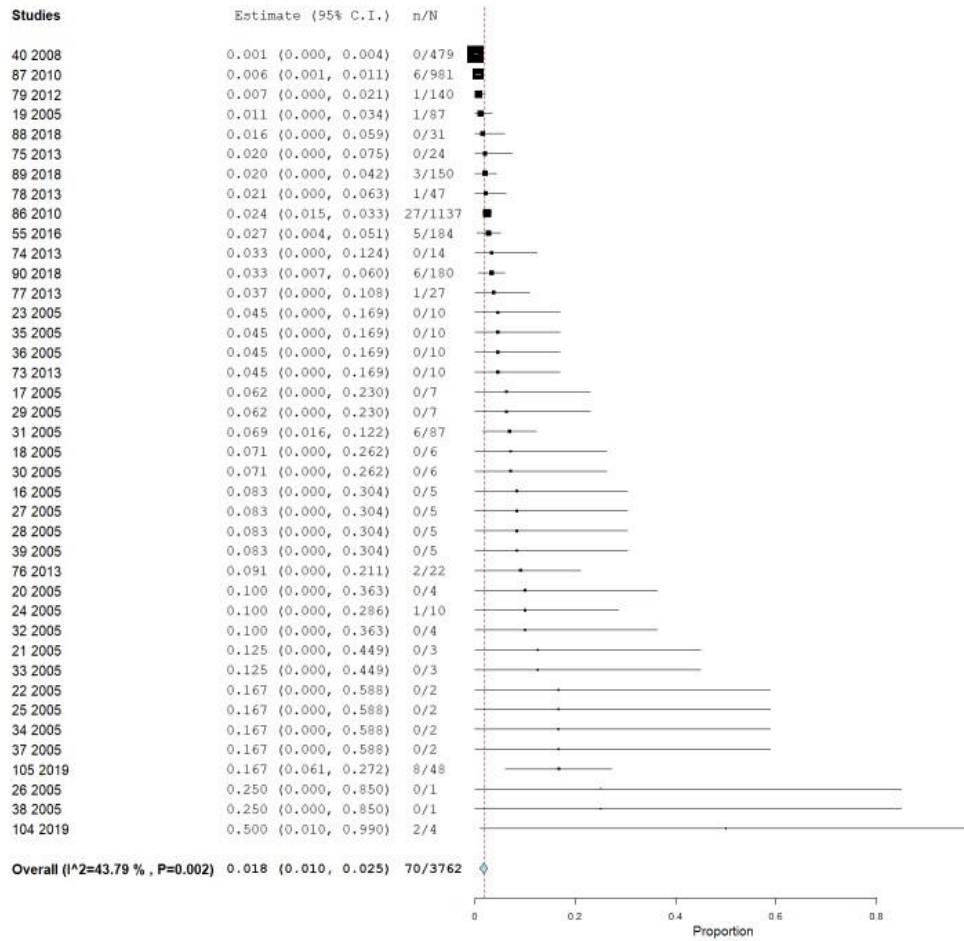
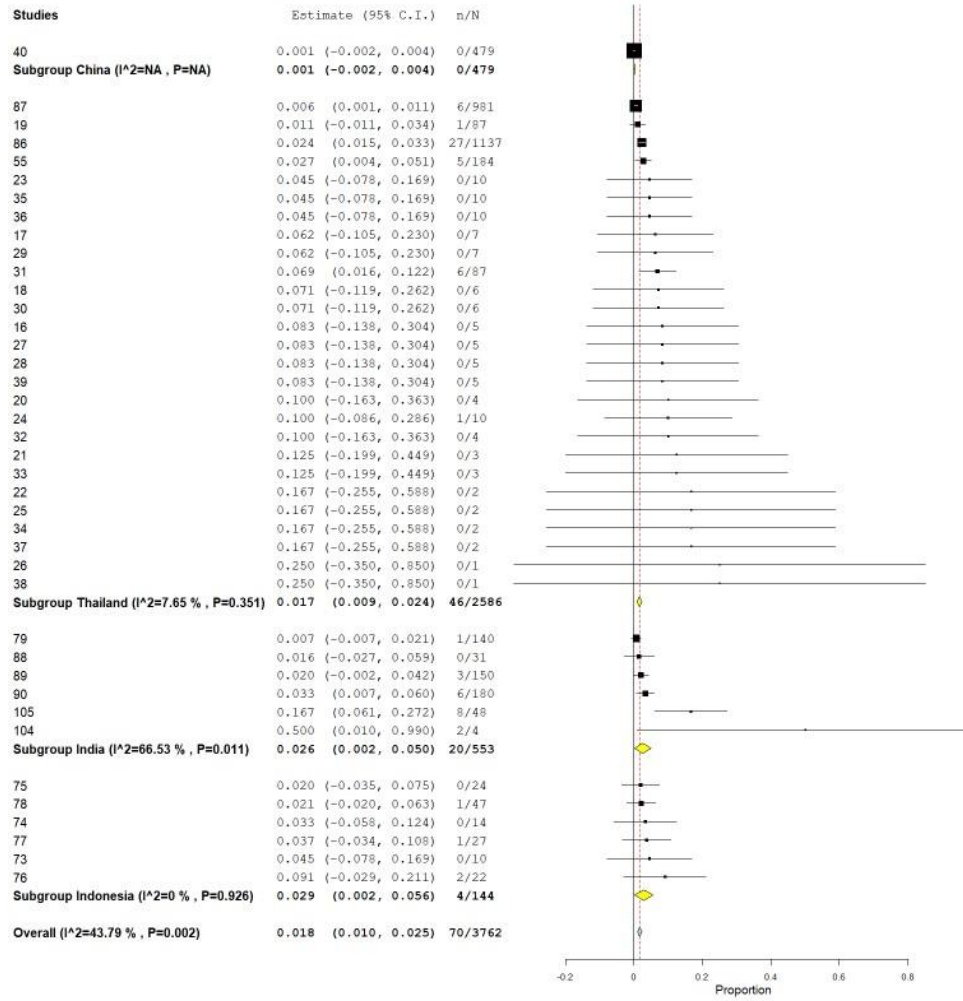


Figura 6. Prevalencia combinada de Nipah en murciélagos por PCR por países.



Discusión

Existen múltiples agentes infecciosos virales que están presentes en la fauna salvaje, incluyendo a los quirópteros (1). Muchos de estos agentes infecciosos han emergido en el contexto de la globalización, el cambio climático y la cada vez mayor interacción entre el ser humano, los animales salvajes y el medio ambiente (10-13).

El virus Nipah, un miembro de la familia Paramyxoviridae, ha causado enfermedades en cerdos y en seres humanos en la Malasia peninsular especialmente desde los brotes de 1998-99. En 1997/1998, la deforestación por sequía y quema dio como resultado la formación de una nube severa que cubrió gran parte del sudeste asiático en los meses inmediatamente anteriores al brote de la enfermedad por el virus Nipah. Eso se vio exacerbado por una sequía impulsada por el severo evento El Niño Oscilación del Sur (ENSO) de 1997-1998, lo que sugiere que esta serie de eventos condujo a una reducción en la disponibilidad de árboles forestales en flor y fructificación para la alimentación de los murciélagos frutales. Esto culminó con una invasión sin precedentes de murciélagos frugívoros en huertos frutales cultivados en 1997/1998. Estos eventos antropogénicos, junto con la ubicación de las porquerizas en huertos y el diseño de las porquerizas, permitieron la transmisión de un nuevo paramixovirus desde su reservorio huésped al cerdo doméstico y, en última instancia, a la población humana (14).

La presencia del virus Nipah y otros Henipavirus en quirópteros, especialmente en las últimas 2 décadas, empieza a reconocerse cada vez más. En el presente meta-análisis al evaluar por técnicas serológicas se encontró una seroprevalencia de infección por virus tipo Nipah de 5,6% (ELISA) a 15,2% (PRNT), en tanto una prevalencia por métodos moleculares, PCR, de 1,8%. Como era de esperar la seroprevalencia fue mayor que la prevalencia.

En la investigación de la interfaz animal-humano en relación a los virus como Nipah históricamente, preocupa mucho el rol, de los murciélagos como reservorios y como fuentes de transmisión a otras especies y al ser humano (10, 11, 15, 16). Sin duda, los

murciélagos, en general son portadores de virus Nipah y Henipavirus que pueden ser o no zoonóticos (17-19). Por ello, conocer la prevalencia con la cual se encuentran los Henipavirus, especialmente Nipah, en murciélagos, es un aspecto de interés. Más aún considerando que se ha planteado que la próxima enfermedad emergente puede ser otra zoonosis viral, quizá influenza aviar H5N6 u otra enfermedad como Nipah (20). Por ello los resultados de la presente revisión sistemática y meta-análisis son de gran interés, dado que entre 2 a 15% de los murciélagos presentan material genético de algún tipo de virus Henipa, incluido Nipah, con datos incluso de Sur América, zona donde se requieren más estudios.

Aunque el virus Nipah específicamente ha afectado fundamentalmente países de Asia, una mayor distribución y ocurrencia podrían comprometer en un futuro a otras regiones, tal como sucedió con el virus SARS-CoV-2/COVID-19, que siendo originado en China ha afectado al mundo entero, convirtiéndose en una pandemia (16). Dicha pandemia tuvo un origen zoonótico y con ello es importante estar atento a lo que pueda suceder con Nipah también (21, 22).

En el contexto de América Latina es crítico fomentar la investigación en este campo. Existen múltiples estudios relacionados con la investigación de otros agentes infecciosos virales, bacterianos y parasitarios (17, 23-32). Como se aprecia en los resultados del presente meta-análisis la aparente prevalencia de Henipavirus en estudios de las Américas es relativamente considerable (23,4%), pero a su vez, existen limitados estudios, hechos principalmente en Brasil. La situación en otros países es aún desconocida, ameritan estudios en el futuro cercano.

Con el auge e interés por SARS-CoV-2/COVID-19, la investigación de Nipah y en general de Henipavirus en quirópteros también se debe propiciar en diferentes países de América Latina, incluido Colombia, para determinar la presencia de estos virus en ellos.

Conclusiones

El presente meta-análisis confirma la circulación, por métodos moleculares y serológicos, de Nipah y henipavirus en murciélagos de múltiples países y continentes, especialmente del continente Asiático. Para América Latina, aún no se confirma circulación específica de virus Nipah, pero sí de Henipavirus en quirópteros. Se requieren entonces más estudios al respecto.

Agradecimientos:

Agradecemos a los tutores, al grupo de investigación Salud Pública e Infección y al Semillero de Investigación en Zoonosis (SIZOO).

Bibliografía:

1. Bonilla-Aldana DK, Jimenez-Diaz SD, Arango-Duque JS, Aguirre-Florez M, Balbin-Ramon GJ, Paniz-Mondolfi A, et al. Bats in ecosystems and their Wide spectrum of viral infectious potential threats: SARS-CoV-2 and other emerging viruses. *Int J Infect Dis.* 2020;102:87-96.
2. Hasebe F, Thuy NT, Inoue S, Yu F, Kaku Y, Watanabe S, et al. Serologic evidence of nipah virus infection in bats, Vietnam. *Emerg Infect Dis.* 2012;18(3):536-7.
3. Khan SU, Gurley ES, Hossain MJ, Nahar N, Sharkar MA, Luby SP. A randomized controlled trial of interventions to impede date palm sap contamination by bats to prevent nipah virus transmission in Bangladesh. *PLoS One.* 2012;7(8):e42689.
4. Nahar N, Mondal UK, Sultana R, Hossain MJ, Khan MS, Gurley ES, et al. Piloting the use of indigenous methods to prevent Nipah virus infection by interrupting bats' access to date palm sap in Bangladesh. *Health Promot Int.* 2013;28(3):378-86.
5. Olson JG, Rupprecht C, Rollin PE, An US, Niezgoda M, Clemins T, et al. Antibodies to Nipah-like virus in bats (*Pteropus lylei*), Cambodia. *Emerg Infect Dis.* 2002;8(9):987-8.
6. Epstein JH, Prakash V, Smith CS, Daszak P, McLaughlin AB, Meehan G, et al. Henipavirus infection in fruit bats (*Pteropus giganteus*), India. *Emerg Infect Dis.* 2008;14(8):1309-11.
7. Rahman SA, Hassan SS, Olival KJ, Mohamed M, Chang LY, Hassan L, et al. Characterization of Nipah virus from naturally infected *Pteropus vampyrus* bats, Malaysia. *Emerg Infect Dis.* 2010;16(12):1990-3.
8. Brook CE, Ranaivoson HC, Broder CC, Cunningham AA, Heraud JM, Peel AJ, et al. Disentangling serology to elucidate henipa- and filovirus transmission in Madagascar fruit bats. *J Anim Ecol.* 2019;88(7):1001-16.
9. de Araujo J, Lo MK, Tamin A, Ometto TL, Thomazelli LM, Nardi MS, et al. Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017;17(4):271-4.

10. Bonilla-Aldana DK, Dhama K, Rodriguez-Morales AJ. Revisiting the One Health Approach in the Context of COVID-19: A Look into the Ecology of this Emerging Disease. *Adv Anim Vet Sci.* 2020;8(3):234-7.
11. Bonilla-Aldana DK, Holguin-Rivera Y, Perez-Vargas S, Trejos-Mendoza AE, Balbin-Ramon GJ, Dhama K, et al. Importance of the One Health approach to study the SARS-CoV-2 in Latin America. *One Health.* 2020;10:100147.
12. Hemida MG, Ba Abdulllah MM. The SARS-CoV-2 outbreak from a one health perspective. *One Health.* 2020:100127.
13. Marty AM, Jones MK. The novel Coronavirus (SARS-CoV-2) is a one health issue. *One Health.* 2020;9:100123.
14. Bonilla-Aldana DK, Suarez JA, Franco-Paredes C, Vilcarromero S, Mattar S, Gomez-Marin JE, et al. Brazil burning! What is the potential impact of the Amazon wildfires on vector-borne and zoonotic emerging diseases? - A statement from an international experts meeting. *Travel Med Infect Dis.* 2019;31:101474.
15. Bonilla-Aldana DK, Cardona-Trujillo MC, Garcia-Barco A, Holguin-Rivera Y, Cortes-Bonilla I, Bedoya-Arias HA, et al. MERS-CoV and SARS-CoV infections in animals: a systematic review and meta-analysis of prevalence studies. *Infez Med.* 2020;28(suppl 1):71-83.
16. Bonilla-Aldana DK, Jimenez-Diaz SD, Arango-Duque JS, Aguirre-Florez M, Balbin-Ramon GJ, Paniz-Mondolfi A, et al. Bats in Ecosystems and their Wide Spectrum of Viral Infectious Threats: SARS-CoV-2 and other emerging viruses. *International Journal of Infectious Diseases.* 2020.
17. Bonilla-Aldana DK, Jimenez-Diaz SD, Patel SK, Dhama K, Rabaan AA, Sah R, et al. Importance of Bats in Wildlife: Not Just Carriers of Pandemic SARS-CoV-2 and Other Viruses. *J Pure Appl Microbiol* 2020;14(Suppl 1):709-12.
18. Bonilla-Aldana DK, Quintero-Rada K, Montoya-Posada JP, Ramirez-Ocampo S, Paniz-Mondolfi A, Rabaan AA, et al. SARS-CoV, MERS-CoV and now the 2019-novel CoV: Have we investigated enough about coronaviruses? - A bibliometric analysis. *Travel Med Infect Dis.* 2020;33:101566.
19. Bonilla-Aldana DK, Villamil-Gómez WE, Rabaan AA, Rodriguez-Morales AJ. Una nueva zoonosis viral de preocupación global: COVID-19, enfermedad por coronavirus 2019. *Iatreia.* 2020;33(2):107-10.
20. Bonilla-Aldana DK, Aguirre-Florez M, Villamizar-Pena R, Gutierrez-Ocampo E, Henao-Martinez JF, Cvetkovic-Vega A, et al. After SARS-CoV-2, will H5N6 and other influenza viruses follow the pandemic path? *Infez Med.* 2020;28(4):475-85.
21. Malik YS, Sircar S, Bhat S, Sharun K, Dhama K, Dadar M, et al. Emerging novel coronavirus (2019-nCoV)-current scenario, evolutionary perspective based on genome analysis and recent developments. *Vet Q.* 2020;40(1):68-76.
22. Tiwari R, Dhama K, Sharun K, Iqbal Yatoo M, Malik YS, Singh R, et al. COVID-19: animals, veterinary and zoonotic links. *Vet Q.* 2020;40(1):169-82.
23. Aguilar-Setien A, Romero-Almaraz ML, Sanchez-Hernandez C, Figueroa R, Juarez-Palma LP, Garcia-Flores MM, et al. Dengue virus in Mexican bats. *Epidemiol Infect.* 2008;136(12):1678-83.

24. Anthony SJ, Ojeda-Flores R, Rico-Chavez O, Navarrete-Macias I, Zambrana-Torrel CM, Rostal MK, et al. Coronaviruses in bats from Mexico. *J Gen Virol*. 2013;94(Pt 5):1028-38.
25. Guzman C, Calderon A, Martinez C, Oviedo M, Mattar S. Eco-epidemiology of the Venezuelan equine encephalitis virus in bats of Cordoba and Sucre, Colombia. *Acta Trop*. 2019;191:178-84.
26. Guzman C, Calderon A, Oviedo T, Mattar S, Castaneda J, Rodriguez V, et al. Molecular and cellular evidence of natural Venezuelan equine encephalitis virus infection in frugivorous bats in Colombia. *Vet World*. 2020;13(3):495-501.
27. Han HJ, Wen HL, Zhou CM, Chen FF, Luo LM, Liu JW, et al. Bats as reservoirs of severe emerging infectious diseases. *Virus Res*. 2015;205:1-6.
28. Kajihara M, Hang'ombe BM, Changula K, Harima H, Isono M, Okuya K, et al. Marburgvirus in Egyptian Fruit Bats, Zambia. *Emerg Infect Dis*. 2019;25(8):1577-80.
29. Kasso M, Balakrishnan M. Ecological and Economic Importance of Bats (Order Chiroptera). *ISRN Biodiversity*. 2013;2013:187415.
30. Li W, Shi Z, Yu M, Ren W, Smith C, Epstein JH, et al. Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*. 2005;310(5748):676-9.
31. Memish ZA, Mishra N, Olival KJ, Fagbo SF, Kapoor V, Epstein JH, et al. Middle East respiratory syndrome coronavirus in bats, Saudi Arabia. *Emerg Infect Dis*. 2013;19(11):1819-23.
32. Wang LF, Eaton BT. Bats, civets and the emergence of SARS. *Curr Top Microbiol Immunol*. 2007;315:325-44.

Anexos.

Cuadro 1. Estudios incluidos donde se evaluó infección a virus Nipah o Henipavirus por ELISA.

Title Study	Year-Publication	Years-Study	Country	Continent	Study Type	Bats spcies	Scientific Name	N	n(+)
Antibodies to Nipah- Like Virus in Bats (<i>Pteropus lylei</i>), Cambodia	2002		Cambodia	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	96	11
Bat Nipah Virus, Thailand	2005	2002-2004	Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Cynopterus sphinx</i>	10	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Eonycteris spelaea</i>	54	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus hypomelanus</i>	26	4
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	813	76
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	39	1
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Rousettus leschenaulti</i>	4	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Emballonura monticola</i>	12	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros armiger</i>	6	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros larvatus</i>	74	1
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Megaderma spasma</i>	0	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Scotophilus heathi</i>	3	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Tadarida plicata</i>	13	0
Antibodies to Nipah or Nipah-like Viruses in Bats, China	2008	2004-2007	China	Asia	Prevalence	Bat	<i>Myotis</i>	692	33
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Cynopterus sphinx</i>	109	3
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Rousettus leschenaulti</i>	74	31
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Chaerephon plicata</i>	130	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hipposideros armiger</i>	1	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hipposideros cineraceus</i>	3	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hipposideros larvatus</i>	3	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hipposideros pomona</i>	5	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hypsugo cadornae</i>	25	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Megaderma spasma</i>	3	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Miniopterus magnater</i>	1	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Scotophilus kuhii</i>	45	0
Serologic Evidence of Nipah Virus Infection in Bats, Vietnam	2012		Vietnam	Asia	Seroprevalence	Microchiroptera	Unidentified	52	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Cynopterus brachyotis</i>	1	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Cynopterus sphinx</i>	68	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Macroglossus sobrinus</i>	1	0

Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	458	50
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Roussetus leschenaulti</i>	15	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Chaerephon plicata</i>	153	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros armiger</i>	1	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros larvatus</i>	81	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros pomona</i>	2	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Murina cyclotis</i>	1	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Rhinolophus acuminatus</i>	2	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Rhinolophus luctus</i>	1	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Scotophilus kuhlii</i>	98	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Taphozous melanopogon</i>	69	0
Nipah Virus in Lyle's Flying Foxes, Cambodia	2005	2000-2001	Malaysia	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Taphozous theobaldi</i>	121	0
Detection of Nipah Virus RNA in Fruit Bat (<i>Pteropus giganteus</i>) from India	2012		India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	140	1
Prevalence of Henipavirus and Rubulavirus Antibodies in Pteropid Bats, Papua New Guinea	2010		Papua New Guinea	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Dobsonia magna</i>	3	1
Prevalence of Henipavirus and Rubulavirus Antibodies in Pteropid Bats, Papua New Guinea	2010		Papua New Guinea	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus alecto</i>	1	1
Prevalence of Henipavirus and Rubulavirus Antibodies in Pteropid Bats, Papua New Guinea	2010		Papua New Guinea	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus conspicillatus</i>	49	30
Disentangling serology to elucidate henipa-and filovirus transmission in Madagascar fruit bats	2019		Madagascar	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Eidolon dupreanum</i>	314	32
Disentangling serology to elucidate henipa-and filovirus transmission in Madagascar fruit bats	2019		Madagascar	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus rufus</i>	201	7
Disentangling serology to elucidate henipa-and filovirus transmission in Madagascar fruit bats	2019		Madagascar	Asia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Rousettus madagascariensis</i>	225	15
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018		India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	15	0
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018		India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	62	5
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018		India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	5	1
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Artibeus lituratus</i>	2	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Artibeus planirostris</i>	4	1
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Carollia brevicauda</i>	1	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Carollia perspicillata</i>	4	2
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Desmodus rotundus</i>	2	1
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Nectarivores	<i>Glossophaginae sp1</i>	17	1
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Nectarivores	<i>Glossophaginae sp3</i>	28	4
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Nectarivores	<i>Glossophaga soricina</i>	10	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Insectivorous	<i>Lophostoma brasiliense</i>	1	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017		Brazil	Americas	Seroprevalence	Bat	<i>Molossideo sp1</i>	1	0

Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017	Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Platyrrhinus lineatus</i>	2	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017	Brazil	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pygoderma bilabiatum</i>	1	0
Antibodies Against Henipa-Like Viruses in Brazilian Bats	2017	Brazil	Americas	Seroprevalence	Bat	<i>Vespertilionideo sp1</i>	3	0
Henipavirus Infection in Fruit Bats (<i>Pteropus giganteus</i>), India	2008	India	Americas	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	41	26

Cuadro 2. Estudios incluidos donde se evaluó infección a virus Nipah o Henipavirus por PRNT.

Title Study	Year-Publication	Years-Study	Country	Study Type	Bats spcies	Scientific Name	N	n(+)
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Cynopterus brachyotis</i>	56	2
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Eonycteris spelaea</i>	38	2
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Pteropus hypomelanus</i>	35	11
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Pteropus vampyrus</i>	29	5
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Cynopterus horsfieldi</i>	24	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Ballionycteris maculata</i>	4	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Macroglossus sobrinus</i>	4	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Megachiroptera	<i>Megaerops ecaudatus</i>	1	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Scotophilus kuhlii</i>	33	1
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Rhinolophus affinis</i>	6	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Taphozous melanopogon</i>	4	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Taphozous saccolaimus</i>	1	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Hipposiderus bicolor</i>	1	0
Nipah Virus Infection in Bats (Order Chiroptera) in Peninsular Malaysia	2001		Malaysia	Seroprevalence	Microchiroptera	<i>Rhinolophus refulgens</i>	1	0
Risk Factors for Nipah Virus Infection among Pteropid Bats, Peninsular Malaysia	2013	2004-2007	Malaysia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus hypomelanus</i>	117	13
Risk Factors for Nipah Virus Infection among Pteropid Bats, Peninsular Malaysia	2013	2004-2007	Malaysia	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	253	82
Henipavirus Infection in Fruit Bats (<i>Pteropus giganteus</i>), India	2008		India	Seroprevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	39	20

Cuadro 3. Estudios incluidos donde se evaluó infección a virus Nipah o Henipavirus por PCR.

Title Study	Year-Publication	Years-Study 2002- 2004	Country	Continent	Study Type	Bats spcies	Scientific Name	N	n(+)
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Cynopterus sphinx</i>	5	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Eonycteris spelaea</i>	7	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus hypomelanus</i>	6	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	87	1
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	4	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Rousettus leschenaulti</i>	3	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Emballonura monticola</i>	2	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros armiger</i>	10	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros larvatus</i>	10	1
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Megaderma spasma</i>	2	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Scotophilus heathi</i>	1	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Tadarida plicata</i>	5	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Cynopterus sphinx</i>	5	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Eonycteris spelaea</i>	7	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus hypomelanus</i>	6	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	87	6
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	4	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Rousettus leschenaulti</i>	3	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Emballonura monticola</i>	2	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros armiger</i>	10	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Hipposideros larvatus</i>	10	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Megaderma spasma</i>	2	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Scotophilus heathi</i>	1	0
Bat Nipah Virus, Thailand	2005		Thailand	Asia	Prevalence	Insectivorous	<i>Tadarida plicata</i>	5	0
Antibodies to Nipah or Nipah-like Viruses in Bats, China	2008	2004- 2007	China	Asia	Prevalence	Bat	<i>Myotis Pteropus</i>	479	0
Molecular characterization of Nipah virus from <i>Pteropus hypomelanus</i> in Southern Thailand	2016		Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>hypomelanus</i>	184	5
Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013		Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	10	0
Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013		Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	14	0

Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013	Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	24	0
Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013	Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	22	2
Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013	Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	27	1
Nipah Virus in the Fruit Bat <i>Pteropus vampyrus</i> in Sumatera, Indonesia	2013	Indonesia	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus vampyrus</i>	47	1
Detection of Nipah Virus RNA in Fruit Bat (<i>Pteropus giganteus</i>) from India	2012	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	140	1
A Longitudinal Study of the Prevalence of Nipah Virus in <i>Pteropus lylei</i> Bats in Thailand: Evidence for Seasonal Preference in Disease Transmission	2010	Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	1137	27
A Longitudinal Study of the Prevalence of Nipah Virus in <i>Pteropus lylei</i> Bats in Thailand: Evidence for Seasonal Preference in Disease Transmission	2010	Thailand	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus lylei</i>	981	6
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	31	0
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	150	3
Circulation of Nipah virus in <i>Pteropus giganteus</i> bats in northeast region of India, 2015	2018	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus giganteus</i>	180	6
A spatial association between a Nipah virus outbreak in Kozhikode, Kerala, India and Nipah virus infection in <i>Pteropus</i> bats	2019	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus medius</i>	4	2
A spatial association between a Nipah virus outbreak in Kozhikode, Kerala, India and Nipah virus infection in <i>Pteropus</i> bats	2019	India	Asia	Prevalence	Frugivorous	<i>Pteropus medius</i>	48	8