

人类传染病与动物的关系研究

郑新新^{1,2} 张蕾^{1,2} 胡娇^{1,2*}

1.扬州大学兽医学院农业部畜禽传染病学重点开放实验室,江苏扬州 225009;2.江苏高校动物重要疫病与人兽共患病防控协同创新中心,江苏扬州 225009

摘要 随着城市化进程的不断推进,旅游业、饮食业以及宠物行业的快速发展,人与动物密切接触的机会越来越多。据统计,人类 60%的传染病来自于动物。例如,禽流感、新型冠状病毒肺炎以及狂犬病等疾病,经过不断的进化,均已具备感染人类的能力。人畜共患病的流行严重威胁人类和动物健康,破坏国际贸易和经济秩序稳定。本文从人类传染病与动物之间关系的角度,深入阐释了动物在几种常见人畜共患病(流行性感、新型冠状病毒肺炎、狂犬病)传播过程中所起的重要作用,以期对人类传染病的防控提供理论指导,以史为鉴,增强人类应对传染病流行的能力。

关键词 人类;动物;人畜共患病;流行性感;新型冠状病毒肺炎;狂犬病

从遗传进化的角度看,人与动物间有着共同的祖先,是由动物不断进化而来的。研究发现,1 415 种人类病原体中有 61%是人畜共患病,而新发感染性疾病里有 78%的病原体是人畜共患病,动物在人畜共患病的传播中起着传播媒介或传染病的动物宿主的作用^[1]。由于动物在长期的进化中,体内已经产生了相应抗体,能够抵御某些病原体感染。但是,即使对动物无致病力的病原,一旦获得感染人的能力,也可能导致严重的公共卫生危机。习近平总书记更是强调,要从保护人民健康、保障国家安全、维护国家长治久安的高度,把生物安全纳入国家安全体系。因此,我们要时刻保持警惕,加强危险意识和防范意识,努力构建动物友好型社会,从源头防控人类传染病的流行。因此,本文拟就几种常见人畜共患传染病展开介绍,以期对相关人类传染病的防控提供方向。

1 常见人类传染病与动物的关系

1.1 流行性感

流感病毒(Influenza A virus, IAV)作为一种常见的人畜共患传染病,曾多次引起世界范围内的大

流行。世界卫生组织调查统计:每年约有 65 万人死于流感病毒相关的呼吸系统疾病。禽流感病毒的自然宿主是野生水禽,除 H₅ 和 H₇ 亚型的禽流感病毒外,绝大多数的流感病毒感染家禽后无明显临床症状^[2]。由于禽和人上呼吸道上皮细胞中的唾液酸受体(Sialic acid receptor, SA)不同,故大多数禽流感病毒不能直接感染人。然而,流感病毒跨种传播感染人的事件不断发生,新型流感病毒不断出现,严重威胁公共卫生安全。例如,1918 年的西班牙 H₁N₁ 流感大流行,导致近 4 000 万人死亡;1968 年香港 H₃N₂ 流感,造成上百万人死亡;2009 年全球流行的甲型 H₁N₁ 流感病毒,就是由猪传染给人,然后在人群中流行的,此次感染蔓延至 208 个国家,累计 1.8 万人死亡^[3]。而进一步研究发现,西班牙流感毒株来源于禽流感病毒;香港流感病毒的 HA 和 PB1 基因均是由禽流感病毒重组而来的;甲型 H₁N₁ 流感更是由人、禽、猪流感毒株基因在猪体内重组产生的^[3-4]。2013 年,上海出现首例甲型 H₇N₉ 禽流感病毒感染人的事件,同期,广州、广西等地的活禽市场检出 H₇N₉ 禽流感病毒,此后,北京等地接连出现 H₇N₉ 禽流感病毒感染人的事件^[5]。据统计,本次流感大流

收稿日期:2020-12-06

基金项目:国家自然科学基金项目(32072832);中国博士后基金特别资助计划(2016T90515);江苏省博士后基金(1501015B);江苏高校优势学科建设工程资助项目(PAPD);“扬州大学‘高端人才支持计划’”以及江苏高校“青蓝工程”项目

* 通讯作者

郑新新,女,1996 年生,硕士研究生在读。

行,经实验室确诊的感染人数共计 1 568 人,其中死亡人数 616 人,病死率高达 40%。2018 年,江苏省疾病预防控制中心发现了首例 H₇N₄ 禽流感病毒感染人的病例,流行病学调查和分子溯源分析认为,该病毒是一种新型重组病毒,由野禽经家禽跨种传播到人的。此外,近期湖南省疾控中心也确诊了 1 例人感染 H₅N₆ 禽流感的病例。自然状态下,甲型流感病毒能从其自然宿主(野生水禽等)跨种传播感染家禽、猪等家养动物,这些家养动物与人类密切接触,在流行过程中很可能会再感染人,并通过基因突变或基因重配的方式,产生导致人类流感大流行的新毒株。综上所述,流感病毒由动物传染给人的风险持续存在,少数存在持续人传人的风险。

1.2 新型冠状病毒肺炎

新型冠状病毒(SARS-coronavirus-2, SARS-CoV-2)属于冠状病毒科、冠状病毒属,是目前已知的第 7 种可以感染人的冠状病毒。美国约翰斯·霍普金斯大学发布的全球新冠肺炎疫情实时统计结果显示,截至北京时间 2021 年 1 月 9 日,全球新冠肺炎累计确诊病例超过 8 893 万人,累计死亡人数超 191 万例。该病毒作为一种 RNA 病毒,在传播的过程中极易发生变异。研究发现,该病毒在流行过程中已经突出 A、B、C 三类变异体,其中 A 类为始祖病毒,分布最广,最早出现于中国武汉,但主要分布于美国和澳大利亚等地区;中国感染人数最多的是 B 类,由于自然环境以及宿主免疫等因素的影响,主要在东亚地区流行,其他地区尚未发现;C 类变异毒株主要分布于欧洲、新加坡、巴西等地区^[6]。近期,以色列媒体报道,英国、南非等地接连出现传染性更强的新冠变异毒株,这些变异毒株的传染性比过去增加了 50% 左右,且变异毒株之间还存在较显著的差异,这意味着疫苗诱导产生的抗体可能将更难以消灭新冠变种。SARS-CoV-2 的传播与流行,严重威胁全世界人民的生命安全,给全球经济也带来了巨大冲击。流行病学调查结果发现,SARS-CoV-2 的基因序列与蝙蝠冠状病毒的同源性为 96%,这意味着新型冠状病毒很可能来源于蝙蝠^[7]。而穿山甲或为 SARS-CoV-2 病毒的中间宿主^[8]。此外,近期有研究表明,SARS-CoV-2 可以通过呼吸道飞沫在猫之间传播,雪貂等动物对该病毒也具有一定的易感性^[9]。因此,在新冠病毒全球肆虐的背景下,易感动物的管控也是十分必要的。

1.3 狂犬病

狂犬病病毒(Rabies virus, RABV)是一种单股负链、不分节段的 RNA 病毒,属于弹状病毒科狂犬病病毒属,调查发现每年将近有 59 000 人死于狂犬病^[10]。20 世纪,我国狂犬病感染主要发生在农村地区,近 10 年来,随着人民生活水平的不断提高,饲养宠物的人不断增多,特别是犬、猫等宠物与主人同居一堂,同睡一床,餐具共享,我国狂犬病的感染人数呈逐年上升趋势,且患病人群由原来的农村转变为城市和农村均有^[11]。调查结果表明,中国大陆狂犬病的患病人数居全世界第二,仅次于印度^[12]。犬、猫是狂犬病病毒的主要传染源,人被患病动物咬伤后,动物唾液中的病毒通过皮肤伤口进入人体诱发感染,特别是被未经免疫的犬、猫咬伤或抓伤后,人或动物特别容易感染狂犬病毒,若不及时进行免疫,感染后的病死率高达 100%^[13]。由此可见,犬、猫等宠物在人类传染病的传播过程中也具有重要的公共卫生意义。

2 结 语

综上所述,在当今世界,人与动物同处一个地球,共享同一片蓝天,一旦传染病发生,没有生物能够真正隔离,所有物种都有可能变成危险的哨兵。特别是野生动物驯化和工厂化养殖使得许多动物与人类有了密切的联系,动物与人类命运息息相关。因此,养殖场要根据动物的生物学特征,合理运用科学的生产技术,满足动物最基本的自然需求,提倡动物福利,提高动物源性食品安全。提倡“尊重生命,善待动物”的理念,拒绝随意捕获或猎杀动物,构建动物友好型生活方式。提倡“动物友好型”旅游方式,提高野生动物保护意识,反对伤害或虐待动物的娱乐表演活动,旅游过程中与野生动物保持适当距离,避免直接接触。提高养宠的责任意识,自觉注册登记,定期检测并接种狂犬病等相关疫苗,同时相关部门应加强监督,捕杀无证犬、流浪犬,从源头防控传染病的流行。正所谓“距离产生美”,一旦没有界限,也就没有了底线,因此,我们在亲近动物的同时,也要保持适当距离。既是对自己负责,也是对动物负责。

参 考 文 献

[1] CUUNINGHAM A A, DASZAK P, WOOD J. One health, emerg-

基于畜牧养殖小区的 定点畜牧养殖设想

周卫东¹ 王志葵²

1.山东省青岛市即墨区畜牧业发展服务中心,山东即墨 266200;

2.山东省青岛市即墨区农业农村局,山东即墨 266200

摘要 为了规范畜牧养殖小区的发展,本文介绍了目前我国畜牧养殖小区存在的问题:养殖小区规划选址不合理,养殖小区对当地环境造成污染,养殖小区管理不规范,养殖小区设施不健全,养殖小区家禽品种比较复杂;简述了定点畜牧业在养殖小区实施的意义;提出了规范畜牧养殖小区的措施:科学选址、统一布局,规范各项制度、做好监督管理工作,加大资金投入力度、做好基础设施建设工作,引进新品种、全面提高养殖场经济效益。

关键词 畜牧业;定点畜牧养殖;养殖小区;措施

畜牧业的发展使得庭院化养殖模式开始逐渐被淘汰,随着定点畜牧养殖设想的提出,传统的养殖模式开始逐渐被取代。近年来,随着我国畜牧养殖场数量的不断增加,畜牧养殖小区已经逐渐在各

个企业中得到推广,且在很多地区都是普遍适用的,和传统的生产方式相比新型养殖小区的专业化程度会更高。但随着畜牧养殖小区规模的不断扩大,由于小区本身养殖面积比较大,难免会在规划

收稿日期:2020-11-29

周卫东,男,1971年生,高级畜牧师。

ing infectious diseases and wildlife: two decades of progress? [J].Philos trans R Soc B,2017,372(1725):1-8.

[2] LEMON S M,MAHMOUD A A.The threat of Pandemic influenza: are we ready?[J].Biosecur bioterror,2005, 3(1):70-73.

[3] LEMEY P,SUCHARD M,RAMBAUT A.Reconstructing the initial global spread of a human influenza pandemic:a bayesian spatial-temporal model for the global spread of H1N1pdm[J].PLoS Curr,2009(1):RRN1031.

[4] MA W,LAGER KM,VINCENT AL,et al.The role of swine in the generation of novel influenza viruses [J].Zoonoses public health,2009,56(6-7):326-337.

[5] LI Q,ZHOU L,ZHOU M,et al.Epidemiology of human infections with avian influenza A(H7N9) virus in China[J].N Engl J Med,2014,370(6):520-532.

[6] FORSTER P,FORSTER L,RENFREW C,et al.Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes published online ahead of print[J].Proc Natl Acad Sci U S A,2020(20):49-59.

[7] CHAN J F,KOK K H,ZHU Z,et al.Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan [J].Emerg microbes infect,2020,9(1):221-236.

[8] ZHANG J,MA K,LI H,et al.The continuous evolution and dissemination of 2019 novel human coronavirus [J].J Infect, 2020(20):S0163-4453.

[9] SHI J Z,WEN Z Y,ZHONG G X,et al.Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and different domestic animals to SARS-coronavirus 2[J].Science, 2020, 368(6494):1016-1020.

[10] FOOKS A R,BANYARD A C,HORTON D L,et al.Current status of rabies and prospects for elimination [J].Lancet, 2014,384(9951):1389-1399.

[11] WEI Y,LIU X,LI D,et al.Canine rabies control and human exposure 1951-2015, Guangzhou, China [J].Bull world health organ,2019,97(1):51-58.

[12] TAO X Y,TANG Q,RAYNER S,et al.Molecular phylogenetic analysis indicates lineage displacement occurred in Chinese rabies epidemics between 1949 to 2010 [J].PLoS Negl trop dis, 2013,7(7):e2294.

[13] HEMACHUDHA T,UGOLINI G,WACHARAP S,et al. Human rabies: neuropathogenesis, diagnosis, and management[J].Lancet neurol,2013,12(5):498-513.

【责任编辑:刘少雷】