



# “气候移民” 加速病毒爆发!

在全球变暖的背景下,原本分布在不同区域的野生动物可能被迫向更冷的地方迁徙,进而相互接触,促进病毒的传播。一项发表在《自然》杂志上的研究利用模型绘制了气候变化如何在未来50年间改变哺乳动物的分布,并进一步增加病毒溢出至人类社会的风险。研究表明,世界上的“生物多样性热点”以及亚洲和非洲人口稠密的地区最有可能受到影响,这为政府和卫生组织投资病原体监测和改善医疗基础设施提供了更多参考。

## 1 “气候移民”与病毒的新机遇

“跨物种传播”是一种病原体偶然感染了新的物种并在其种群中传播的现象。由于新宿主缺乏抵抗这种病原体的机制,跨物种传播常常引发新型传染病在宿主群体中暴发。历史上,许多在人类社会暴发的病毒来自于其他动物,例如人类免疫缺陷病毒从灵长类传染给人,禽流感病毒从鸟类传染给人等。不同物种的相互接触是病毒发生跨物种传播的必要条件之一。所幸在自然状态下,大多数野生动物在地理上相互隔离,并没有感染的机会。以哺乳动物为例,研究表明,只有约7%的物种对(两个不同物种构成的一个组合)在地理分布

上重叠,仅约6%的物种对同时被一种或多种病毒感染,即发生过病毒传播。不过,全球气候变暖正在改变这种局面。为了应对快速变化的环境,许多物种将可能沦为“气候移民”,不得不背井离乡寻找更适宜生存的环境,例如更高纬度或更高海拔的地区。据统计,这些“气候移民”以平均每年1.1米的速度向高海拔地区转移,以平均每年1.69千米的速度向高纬度地区转移。如此一来,它们体内寄生的病毒也获得了“新机遇”:宿主的分布区改变后,一些原本没有接触机会但所携带病毒具有相互感染能力的物种可能会相遇,进而为病毒的跨物种传播提供了机会。

在这种背景下,及时预测和评估病毒溢出风险,并对重点物种和重点区域进行针对性的监测就显得尤为重要。哺乳动物具有较为完整的生物多样性数据和与人类健康相关的病毒记录,在人畜共患病传播中扮演着重要角色。因此,研究人员选取哺乳动物为研究对象,对3870个物种在2070年的适宜分布进行建模,并结合物种对的“亲缘”关系对病毒跨物种传播的可能性进行了预测。

## 2 非洲和亚洲将成为病毒跨物种传播的热点

讨论病毒的跨物种传播时,“首遇”是一个至关重要的情景,它指的是原本分布在不同区域的物种,由于各自分布区的变化而在新的区域里首次相遇。当不同的物种首次相遇时,它们所携带的病毒也就获得了进入新宿主的机会。那么,如何评估病毒是否会借此发生跨物种传播呢?分布区重叠是一个因素。另外,由于病毒对宿主的依赖性较高,新宿主与原宿主的亲缘关

系通常也不能太远。因此,研究人员基于机器学习方法,结合物种之间分布区的重叠情况以及它们演化距离的远近,来预测病毒发生跨物种传播的可能性。研究人员分析发现,在全球范围内,目前的3870个物种中存在345,850个分布区重叠的物种对,占有物种对组合的约7%;而未来的栖息地改变将导致哺乳类物种发生超300,000次首遇。这种全球性的哺乳动物分布

变化,也将影响相关病毒的分布和传播。研究人员分析了物种的地理分布和演化关系后发现,即使在严格控制温室气体排放的情景下,未来也将发生15,311次病毒跨物种传播事件。根据数据模拟,与哺乳动物首遇的空间分布相似,这些传播事件将主要发生于海拔较高、物种丰富的非洲、亚洲区域。其中,非洲热带地区和东南亚将成为哺乳动物首遇的热点。

## 3 蝙蝠虽小,不可小觑

动物的分布区变化情况与它们的迁移能力息息相关。在传统的大众认知中,啮齿类(常见的鼠类)可能是传播病原体的重要媒介,但本研究综合考虑了不同动物在食物链中的位置和体型大小,进而对其迁移能力做出评估。研究表明,食肉目动物首遇次数略高于预期,而偶蹄目和啮齿目的首遇次数略低于预期。

蝙蝠(即翼手目动物)是哺乳类中唯一具有主动飞行能力的类群,同时,它也是病毒传播中的关键类群。研究人员发现,考虑到物种扩散能力的限制之后,哺乳动物首遇和病毒跨物种传播的热点主要集中在东南亚地区,蝙蝠是推动这些热点形成的关键因素。统计发现,不同蝙蝠物种之间的首遇占哺乳动物的近90%,且大

多发生在东南亚地区,与当前全球病毒跨物种传播热点一致。“当一只巴西犬吻蝠一路飞到阿巴拉契亚地区(美国东部山脉)时,我们应该去关注它携带了什么病毒。”乔治敦大学医学中心全球健康科学与安全中心助理研究教授科林·卡尔森说,“及时发现这些宿主的转变,是防止病毒更多溢出并导致更多流行病的唯一方法。”

## 4 病毒传播热点与人口密集区重叠

气候变化将加速病毒在哺乳动物间的跨物种传播,而这也将进一步增加病毒进入人类社会并导致人畜共患病大流行的可能。为了评估这种影响,研究人员选取埃博拉病毒为研究对象,构建了13个目前已知和潜在宿主的传播网络。在温室气体低排放情景下,如果考虑到物种扩散能力的限制,这13个宿主物种将与约2627个新物种相遇,进而导致约96次病毒跨物种传播事件,其中可能就包含了埃博拉病毒的传播。

无独有偶,研究人员还发现许多未来哺乳动物首遇和病毒传播的热点与人口密度较高的地区重叠,尤其是在萨赫勒、埃塞俄比亚高原和东非大裂谷、印度、中国东部、印度尼西亚和菲律宾地区。他们指出,如果哺乳动物的分布区变化导致了未知人畜共患病的传播,生活于这些区域的人可能首先受到感染,进而使病毒从这些人口中心向全球传播。

## 5 亡羊补牢,为时晚矣?

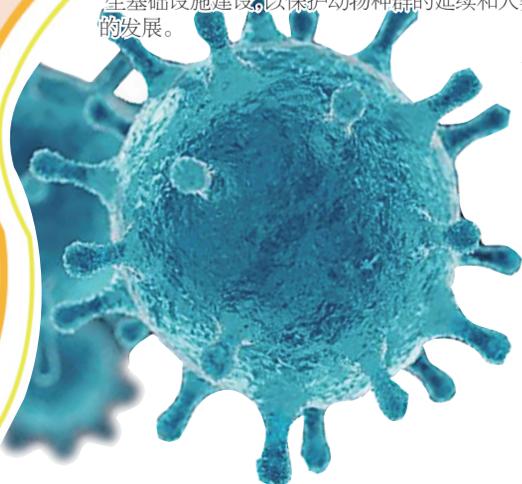
既然气候变化会带来病毒跨物种传播的威胁,那么人类积极采取应对措施能否扭转这种局势呢?研究人员遗憾地指出,仅靠严格控制温室气体排放,无法有效降低气候变化驱动的病毒跨物种传播。相反,全球变暖越慢,物种跟上气候变化的速度、生存下来的可能性更大,病毒跨物种传播的几率因此反而可能更高。“这些结果不是不采取措施的理由”,研究人员在文中指出,“相反,我们的研究结果强调,即使全球变暖被控制在2℃以下(与工业化前相比),改善野生动物疾病监测系统和公共卫生基础设施依然是十分紧迫的”。

研究人员进一步划分了三个时间段(2011-2040、2041-2070、2071-2100)分析发现,在21世纪,物种的首遇事件在不断积累,且大多数都发生于2011年-2040年间。换言之,如今全球变暖已经超过1℃,大多受气候变化驱动的病毒传播已经发生。乔治敦大学疾病生态学家格雷戈里·阿尔伯里说,他们推测,气候变化已经在重塑哺乳动物的病毒组。

## 6 医疗基础设施的改善迫在眉睫

本研究从病毒传播热点和人口密度的角度为人畜共患病暴发提供了预警,但真实的病毒溢出发生在复杂的生态和人类社会环境中,往往更为棘手。研究对象上的局限也很显著,本文在预测和分析过程中主要的关注点在陆生哺乳动物,而海洋哺乳动物其实也不容忽视。已有研究表明,北极海冰减少可能与鳍足类和海獭之间的病毒跨物种传播有关。另外,鸟类迁徙模式的改变对病原体传播预测也具有重要意义,但未被本研究考虑在内。

伦敦大学学院生态系统与人类健康相互作用建模专家凯特·琼斯认为,研究中的一些假设是有待推敲的,比如,野生动物可能跟不上气候和土地利用的变化,病毒不相容性可能阻止其外溢到人类宿主、公共卫生与疾病预防控制体系的完善可能有效阻止病毒最初的溢出等。但琼斯也指出,研究量化评估了病毒在物种之间传播的次数,是理解气候和土地利用变化如何增加下一次大流行风险的“关键的第一步”。在该预测结果下,减排已经不够,人类需要尽快采取措施,加快卫生基础设施建设,以保护动物种群的延续和人类社会的发展。



支分