

联合国
环境规划署



新冠肺炎
响应行动

ILRI
INTERNATIONAL
LIVESTOCK RESEARCH
INSTITUTE



预防下一次大流行病

人畜共患疾病以及如何阻断传播链



为决策者提供关键信息的科学评估
环境署前沿报告系列特别卷

© 2020联合国环境规划署

预防下一次大流行病：
人畜共患疾病以及如何阻断传播链
ISBN No: 978-92-807-3818-6
Job No: DEW/2316/NA

本出版物可以以任何形式全篇或部分复制用于教育或非营利目的，无需版权许可，但请注明来源。联合国环境规划署（UNEP）欢迎并感谢向我们寄送的任何引用本报告的出版物。

未经联合国环境规划署事先书面许可，不得将本出版物再次出售或用于任何其他商业目的。如需申请许可，请向联合国环境规划署新闻司司长提交申请，并说明使用范围和目的。通信地址为：P. O. Box 30552, Nairobi 00100, Kenya。

免责声明

本出版物所采用的名称与表述并不意味着联合国环境规划署对任何国家、领土、城市及当局的权威性或其边界划定表示任何意见。关于出版物中地图用途的一般性指导，请参阅：<https://www.un.org/Depts/Cartographic/english/htmain.htm>

本文件中提到的商业公司或产品并不代表联合国环境规划署或作者的认可。
禁止在宣传或广告中未经允许使用本文信息。商标名称和符号仅用于编辑，无意侵权或触犯版权法。

© 地图、照片和插图来源请参照说明。

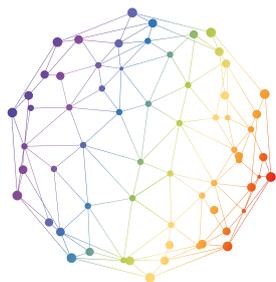
建议引用格式

联合国环境规划署和国际畜牧研究所（2020）。预防下一次大流行病：人畜共患疾病以及如何阻断传播链。内罗毕，肯尼亚。

制作

联合国环境规划署 | 科学司 | 通信地址为：P. O. Box 30552, Nairobi 00100, Kenya。
电话：+254 20 7621234 | 电子邮件：unep-publications@un.org | www.unep.org

中文翻译由瑞典和挪威资助。文本内容由Strategic Agenda公司翻译。任何查询将由译者负责处理，译者将对译文的准确性负责。



环境署前沿报告系列特别卷

联合国环境规划署
一贯倡导无害环境的做法。
我们的发行政策旨在减少
环境署的碳足迹。

联合国
环境规划署



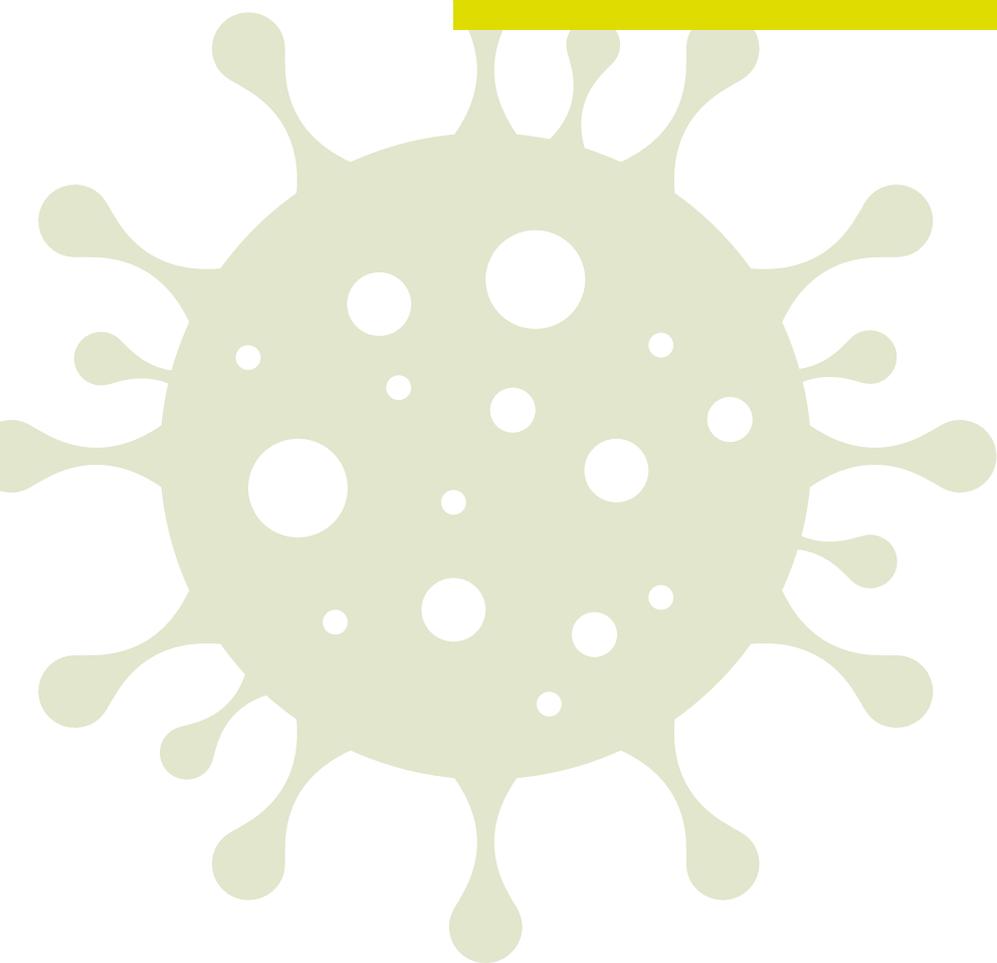
新冠肺炎
响应行动

ILRI
INTERNATIONAL
LIVESTOCK RESEARCH
INSTITUTE

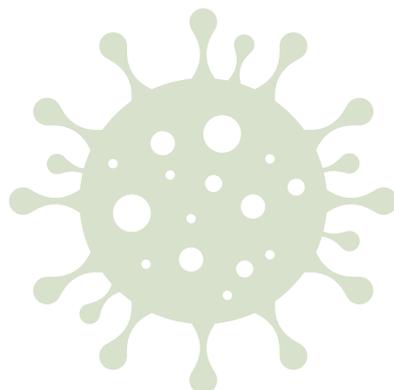
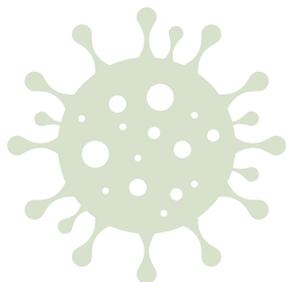
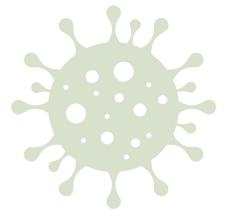
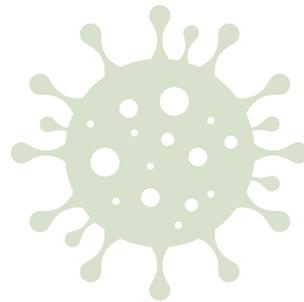
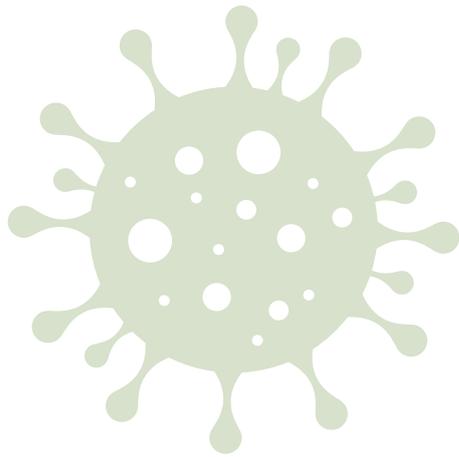
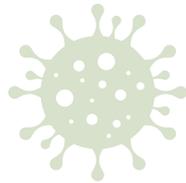
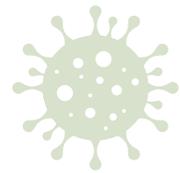
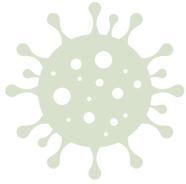
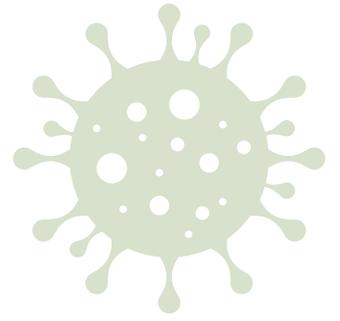
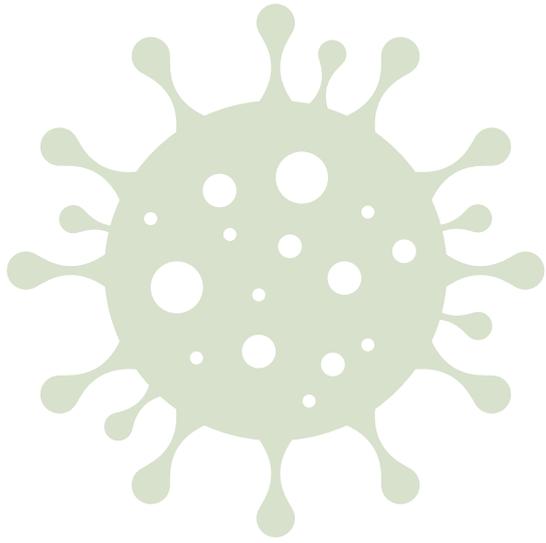


预防下一次大流行病

人畜共患疾病以及如何阻断传播链



为决策者提供关键信息的科学评估
环境署前沿报告系列特别卷



国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克Kock【皇家兽医学院 (RVC), 伦敦大学, 英国伦敦]、Fabianry Allison【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Neville Ash【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Daniel Bergin (GlobeScan, 中国香港特别行政区,)、Tianna Brand【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Alessandro Broglia【无国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克Leendertz (罗伯特·科赫研究所, 德国柏林)、Jianry Allison【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Neville Ash【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Daniel Bergin (GlobeScan, 中国香港特别行政区,)、Tianna Brand【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Alessandro Broglia【无国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克Broglia【无国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克Liu (环境署, 肯尼亚内罗毕)、Brian Lutz【联合国开发计划署 (UNDP), 美国纽约州纽约]、Riks Maas (瓦赫宁根生物兽医研究所, 瓦赫宁根大学及研究中心 (WUR), 荷兰莱利斯塔德)、Kelly Malsch【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Stefano Mason【无国界农艺师与兽医组织 (AVSF), 法国马恩河畔]、Paige McClanahan (环境署, 肯尼亚内罗毕)、Wander Meijer (GlobeScan, 中华人民共和国香港特别行政区)、Stefanory Allison【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Neville Ash【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Daniel Bergin (GlobeScan, 中国香港特别行政区,)、Tianna Brand【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Alessandro Broglia【无国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克Messori【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、E.J.Milner-Gulland (养护科学跨学科中心和牛津大学非法野生动物贸易马丁计划, 以及GCRF TRADE hub, 英国牛津)、Marco de Nardi【安全食品解决方案 (SAFOSO), 瑞士克尼茨市]、Maryam Niamir-Fuller【原环境署-全球环境基金 (UNEP-GEF), 美国弗吉尼亚州]、Scott Newman【粮食及农业组织 (FAO), 意大利罗马]、Jamesry Allison【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Neville Ash【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Daniel Bergin (GlobeScan, 中国香港特别行政区)、Tianna Brand【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Alessandro Broglia【无国界兽医组织 (VSF) 意大利办事处, 意大利莱尼亚罗市)、Randy Burd (长岛大学, 美国纽约布鲁克O'Rourke (查德隆州立学院, 美国内布拉斯加州查德隆)、Midori Paxton【联合国开发计划署 (UNDP), 美国纽约州纽约]、Kathryn Phillips【世界保护监测中心 (UNEP-WCMC), 英国剑桥]、Gert Polet【世界自然基金会-荷兰 (WWF-NL), 荷兰宰斯特]、Kristina Rodina (粮食及农业组织 (FAO), 意大利罗马)、Cristina Romanelli【世界卫生组织 (WHO), 瑞士日内瓦]、Pinya Sarasas (环境署, 肯尼亚内罗毕)、Tim Scott【联合国开发计划署 (UNDP), 美国纽约州纽约]、Alexander Shestakov【《生物多样性公约》(CBD) 秘书处, 加拿大蒙特利尔]、Roy Small【联合国开发计划署 (UNDP), 美国纽约州纽约]、Emily Tagliaro【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Edouard Timmermans【无国界兽医组织 (VSF), 比利时布鲁塞尔]、Gregorio Torres【世界动物卫生组织 (OIE), 法国巴黎]、Gregorio Velasco Gil【粮食及农业组织 (FAO), 意大利罗马]、

Kaavya Varma【联合国开发计划署 (UNDP), 美国纽约州纽约]、Yolanda Vaz【无国界兽医组织 (VSF) 葡萄牙办事处, 葡萄牙里斯本]、Ana Vukoje (环境署亚洲及太平洋区域办事处, 泰国曼谷)、Chris Walzer【国际野生生物保护学会 (WCS), 美国纽约州纽约]、Christopher Whaley【全球环境基金科学技术咨询组 (GEF-STAP), 美国华盛顿特区]、Derek Wu (GlobeScan, 中国香港特别行政区)、Michelle Wyman【美国国家科学与环境委员会 (NCSE), 美国华盛顿特区]、Makiko Yashiro (环境署亚洲及太平洋区域办事处, 泰国曼谷)、Edoardo Zandri (环境署, 肯尼亚内罗毕)、Jinhua Zhang (环境署亚洲及太平洋区域办事处, 泰国曼谷) 和Max Zieren (环境署亚洲及太平洋区域办事处, 泰国曼谷)。

秘书处和项目协调

Maarten Kappelle、Pinya Sarasas、Sofía Méndez Mora和Allan Lelei (均为肯尼亚内罗毕环境署工作人员)。

语言编辑

Susan MacMillan【国际畜牧研究所 (ILRI), 肯尼亚]、Maarten Kappelle、Paige McClanahan和Pinya Sarasas (均为肯尼亚内罗毕环境署工作人员)。

图形、设计和排版

Audrey Ringler, 环境署总部, 肯尼亚内罗毕。

通讯、媒体和外联

Daniel Cooney、Atif Ikram Butt、Salome Mbeyu Chamanje、David Cole、Nicolien De Lange、Florian Fussesstetter、Maria Galassi、Nancy Groves、Paige McClanahan、Neda Monshat、Pooja Munshi、Moses Osani、Andrew Raven、Lisa Rolls、Keishamaza Rukikaire、Sajni Shah、Rajinder Sian、Neha Sud和Richard Waiguchu (均为肯尼亚环境署总部工作人员)；David Aronson、Annabel Slater和Michael Victor (均为ILRI工作人员, 肯尼亚)；Matthew Davis和Michelle Geis Wallace (均为BURNESSE工作人员, 美国马里兰州贝塞斯达)。

同时感谢:

Jimmy Smith (ILRI)；Judith Akoth、Inger Andersen、Magda Biesiada、Alexander Caldas、Harsha Dave、Angeline Djampou、Sandor Frigyik、Tito Kimathi、Emily Kilonzi、Rachel Kosse、Fred Lerionka、Jian Liu、Lu Liu、Janet Macharia、Isabel Martínez、Nada Matta、Joyce Mavoungou、Abdelmenam Mohamed、Joyce Msuya、Pascil Muchesia、Jane Muriithi、Daniel Nthiwa、David Osborn、Rafael Peralta、Julia Rugo、Nandita Surendran、Ying Wang、Edoardo Zandri和Jing Zheng (均为肯尼亚内罗毕环境署总部工作人员)；和David Berman (独立)。

合作伙伴

联合国环境规划署对国际畜牧研究所 (ILRI, 肯尼亚内罗毕)、南非医学研究理事会 (SAMRC, 南非比勒陀利亚) 和《保护迁徙野生动物物种公约》秘书处 (CMS, 德国波恩) 对本快速科学评估报告的编写、发布和传播提供的大力支持表示感谢。

中文翻译由瑞典和挪威资助。文本内容由Strategic Agenda公司翻译。任何查询将由译者负责处理, 译者将对译文的准确性负责。

环境署和ILRI感谢以下组织的支持：



Convention on
Biological Diversity



Research, Innovation, Sustainability.



GLOBAL ENVIRONMENT FACILITY
INVESTING IN OUR PLANET



LONG ISLAND UNIVERSITY



WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH
Protecting animals, preserving our future



National Council for
Science and the Environment



SCIENTIFIC AND TECHNICAL
ADVISORY PANEL
*An independent group of scientists that advises
the Global Environment Facility.*



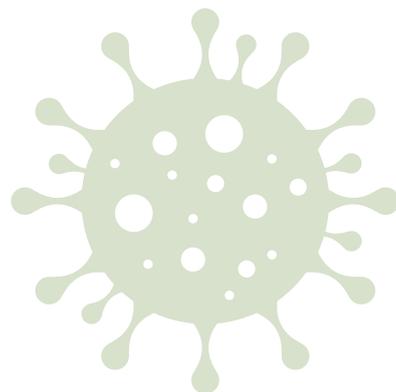
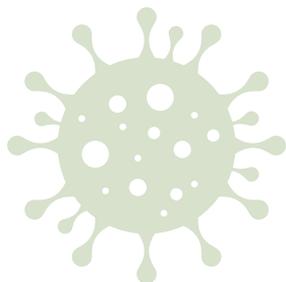
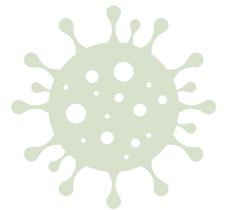
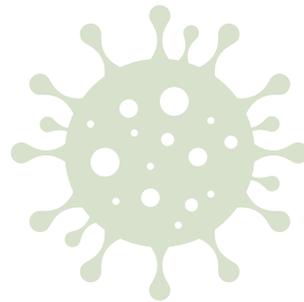
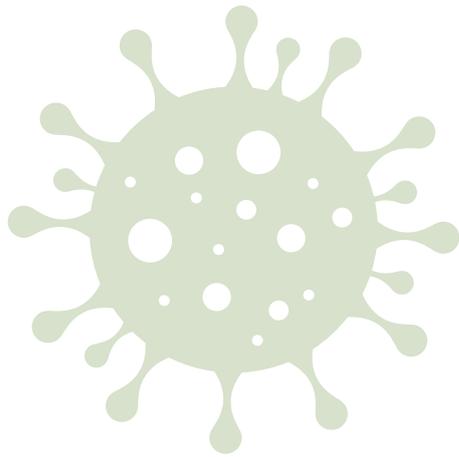
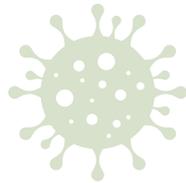
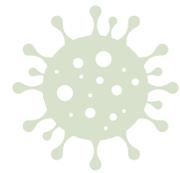
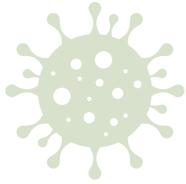
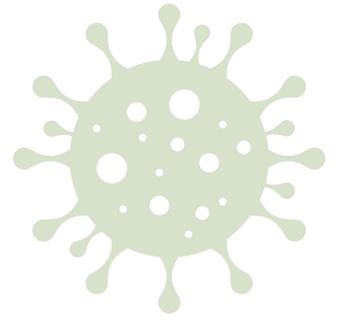
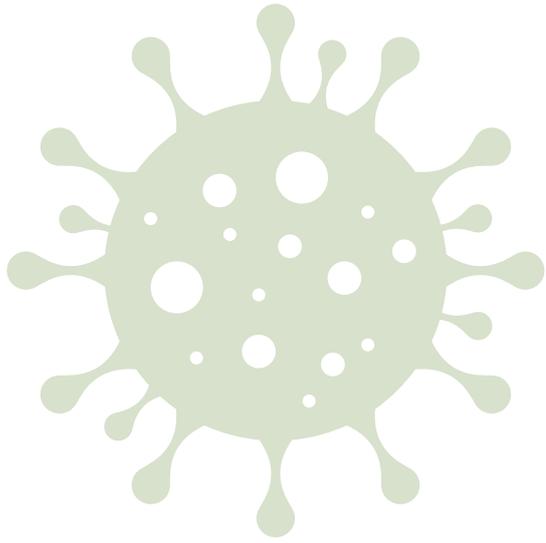
VSF INTERNATIONAL
VÉTÉRINAIRES
SANS FRONTIÈRES





目录

致谢	i
目录	1
缩略语和简称	3
序言	4
关键信息	7
导言	9
第一章： 包括人畜共患疾病在内的新型传染病概述	11
什么是新发疾病，什么是人畜共患疾病？	11
人畜共患疾病何时作为人类疾病暴发？	13
导致人畜共患疾病暴发的七个主要人为因素	15
在人畜共患疾病暴发中起作用的其他因素	19
第二章： “一体化健康”背景下的冠状病毒	21
什么是冠状病毒？	21
冠状病毒大流行病的共同要素和起源	25
第三章： 了解栖息地丧失、野生动植物使用和交易以及 出现新型人畜共患疾病暴发之间的联系	29
栖息地和生物多样性丧失	29
野生动植物收获、饲养和贸易在疾病传播中的作用	31
野生动植物使用、贸易和消费带来的人畜共患疾病风险	34
第四章： 管理和预防人畜共患疾病：“一体化健康”如何提供帮助	39
控制人畜共患疾病的“一体化健康”方法	39
管理人畜共患疾病的历史记录	41
从以前冠状病毒暴发的管理中汲取的经验教训	42
第五章： 预防未来的人畜共患大流行病：还需要开展哪些工作？	45
人畜共患疾病控制和预防的“一体化健康”方面	45
解决导致人畜共患疾病出现的人为致病因素	46
重视“一体化健康”方法的环境维度	47
利用创新和新技术	47
回应预防和控制人畜共患疾病的公众需求和政策需求	48
改造和重新管理食物系统	48
可持续利用野生资源和多边环境协定	50
人类-家畜交叉区域的干预	51
迈向循证政策制定	51
十项关键政策建议	53
参考文献	55
图片参考文献	60
术语表	64





缩略语和简称

AIDS	获得性免疫缺陷综合征
BSE	牛海绵状脑病
CBD	《生物多样性公约》
CGIAR	保障未来粮食安全的全球伙伴关系
CITES	《濒危野生动植物种国际贸易公约》
CMS	《保护迁徙野生动物物种公约》（《波恩公约》）
COP	缔约方大会
COVID-19	新型冠状病毒病
DNA	脱氧核糖核酸
EID	新型传染病
FAO	联合国粮食及农业组织
GDP	国内生产总值
HCoV-OC43	人类冠状病毒亚型OC43
HIV/AIDS	人类免疫缺陷病毒/获得性免疫缺陷综合征
HPAI	高致病性禽流感
IBD	炎症性肠病
ILRI	国际畜牧研究所
MERS	中东呼吸综合征
MERS-CoV	中东呼吸综合征冠状病毒
OIE	世界动物卫生组织
PED	猪流行性腹泻
RNA	核糖核酸
RVF	裂谷热
SARS	严重急性呼吸综合征
SARS-CoV	严重急性呼吸综合征冠状病毒
SARS-CoV-2	严重急性呼吸综合征冠状病毒2
SIV	猴免疫缺陷病毒
TGE	传染性胃肠炎
UNEP	联合国环境规划署
UNESCO	联合国教科文组织
UNICEF	联合国儿童基金会
WHO	世界卫生组织

环境署执行主任的序言

新型冠状病毒病对世界各地人类健康、社会和经济造成了严重破坏。这种疾病是人畜共患疾病，一种在动物和人之间传播的疾病。它可能是最严重的人畜共患疾病，但并不是首次发生人畜共患疾病。我们已经知道，60%已知的人类传染病和75%的新型传染病为人畜共患疾病。埃博拉病毒、严重急性呼吸综合征、寨卡病毒和禽流感都是通过动物传染给人类的。

当我们寻求在新型冠状病毒暴发后重建更美好的家园之际，我们需要充分了解人畜共患疾病的传播途径，它们对人类健康的威胁以及如何最大程度地减少进一步破坏性暴发的风险。这需要进行雄心勃勃的调查，《预防下一次大流行病：人畜共患疾病以及如何阻断传播链》报告是其中关键的第一步。

本报告是与大学、研究机构、联合国机构和若干多边环境协定的秘书处合作编写的，确定了导致人畜共患疾病的主要人为致病因素——从农业集约化和对动物蛋白的需求增加到土地的转化和气候变化。这些致病因素正在破坏自然栖息地，而且人类正在利用更多物种，这使人类与疾病媒介物的接触更加密切。正如我们在新型冠状病毒暴发中所看到的那样，这些疾病一旦在人类身上生根，就会迅速在全球传播。

了解这些致病因素至关重要，能为有效的战略和政策应对提供依据，防止将来疾病的再次暴发。本报告提出了许多建议，所有建议均基于“一体化健康”方法，该方法联合了公共卫生、动物健康、植物健康和环境等多个学科的专家，以提供改善人类、野生生物和地球健康的成果。

这些建议包括将科学调查扩展到人畜共患疾病，规范和监督传统食品市场，鼓励合法的野生动植物贸易和畜牧业采取人畜共患疾病控制措施，以及彻底改变食物系统。最重要的是，政府、民众和私营部门需要通力合作。这是一项全球性挑战，任何人都无法置身事外，因为这一挑战跨越了每个学科和每个边界。导致大



流行病暴发的因素往往也会导致气候变化和生物多样性丧失（这是两个在大流行病期间仍然存在的长期挑战）。

人类在应对人畜共患疾病和其他挑战时，应记住这一简单核心理念：人类的健康取决于地球和其他物种的健康。如果人类给大自然一次自由呼吸的机会，那么在我们寻求为每一个人建立一个更加公平、绿色和安全的世界的过程中，大自然将成为我们最伟大的盟友。

英格·安德森（Inger Andersen）
执行主任
联合国环境规划署
2020年7月

联合国
环境规划署 

ILRI总干事的序言

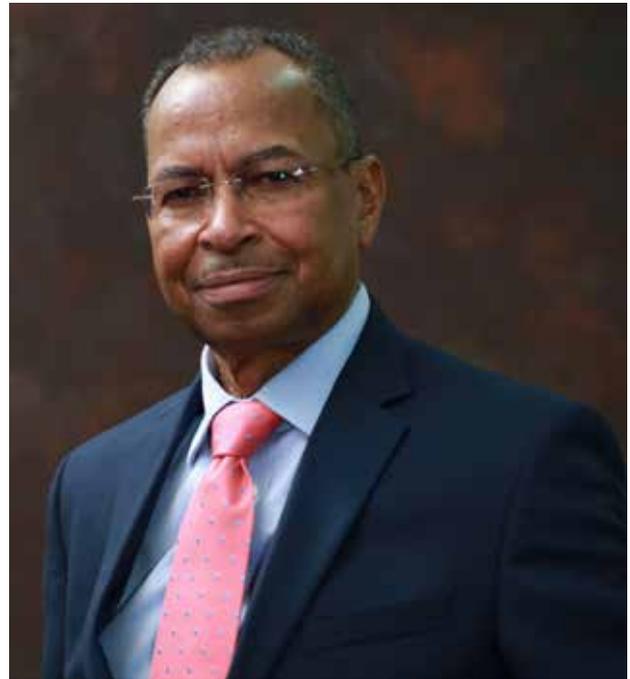
我很荣幸地向大家介绍这份由联合国环境规划署（UNEP）、国际畜牧研究所（ILRI）和南非医学研究理事会与其他联合国机构和多边机构，以及一流大学和研究机构合作编写的报告。将环境、畜牧和医学专业知识联合起来帮助理解和阻止人类传染病的发生，这种做法切合时宜。

本报告将加深读者对引起全球大流行病的冠状病毒，以及其他类似跨越物种界限传染给人类宿主的病原体的了解。随着全球人口不断增长，人、动物和环境之间的相互作用不断扩展和深化，这些“人畜共患”疾病数量也在增加。

迄今为止，大多数控制人畜共患疾病的工作都是被动反应型，而非积极主动型。新型冠状病毒病让人们意识到：是时候改变现状了。为了防止将来出现新型人畜共患疾病，我们需要找出其出现的根本原因并加以解决。我们还需要打破学科和组织界限，投资公共卫生项目，进行可持续的养殖，结束对野生动植物资源的过度利用，恢复土地和生态系统的健康，并减缓气候变化。

只有从事环境、动物和人类健康工作的机构之间加强合作，才能实现这些目标。过去二十年里，“一体化健康”（一种跨部门、跨学科的整体方法，侧重于人、动物和环境的健康融合）已成为预防和管理人畜共患疾病的最有前景的方法。长期以来，我始终倡导使用“一体化健康”方法，虽然专家们认为这是确保人人享有更健康的未来的最佳途径，但这种方法需要全面加强并成为主流，尤其是环境方面，还需进一步加大财政和机构支持力度。我们必须在全球的各个层面上，从乡村、部委到全球，在人类、动物和环境各方面，采用新方法并开展富有成效的工作。这项工作主要由环境、畜牧和人类卫生组织共同参与，为我们提供了跨部门协作的典范。

政府、机构和社区如果团结起来，积极推进人-动物-环境发展议程，就能够阻止将来人畜共患

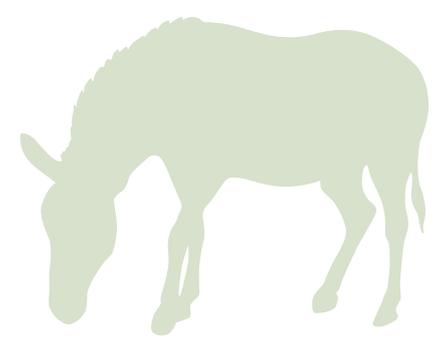
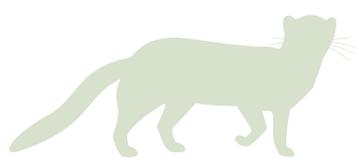
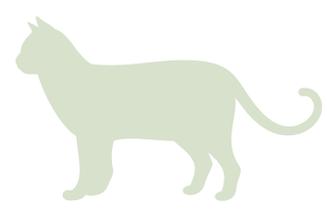
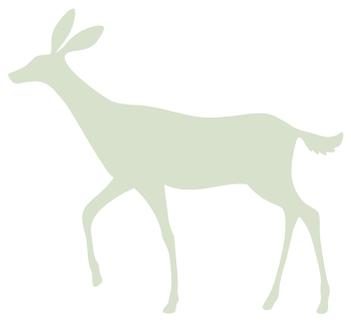
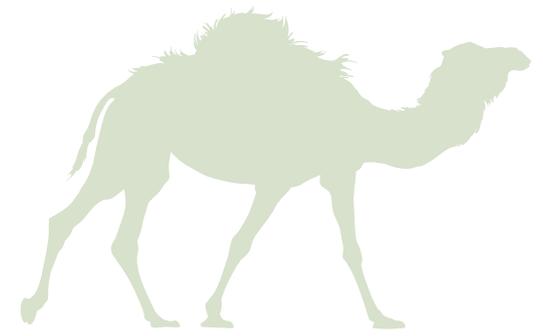
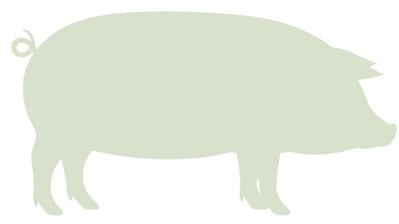
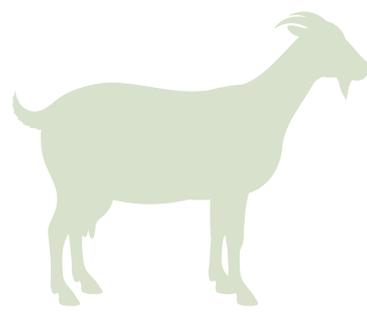
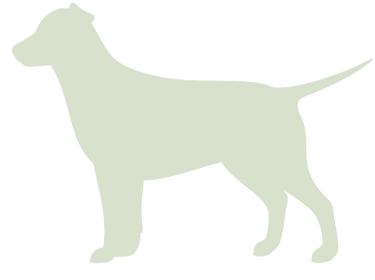
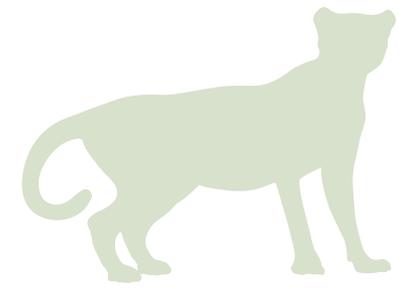
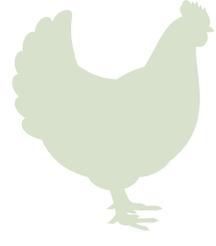
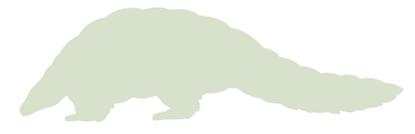
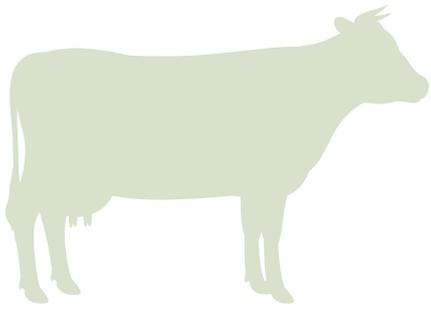


疾病的发生。同时，这些新的联盟将能使我们“重建”健康的生态系统，同时实现全球可持续发展目标，获得具有历史意义的持久投资回报。本报告是一次早期尝试，旨在概述政府、企业和公民社会中的各类机构该如何共同努力创造这样一份遗产。

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'J. Smith', with a horizontal line underneath.

吉米·史密斯（Jimmy Smith）
总干事
国际畜牧研究所
2020年7月

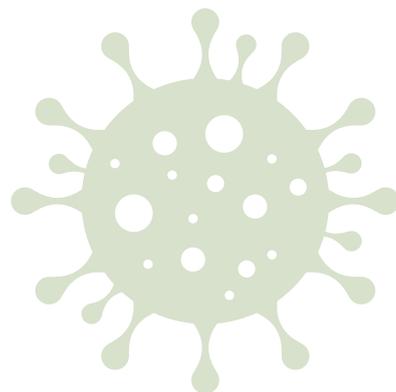
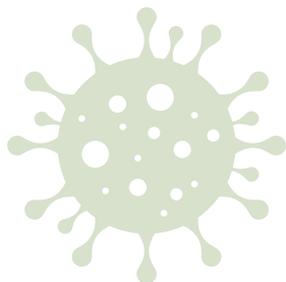
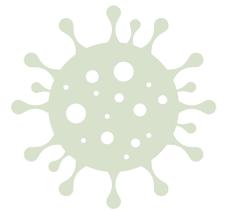
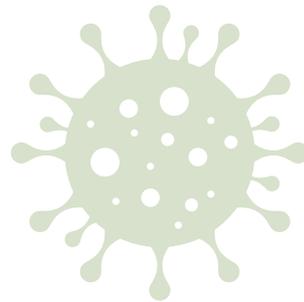
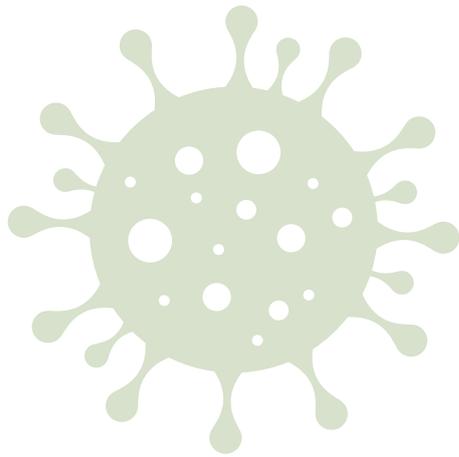
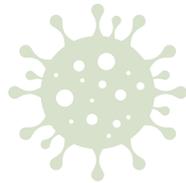
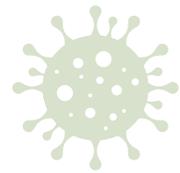
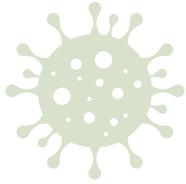
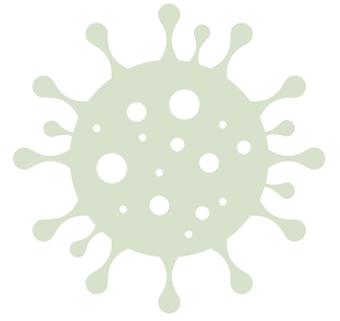
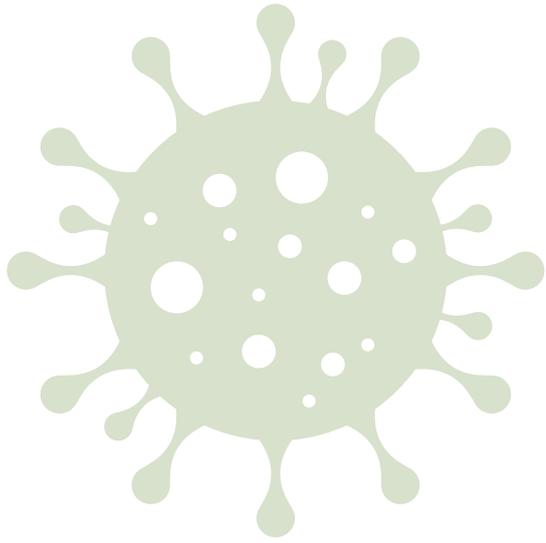




关键信息

这项循证科学评估为决策者提供了以下关键信息：

- 减少食物系统的风险：**随着源自动物的SARS-CoV-2病毒的迅速传播，许多新发布的基于科学的政策报告持续关注由新型冠状病毒疫情引发的全球公共卫生突发事件。我们需要进行更多这样的循证科学评估，以评估当前大流行病的环境条件和传播条件，以及未来人畜共患疾病暴发的风险。
- 紧迫性：**由动物传染给人类的疾病出现的越来越频繁。我们必须采取迅速行动来填补科学空白，促进知识和工具的开发，帮助各国政府、企业、卫生部门、当地社区和其他利益攸关方（尤其是资源有限的利益攸关方）减少未来大流行病暴发的风险。
- 报告受众：**为了填补这一空白，科学家们进行了一项科学评估，以探索野生动物和家畜在新出现的人畜共患传染病中所起的作用。这项快速评估是为各级和各区域的政府、企业和民间社会的决策者专门设计的。
- 问题的范围：**据估计，约60%的传染病是人畜共患疾病。在所有新兴的人类传染病中，约有75%是从动物“跨越物种界限”传染给人类的。讨论的最多的人畜共患疾病都是间接发生的，例如通过食物系统。
- 暴发频率和可预测性：**由于人类进行的不可持续的活动，致病微生物从动物传染到人身上的频率正在增加。大流行病，如新型冠状病毒，的暴发，是人们获取和培育食物的方式，交易和食用动物，以及对环境的改变所导致的意料之中的结果。
- 连接性和复杂性：**更为广泛的环境、生物多样性和新兴传染病之间的联系是错综复杂的。尽管野生动植物是人类新兴疾病的最常见来源，但驯养的动物也可能是人畜共患疾病的原始来源、传播途径或倍增因素。这些联系，以及空气质量和水质、粮食安全和营养、心理健康和身体健康等问题之间的相互联系，为应对由当前和未来新兴传染病（包括人畜共患病）所构成的各类挑战的政策提供依据。
- 致病因素：**七大人造因素最有可能导致人畜共患疾病的出现：1) 人类对动物蛋白的需求增加；2) 不可持续的农业集约化；3) 对野生动植物的利用和开发增多；4) 城市化、土地用途变化和采掘业加速了对自然资源的不可持续利用；5) 日益增长的旅行和交通需求；6) 食物供应变化；7) 气候变化。
- 影响和代价：**新兴的人畜共患疾病威胁着人类和动物的健康，也威胁着经济发展和环境。尽管人畜共患疾病对贫困人群的打击最严重，但新兴传染病影响着每个人；在高收入国家，新兴传染病造成的经济损失更大。鉴于人畜共患疾病的一次暴发就可能在范围内造成数万亿美元的损失，因此预防措施要比应对措施更具成本效益。
- 政策选项：**这项评估推荐了十种政策应对建议，以减少未来人畜共患大流行病暴发的风险并且“重建更美好的家园”：1) 提高对健康和环境风险及预防的认识；2) 改善健康治理，让环境利益攸关方参与进来；3) 将科学探究扩大到人畜共患疾病的环境方面；4) 确保对疾病产生的社会影响进行完全成本法核算；5) 采用基于风险的方法加强对食物系统的监测和监管；6) 淘汰不可持续的农业实践；7) 制定并执行更强有力的生物安全措施；8) 加强动物健康管理（包括野生动物健康服务）；9) 加强健康利益攸关方的能力建设，纳入健康的环境因素；10) 将“一体化健康”（One health）方法主流化并落实到位。这些政策建议将在本报告的第五章详细讨论。
- “一体化健康”：**本报告确认并拓展了联合国粮农组织、世界动物卫生组织和世界卫生组织三方联盟和许多其他专家组得出的结论，即“一体化健康”方法是预防和应对人畜共患疾病暴发和大流行病的最佳方法。如果采取将医疗、兽医和环境专业知识结合在一起的“一体化健康”方法，将帮助各国政府、企业和民众实现人类、动物和环境的持久健康。



导言

如2020年4月发布的《联合国应对新型冠状病毒病的紧急社会经济响应框架》所述：

“大流行病后的恢复能否成功也将取决于**对风险的背景和性质的了解是否透彻**。¹考虑到新型冠状病毒危机，这包括对全球范围内侵占、非法贸易、传统市场等未来的病原体传播途径进行摸底调查并绘制地图，**从而确定未来可能发生的人畜共患疾病**。它还将意味着支持各种努力，遏制对生态系统的侵害行为，恢复退化的生态系统，关闭非法贸易和非法传统市场，同时保护依靠它们获得食物供应和生计的社区。遵循《濒危野生动植物物种国际贸易公约》（CITES）和《保护迁徙野生动物物种公约》（CMS）的现有指南，以及在《生物多样性公约》（CBD）第十五届缔约方大会（COP15）上达成一项雄心勃勃的协定，将部分实现这一目标。”

到2020年年中，尽管全世界正在努力应对新型冠状病毒大流行病，但大多数新论文和指南都侧重于对新型冠状病毒及其引起的大流行病的公共卫生响应行动。这些文章和报告强调了这种传染病的预防和治疗，或者讨论了保障生计、确保营养和重建面临衰退的国家或地区经济的方法。全球将在新型冠状病毒病危机后的世界里努力减少未来人畜共患大流行病风险，然而，几乎没有科学评估来评价可能妨碍这一全球努力的各种问题。

本着上述《联合国应对新型冠状病毒的紧急社会经济响应框架》的精神，全球重要的环境主管机构和倡导者联合国环境规划署（UNEP）已与著名的国际畜牧研究所（ILRI）和其他主要合作伙伴合作，共同编制关于未来人畜共患疾病暴发的循证评估报告。

本报告是首批专门关注新型冠状病毒大流行病期间暴发的人畜共患疾病的环境方面的报告之一。本报告试图填补关键的知识缺口，并让决策者更好地了解可能在未来暴发的人畜共患疾病的背景和性质。本报告审查了新型冠状病毒大流行病和其他“人畜共患疾病”的根源，世界卫生组织将“人畜共患疾病”定义为可从脊椎动物自然传

播给人类的疾病或传染病。本报告还研究了人畜共患疾病的来源，以及如何降低人畜共患疾病发生的可能性。本报告探讨了动物，特别是非家养动物在新型人类传染病中的作用。这对于我们改进全球响应准备措施的工作至关重要，因为在当今世界，由于以不可持续的方式使用自然资源的情况日益加剧，导致致病微生物从动物传染给人类的溢出频率已大幅度增加。

环境、生物多样性、人类社会和人类疾病之间的关系非常复杂。²虽然人类疾病的一个来源可能是野生动物，但家畜可能使来自野生动物的病原体数量倍增。此外，如本报告所述，大多数新型传染病（无论是发生在野生动物、家畜、植物还是人）都是由人类活动驱动的，包括农业集约化、野生动物的使用和滥用以及人为引起的景观变化等，这些活动以不可预测的方式相互作用并产生负面结果。

在此背景下，重要的是要认识到，疾病的发生不仅涉及家畜或野生动物与人之间的关系，而且还涉及整个系统的复杂性，以及生物和非生物组成部分之间的相互作用。生物多样性，以及我们陆地景观与海洋景观的复杂性，是社会和生态适应能力不可或缺的部分。³考虑到生物多样性与我们的身心健康（包括非传染性疾病以及传染病）之间的复杂关系也很重要。这里的许多联系包括与空气、水、粮食安全和营养有关的联系。²

因此，《生物多样性公约》制定了包括生物多样性在内的《一体化健康指南》，³它把“一体化健康”概念视为保护和可持续利用生物多样性的关键要素。世卫组织将“一体化健康”定义为一种设计和实施方案、政策、立法和研究的方法，多个部门在其中进行沟通和合作以取得更好的公共卫生成果。

这份以科学促进政策的报告提供了应用“一体化健康”方法的实例，以及相关的政策应对方案，这些方案可以由政府、民间社会和企业部门实施，以努力解决人畜共患疾病的致病因素，最终目标是将未来人畜共患疾病暴发的风险降到最低。



第一章

包括人畜共患疾病在内的 新型传染病概述

2019年底出现的严重急性呼吸系统综合征冠状病毒2 (SARS-CoV-2)，以及这种新型冠状病毒在2020年造成的巨大全球性公共健康和经济影响被视为一场危机。这种大流行病尽管有时被视为“黑天鹅”（一种小概率的事件），但实际上是人们获取食物、买卖动物和改变环境的方式造成的可预知的结果。

为了管理包括人畜共患疾病在内的新型传染病（EID），并降低其成为流行病和大流行病的风险，我们需要了解新型传染病的起源、类型和在不同社区的重要性，以及驱动因素。本章向普通读者介绍新型疾病和人畜共患疾病，然后将在第二章中更深入地介绍冠状病毒。

什么是新发疾病，什么是人畜共患疾病？

人体和其他动物一样，包含多种相同的微生物，也会患相同的疾病。这种共存是常见的自然现象，并且对健康至关重要。只有少数微生物会引起疾病。考虑到地球上微生物的数量数不胜数，出现病原体（伤害宿主的微生物）的情况极为罕见。已知仅有约1400种微生物可能引起人类感染。

人类的新兴疾病可能是由于引发疾病的共生微生物的性质或行为发生变化而引起的，也可能是由于新型微生物感染（通常通过与大多数微生物寄生的动物和环境接触）而引起的。

据估计，约60%的人类感染源于动物⁴，在所有新型人类传染病中，约75%是从（非人类）动物“跨越物种界限”传染给人类的。⁵在高收入国家，直接感染人畜共患疾病可能极为罕见，⁶大多数人畜共患疾病是间接发生的，例如，通过昆虫病媒感染或通过食物系统感染（这种更常见）。⁷家畜物种平均与人共有19种（全距为5-31）人畜共患疾病病毒，而野生动物物种平均与人共有0.23种人畜共患疾病病毒（全距为

0-16）。⁸因此，毫无疑问，历史上或当前涉及人畜共患疾病事件的绝大多数动物是家畜（牲畜、驯养的野生动物和宠物），这是符合逻辑的，因为人与家畜的接触率很高。出现新的野生动物造成的人畜共患疾病极为罕见，但可能影响深远。

在感染动物的病原体中，约80%是“多宿主”病原体，这意味着它们在不同的动物宿主之间移动，⁹偶尔包括人类。家畜和半家养野生动物也充当了人类疾病出现的桥梁；这个现象可能具有进化意义，或者动物也可以充当自然的传播者。

在生物不安全的工业和集约化农业系统中产生的某些病毒最终会导致人畜共患疾病。一个例子是高致病性禽流感（HPAI），这是家禽的一种重大疾病，由低致病性病毒演变而成，在野生鸟类种群中生存传播。另一个例子是裂谷热（RVF），家畜已成为使人和动物致病的病毒的扩大宿主，这种病毒最初在野生动物和蚊子之间传播。野生动物是原生宿主，而家畜是人类感染的中间宿主。

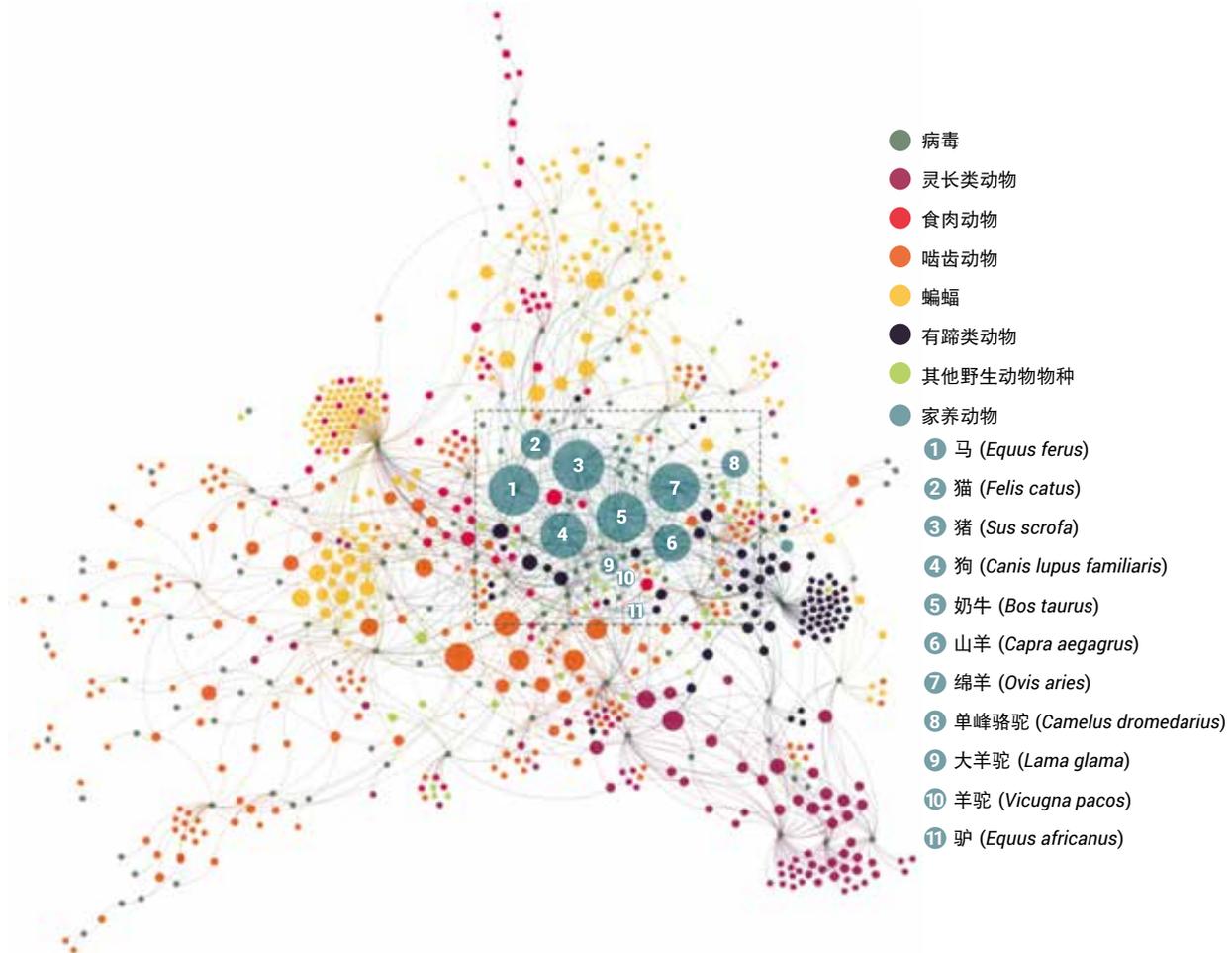
真正的人类大流行性流感病毒（更像新型冠状病毒）的进化过程更为复杂，来自不同家畜（通常是猪和家禽）的各种病毒混合在一起，并与人类流感发生相互作用而产生高致病性的人类流感大流行病。

尽管我们正处于新型冠状病毒大流行病的暴发期中，但近几十年来，还出现了其他引人关注、具有破坏性的新型疾病。其中最突出的例子有：人畜共患流感（禽流感）、人类大流行性流感（H1N1）、中东呼吸综合征（MERS）和严重急性呼吸综合征（SARS），已经证明其中大多数疾病的传播都和家畜有关或疑似与家畜有关。只有SARS存在疑似半家养野生动物原生宿主，尽管尚未得到证实。

其他疾病，例如重新出现的西尼罗河热、黄热病和寨卡病毒，都是间接人畜共患疾病。最近几十



家畜和野生哺乳动物宿主之间共享人畜共患疾病病毒的二分网络



Johnson等人（2020）⁸分析了与人类“共享”病毒的野生和驯化哺乳动物物种的数据。由此得到的二分图说明了人畜共患疾病病毒与哺乳动物宿主之间的关联。病毒节点(○)将携带相同人畜共患疾病病毒的宿主物种连接起来。哺乳动物的物种节点按驯化状态和非驯养陆生野生动物的分类学顺序着色。物种结点大小与在该物种中计算出的人畜共患疾病病毒的丰富程度有关。作为所有病毒宿主的人类，没有显示在图上。

资料来源：Johnson等人。（2020）⁸由英国皇家学会（Royal Society）根据知识共享许可协议（CC BY 4.0）发布。为提高可读性，图例已作修改。

年，源于人畜共患疾病的新型疾病造成的直接损失超过了1000亿美元。之前估计，如果这些疾病的暴发成为人类大流行病，那么损失将达到数万亿美元。¹⁰而当前的新型冠状病毒大流行病可能就属于这种情况。尽管新型人畜共患疾病对社会和经济产生了巨大的实际和潜在影响，并且人们普遍认为预防胜于治疗，但迄今为止，从源头上控制人畜共患疾病的投资和政治意愿仍十分缺乏。

新型疾病当然会有会带来很大的问题，其中一些疾病发展为流行病（影响一个区域内的许多人），另一些发展为大流行病（遍及多个国家和大洲，影响全世界的许多人）。新型冠状病毒现在是肆

虐全球的大流行病，使人们身患疾病并夺走他们的生命，在卫生服务机构努力应对时，数十亿人陷入各种形式的封锁管控，截至2020年6月，已有数十万人死亡。

此外，对世界上某些国家和地区来说，极为重要的是地方性人畜共患疾病。所谓的“被忽视的人畜共患疾病”持续存在于受影响的（主要是贫困的）人口中，但与新兴人畜共患疾病相比，受到的国际关注和得到的资金却少得多。¹¹在发展中国家普遍存在却被忽视的重大人畜共患疾病包括炭疽、牛结核病、布鲁氏菌病、狂犬病、囊尾蚴病（猪绦虫）、棘球蚴病（包虫病）、流行性乙型脑炎、钩端螺旋体病、Q热病、拉沙热病毒和

锥虫病（昏睡病）。其中大多数疾病是由家畜传播的，但有些疾病也与野生动物有联系，或者野生动物偶尔起到了重要作用（布鲁氏菌病、钩端螺旋体病、狂犬病、肺泡状棘球蚴病和与蝙蝠相关的狂犬病）。只有拉沙热拥有专门的野生动物宿主（多乳头鼠）。

被忽视的人畜共患疾病仍然存在于社区中，这些社区面临着复杂的发展问题，通常包括贫困、卫生条件差、很难获得水和处理垃圾、隔离、社会政治不稳定、政治边缘化、文化水平偏低、性别不平等和自然资源退化。这些社区通常高度依赖牲畜，并与野生生物或半家养野生动物频繁接触，这增加了他们和病原体的接触机会。另一类常被忽视、主要来自家畜的疾病是食源性疾病。为控制疾病暴发而采取的某些响应行动可能会无意中伤害贫困人口，例如，由于大规模宰杀家畜，减少了他们获得重要营养来源——动物源性食物的机会。¹²

值得注意的是，世界卫生组织（WHO）最近的一项研究发现，筛选一些重大食源性疾病的负担可与艾滋病病毒/艾滋病（人类免疫缺陷病毒获得性免疫缺陷综合症）、疟疾和结核病¹³这“三大”主要传染病的负担相提并论。

例如，在2018年至2019年之间，南非出现了世界上最大的李斯特菌暴发，有1000多例实验室确诊病例，200余人因食用受污染食物而感染身亡。¹⁴

人畜共患疾病何时作为人类疾病暴发？

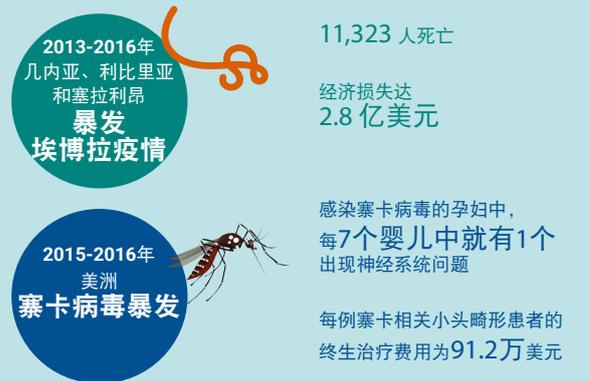
从历史上看，来自动物的人类新疾病的出现往往伴随着重大社会变革。例如，新石器时代，在从采集狩猎向农业社会过渡时期，人均寿命较短，吃得较少且食物质量差，和狩猎采集者祖先相比，他们的体型更小，更容易得病。随着农业发展，人口急剧增加，人们住在离排泄物很近的地方，导致人类疾病增加；驯化动物导致牲畜病原体跨越物种界限传染给人类，可能引起白喉、流感、麻疹和天花等疾病。^{15,16}

随后发生的与重大社会压力和剧变有关的重大瘟疫或疫情与人畜共患疾病有关，或与最初从动物跨越物种界限传染给人，但后来主要在人与人之间传播的疾病有关。一些最引人注目的疫情有：

人畜共患疾病类型

新型人畜共患疾病

指新近在人群中出现，或以前存在但现在发病率或地理范围正在迅速增长的疾病。幸运的是，这些疾病往往不是高致命性的，而且大多数不会广泛传播。但是，一些新出现的疾病会产生巨大的影响。埃博拉、艾滋病病毒/艾滋病和目前的新冠肺炎是新型人畜共患疾病的知名案例，对人类健康和经济尤其有害。



流行性人畜共患疾病

通常间歇性地发生，并且大多起源于国内。例如炭疽、利什曼病和裂谷热。流行性人畜共患疾病通常是由气候变化、洪水和其他极端天气以及饥荒等事件引发的。疫情/流行性人畜共患疾病的总体健康负担远低于被忽视的人畜共患疾病，但由于流行性人畜共患疾病会对粮食生产和其他系统造成“冲击”，因此可能大大削弱受影响的贫困社区的复原能力。

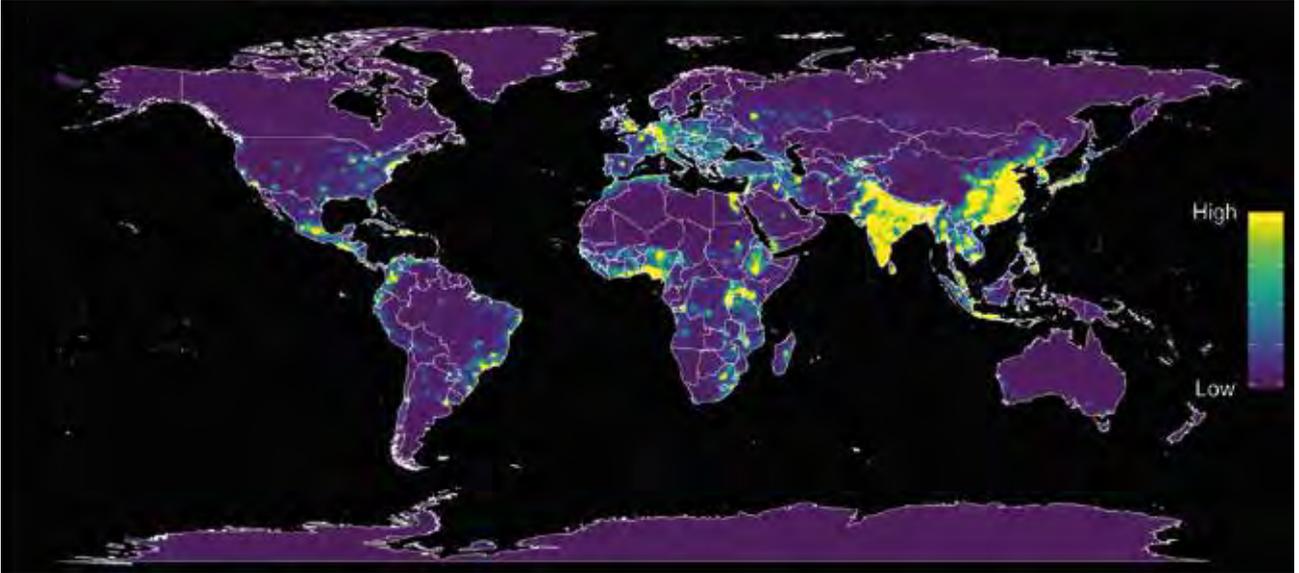


被忽视的人畜共患疾病

大多起源于国内，并在某些人口中或多或少地持续存在。这些常见疾病主要影响贫困人口，通常被国际捐助者、标准制定和研究团体以及各国政府所忽视。对这些疾病检测和监测不足，很有可能削弱了对它们的认识，从而降低了它们在研究人员和政策制定者心目中的优先级。



预测的人畜共患疾病出现风险全球热图



Allen 等人 (2017)²³ 基于一系列广泛的预测因素，例如热带森林地区的分布、人口密度、哺乳动物物种丰度、农业用地利用等，分析了源于野生动物的新型传染病 (EID)。由此得出的热图显示了排除报告偏差后，人畜共患新型传染病事件预测风险的全球空间分布。

1. 14世纪中叶，真正的人畜共患性黑死病或害虫（由鼠疫杆菌引起的黑死病）在欧亚大陆和北非造成数百万人死亡，灭绝了欧洲三分之一的人口。
2. 在16世纪，欧洲人到达美洲后不久，欧洲疾病的流行就造成了美洲多达95%土著居民死亡，加速了其对美洲古老文明的破坏。¹⁷人们认为，和新大陆相比，更多的温带传染病出现在旧大陆，因为在旧大陆驯养了各种能够携带原始病原体的动物。¹⁶
3. 19世纪的结核病暴发与西欧的工业化和人口过度拥挤有关，造成欧洲多达四分之一的人口死亡。和当前情况不同，现在的大多数疾病是由非人畜共患的结核病引起的，而在19世纪暴发的疾病中，很大一部分被认为是由人畜共患的结核病引起的。¹⁸
4. 非洲殖民统治的扩张助长了人畜共患昏睡病的暴发，在二十世纪前十年，这种疾病导致乌干达三分之一的人口和刚果河流域五分之一的居民死亡。¹⁹
5. 1918年的流感大流行在第一次世界大战的最后几个月以及随后几年(1918 - 1921)造成约4000万人死亡。

全球人口从1900年的约16亿增加到今天的约78亿。与此同时，为人们提供食物的家畜，以及

在人为创造的新环境中茁壮生长的害虫或“半家养野生动物”（例如老鼠）的数量也在增加。总体而言，人口、牲畜和害虫的数量激增，致使野生动物种群的规模减小，同时，一反常态的是，人、牲畜和野生动物之间的联系却在增加（随着生态系统的减少和退化，更多的人猎杀逐渐减少的野生动物，全球范围内人和野生动物间的冲突数量也在增加）。

但是，对世界局面的粗略描述掩盖了一些巨大的地区和地方差异。某些国家的人口在减少而不是在增加。在上个世纪，当小型农场被证实不可行，农田已恢复为林地，“自然环境”又回到了人口稀少的农村地区（例如，美国东北部的部分地区）。

虽然存在这些例外，但总的来说，人口数量显著增加，人和牲畜侵占野生动物栖息地的情况仍显著增加，同时自然环境反复且大幅退化。这些变化对生态系统、动物和人类健康都造成了严重后果。其中一个后果是新型人畜共患疾病暴发的增长。许多人畜共患疾病出现在高收入国家，但在中低收入国家，这些疾病的暴发呈现出增长趋势。²⁰⁻²²

尽管尚未能完全理解，我们对新型疾病诱因的了解与日俱增。例如，一项研究表明：在土地利

用正发生变化，生物多样性很高（就哺乳动物物种丰富程度而言）的热带地区的森林，人畜共患传染病的风险升高。²³

导致人畜共患疾病暴发的七个主要人为因素

关于人畜共患疾病出现的广泛研究涉及以下七个主要致病因素。^{20,24-26}现在，其中的许多致病因素均在同一个地方出现，形成倍增效应。以下提供了每个致病因素的说明。

1. 对动物蛋白的需求增加

在过去四十年，高收入国家的动物性食物消费几乎没有变化。相反，东南亚的增长迅速：自20世纪60年代以来，来自动物产品的蛋白质在该地区每日供应的食物蛋白质中所占的比例翻了一番，达到21%；来自鱼类的蛋白质比例增加了一半，达到15%。来自鱼类和动物产品的总热量所占比例翻了一番，占总供应量的12%。同时，南亚的动物蛋白消耗量也有所增加，但增幅不像东南亚那么大。撒哈拉以南非洲地区也出现东南亚的模式，但不明显。‘在许多中低收入国家，伴随着人均动物蛋白消费量增加，人口显著增长。在过去50年，这些因素共同推动了肉制品生产（+260%）、牛奶（+90%）和鸡蛋（+340%）的强劲增长。预计未来几十年将延续这种趋势，其中大部分动物性食物的消费增长都出现在中低收入国家。与其他蛋白质来源相比，畜产品的消费正在迅速增长，而豆类消费的长期趋势是维持当前水平。

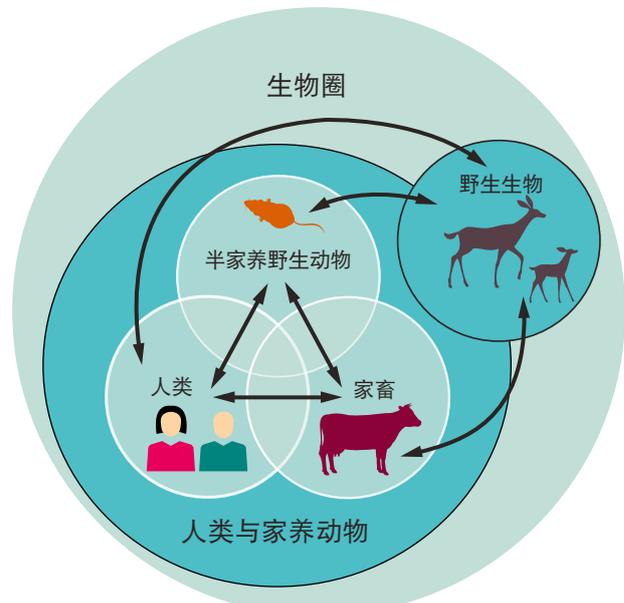
2. 不可持续的农业集约化

对动物性食物的需求不断增长，刺激了动物生产的集约化和工业化。农业集约化，特别是家畜饲养（畜牧业）集约化导致出现大量基因相似的动物。

繁殖这些动物通常是为了提高产量，近期也是为了提高疾病抵抗力。

结果，饲养的家畜彼此相邻，而且生活环境往往不理想。这种基因同质的宿主种群比基因多样化的种群更容易受到感染，因为后者更可能包括一些更能抵抗疾病的个体。例如，由于动物个体间距不够，工厂化养猪促进了猪流感的传播。²⁷在欠发达国家，还有其他风险因素，即牲畜生产通

野生动物-牲畜-人交叉区域的病原体流动



资料来源：改编自Jones等人的文章。(2013)²⁵

常靠近城市，且缺乏生物安全和隔离带设置，动物粪便常常管理不善，并且滥用抗菌药物掩盖条件或做法欠缺。自1940年以来，诸如大坝、灌溉工程和工业化农场等农业集约化措施与人类所感染的全部传染病中的25%以上（以及动物传染病的50%以上）相关。²⁸此外，约有三分之一的农田被用于生产动物饲料。在一些国家，这些措施导致森林砍伐。²⁹

3. 对野生动物的利用和开发增多

有许多利用和交易野生动物的方式。第三章提供了复杂性的更多详细信息。但是总的来说，对野生动物的使用和开发不断增加，包括：

1. 贫困人口捕猎野生动物（野味、有时被称为“丛林肉”）作为蛋白质、微量元素和收入来源；
2. 休闲性狩猎和消费野生动物是地位的象征；
3. 人们消费野生动物是因为他们相信野味新鲜、天然、传统且安全；
4. 为娱乐用途（宠物、动物园）以及研究和医学研究进行的活动物贸易；以及
5. 将动物的身体部位用于装饰、医药和其他商业产品。

一般而言，使用和交易动物可能增加整个供应链中动物和人之间的密切接触，从而增加人畜共患疾病出现的风险。在某些地区，对野生动物及其产品的需求也在随着人口和财富的增加而增加。

例如，在过去十年中，西非增加了对供食用的野生动物的利用。³⁰

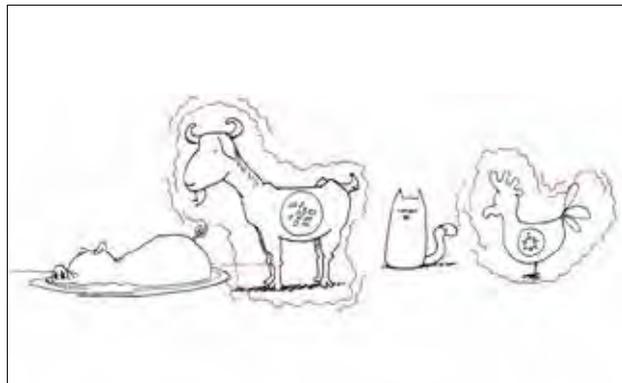
发展基础设施常常可以促进对野生动物的利用：偏远地区的新道路能增加人类获得野生动物的机会，并且助长了疾病在国家内部和国家之间的迅速传播。随着野生动物资源变得稀缺，人们把注意力转移到某些野生动物的养殖上。³¹虽然这可能减轻野生动物的压力，但养殖野生动物或“放牧”通常比在野外收获或狩猎动物的成本更高，而且不太受当地社区青睐；这种做法还可能为“洗白”野生动物打掩护。³²此外，任何野生动物养殖的显著增加都冒着“再现”人畜共患疾病的风险，这种情况很可能在约12000年前的新石器时代首次驯化动物时出现过。¹⁶

4. 城市化、土地用途变化和采掘业加速了对自然资源的不可持续利用

快速的城市化，特别是在没有计划，而且基础设施落后的情况下，在野生动物、牲畜和人之间创造了各种新联系。随着城市化进程加快，人、动物、食物和贸易的流动性也在增强，这往往为传染病（包括人畜共患疾病）的出现提供了温床。例如，灌溉系统促使一些病媒传播的人畜共患疾病扩散；森林砍伐以及生态系统和野生动物栖息地的破碎化促成人类-牲畜-野生动物生态系统交叉区域发生接触；³²人类聚居地和围栏的增加限制了家畜和野生动物的放牧和迁徙。洞穴和森林地区附近的生态旅游和人类聚居地，特别是居住条件差的地区，可能增加人类与野生动物的接触以及人类和昆虫、蜱虫和其他野生动物病媒的接触。

 视频：动物如何使您生病？

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=J5qLKWUTNM4>
© RIVM/荷兰政府



基础设施的发展，包括新建的公路和铁路，把自然区域转变为商业和零售用途，以及其他推动土地用途变化的因素也可能导致野生动物栖息地的破坏和破碎化，并增加人与野生动物的接触和冲突。

为了开采自然资源（例如采矿、石油和天然气开采，伐木以及收获蝙蝠粪便）而侵占和改变野生动物栖息地，也促使人与野生动物之间的相互作用出现新的或扩大化的情况。这些活动常常伴随着其他变化，例如新的人类住区、道路建设以及人员和产品的流动，这进一步增加了人类进入荒野的机会，并常常引起当地社区获取和储存食物方式的变化（例如，通过狩猎野生动物，引进牲畜饲养，以及保持吸引害虫的粮食库存）。

5. 旅行和交通

现在，疾病在其潜伏期内向世界各地传播（接触病原体和首次出现临床症状之间的间隔时长）。人类旅行和贸易的增加，包括动物和动物产品的处理、运输和（合法与非法）贸易的增加，增加了人畜共患疾病出现和传播的风险。

6. 食物供应链的变化

食物供应链正在变长和差异化，特别是在中低收入国家。对动物性食物的需求增加，出现售卖食用野生动物的新市场，以及对农业集约化的监管不力推动了这种趋势，为疾病传播创造了更多机会。包括以下变化：

1. 交叉污染的机会越来越多。
2. 确定特定食物的来源可能更加困难。可追溯性挑战使官员更加难以迅速跟踪任何潜在问题。
3. 加工的变化会促使人畜共患疾病进一步扩散（例如，在食物加工厂中形成生物膜——微生物生态系统）。
4. 快速扩张且管理不善的非正规野生动物和新鲜农产品市场（包括所谓的“传统”市场）将产品带入监管不善的供应链，为快速发展的城市提供产品。尽管传统市场提供了很多好处——包括提供便利、成本较低、销售传统食物和获得生计（尤其是妇女），对贫困人口来说尤其如此，但传统市场的卫生水平通常很低，而且生物安全性很差，增加了出现疾病的风险。从农村地区到城市市场的供应链往往也是如此。

气候变化对人畜共患疾病的影响



篮子硬蜱、鹿蜱或绵羊蜱是欧洲莱姆病的著名病媒。

图片来源: Dagmara_K/Shutterstock.com

气候变化是疾病出现的主要因素。病原体、病媒和宿主的存活、繁殖、丰度和分布可能受到被气候变化影响的气候参数的影响。例如，气候变异往往会影响到昆虫、蜱虫和其他节肢动物病媒传播的很多疾病。温度升高不仅会增加病媒种群的规模和分布，还会增加传染病媒物种在环境中出现的持续时间，从而增加疾病发病率。许多新型传染病都源于热带地区，那里温暖的气候适合病原体和病媒的生命周期。¹⁶预计气候变化对人畜共患疾病，以及对粮食和经济不安全以及其他问题的影响，在中低收入国家最为严重，疾病监测和数据在这些国家特别匮乏。³⁷

气候变化因素日益重要，不仅影响着蝙蝠、猴子和啮齿动物等物种（其中包括经常产生人畜共患疾病病原体的物种）未来的地理分布和丰度，还影响传播如基孔肯亚病毒和西尼罗河病毒的蚊子和其他病媒未来的地理分布和丰度。气候变化可以增加或减少由昆虫传播的查加斯病，由沙蝇传播的利什曼病，以及其他通过病媒传播的疾病和人畜共患疾病的发病率，通常在变暖程度更高的情况下发病率更高。³⁸2010年，在非洲暴发裂谷热（一种通过蚊子传播的人畜共患疾病）时，其季节性降雨高于平均水平；即使强降雨时期较短，也暴发了其他疾病。¹⁶

在巴西，对新型疾病进行的广泛文献调研揭示了传染病暴发与（1）极端气候事件（厄尔尼诺、拉尼娜、热浪、干旱、洪水、气温升高、降雨增加），其发生频率可能受到气候变化影响；（2）环境变化（栖息地破碎化、森林砍伐、城市化、野味消费）的关系。³⁹

由于永久冻土融化，北极和亚北极地区特别容易受到气候变化的影响，这极大地改变了土壤结构、植被和栖息地。永久冻土的退化能使古老的墓地重见天日，从而使过去的致命感染复活。⁴⁰在占俄罗斯领土五分之一的萨哈（雅库特）共和国，气温升高增加了人畜共患疾病的风险。生长期延长和栖息地扩大，为某些人畜共患疾病病原体及其病媒提供了更有利的生存条件。

5. 工业肉类加工厂也可能成为疾病传播的场所。现代零售商店的食物并不总是比非正式市场上的食物更安全。³³例如，在欧洲和美国，规模庞大的、拥挤的、采用人工制冷的工业化肉类加工厂多次暴发新型冠状病毒，但在许多中低收入国家，规模较小的采用自然通风的肉类工厂暴发新型冠状病毒的次数要少得多。因此，不能总是假定食物价值链的现代化将降低出现疾病的风险。此外，尤其是在中低收入国家，人们食用的动物源性食物超过从前，这导致他们可能暴露于病原体（包括人畜共患疾病病原体）当中。³⁴

7. 气候变化

许多人畜共患疾病都对气候敏感，在未来的情景中，一些人畜共患疾病将在更温暖、更湿润、灾害频发的世界中不断发展。³⁵在环境条件不断变化的情况下，一些病原体、病媒和宿主动物的生存状况可能变差，它们在某些地方消失并因此失去种群调节作用，或者其他物种会在其消失后取代他们并形成新的生态。有人推测，SARS-CoV-2离开身体后，也许能在更加凉爽、干燥的条件下更好地生存³⁶。

灵长类动物的免疫缺陷疾病



乌干达的黑猩猩

图片来源：CherylRamalho / Shutterstock.com

近期历史上最重要的两次人畜共患疾病传播是人类免疫缺陷病毒HIV-1和HIV-2，它们是人类获得性免疫缺陷综合症（AIDS）的病原体。^{41,42}

HIV-1的最近亲属是猴免疫缺陷病毒（SIV），它感染了西部赤道非洲的野生黑猩猩（*非洲中西部的黑猩猩*）和大猩猩（*西部低地大猩猩*）。黑猩猩是这些病毒分支的原生宿主。HIV-1的四个世系通过向人类进行独立跨物种传播而产生，其中一到两个可能是通过大猩猩传播的。⁴³

另一方面，HIV-2的最近亲属是自然分布在西非的乌白眉猴（*Cercocebus atys*）中的猴免疫缺陷病毒。⁴⁴SIV-HIV物种杂交似乎最初至少在乌白眉猴（灵长类动物）和人类之间发生了六次。⁴⁵乌白眉猴和黑猩猩通常都被当作宠物饲养，也被用作食物，因此导致它们经常与人类直接接触。^{46,47}

40多种非洲猴子感染了它们自己物种特有的SIV。⁴⁷⁻⁴⁹这些病毒的致病性相对较低，不会在其自然宿主中诱发类似艾滋病的疾病，表明它们已经在较长时期内与宿主发生了关联，并随着宿主进化。但是，最近的证据表明，SIVcpz可能导致东部黑猩猩患上类似于艾滋病的疾病并降低其生育能力⁵⁰。

HIV-1是从感染黑猩猩的病毒衍生而来，这一结论特别令人感兴趣，因为黑猩猩和人类之间有着密切的联系。这就提出了许多有趣的问题：1) 关于黑猩猩病毒的起源；2) SIVcpz适应感染黑猩猩是否使该病毒感染人类的能力更强；3) 黑猩猩的SIVcpz感染是否致病性低。⁴³基于对在赤道几内亚比奥科岛（大约11000年前，该岛因海平面上升而与大陆隔开）的四种猴子身上发现的菌株进行的分析，人们已经得出结论，SIV已在猴子和猿中至少存在了3万年，甚至更长时间。因此，人们认为：在历史上，SIV可能曾多次越过物种壁垒感染人类宿主，但是直到不久前，随着现代交通和全球旅行的到来，HIV才不再局限于大量夺去当地人口的生命，开始在区域和全球范围内传播。⁵¹

在人畜共患疾病暴发中起作用的其他因素

如上所述，导致人畜共患疾病的七个主要致病因素都是人为的，也就是人类行动造成的结果。当然，其他因素也会影响疾病的出现，特别是病原体类型、病毒性和传播方式；病原体宿主的易感性；病原体的原生动物的寿命和范围。分布广泛、变异迅速且具有多宿主的病原体，被认为最有可能跨越物种界限。RNA病毒大多缺乏DNA病毒的“校对”机制，因此，RNA病毒进化会产生更多的突变，其中某些突变可能使其能更有效地感染新宿主。和其他途径传播的病原体相比，通过宿主的呼吸功能扩散的病原体（在新型疾病中，这种情况占多数）在从一个宿主向另一个宿主迁移时面临的障碍较少。

某些人比其他人更容易感染病原体。年龄、健康状况、性别、生理机能、营养状况、接触史、同时感染多个病原体、免疫能力、遗传学和基础疾病都会影响个人对感染的抵抗力。根据其生理特征、生态位、社会行为和与人类的关系，某些动物更可能携带人畜共患疾病病原体或潜在的人畜共患疾病病原体。一些研究发现，在数量增多，且通过适应人类主宰的地貌而扩大了生活范围的动物物种中，人畜共患疾病病毒的数量更高。⁸ 牲畜、啮齿动物、蝙蝠、食肉动物和非人类灵长类动物被几项研究确定为需要特别关注的物种。但是，与所有动物一样，它们本身并不是风险，只有在与人密切接触时，这种风险才存在。



在印度尼西亚日惹市动物市场上出售的笼子中的小猫头鹰

图片来源: lbenk_88 / Shutterstock.com



第二章

“一体化健康”背景下的冠状病毒

在第二章，我们从一般的人畜共患疾病转到具体的、令人担忧和持续存在的新型冠状病毒大流行病，它是由人畜共患冠状病毒引发的疾病。本章从冠状病毒的一些背景介绍开始，并从“一体化健康”的角度进行讨论，反映了兽医和医学经验，以及重要的冠状病毒疾病和大流行病之间的共性。

什么是冠状病毒？

冠状病毒是一大类病毒，可感染许多动物和人，并导致多种疾病。它们被称为“冠状”，是因为其膜表面上的穗状蛋白呈冠状排列。一些人感染冠状病毒通常会引起轻度上呼吸道疾病，例如普通感冒。它们还会引起严重的疾病，例如猫的感染性腹膜炎和牛的呼吸道和肠道感染。已知的对人而言严重的冠状病毒疾病有SARS、MERS和COVID-19。所有这些疾病可能都源于人畜共患疾病。除了这些众所周知的、零星的、在当地有重要意义且历史悠久的疾病外，上个世纪至少出现了六次新型冠状病毒大暴发，所有这些都几大洲造成了高昂的代价：

1. **传染性支气管炎病毒（IBV）**在家禽中引起传染性支气管炎。它出现于20世纪30年代，现在仍是给家禽饲养造成经济损失的一个主要原因，不同的菌株会引起疾病反复发作。⁵²
2. **猪传染性胃肠炎（TGE）**病毒最初于1946年在美国报道，随后传播到欧洲、非洲、南美和中国。⁵³
3. **猪流行性腹泻（PED）**病毒感染猪并使其得病，出现于1971年并引发了全球大流行病，造成巨大损失，现在仍然是仔猪面临的主要问题。从那以后，不同的毒株在亚洲、欧洲和美洲引发了一波又一波的疾病。⁵⁴
4. **SARS-CoV**是引起严重急性呼吸综合征（SARS）的冠状病毒，2003年2月中国首次报道，它很可能源于蝙蝠，然后又传播

给其他动物（例如果子狸），再传播给人类。SARS传播到了北美、南美、欧洲和亚洲的二十多个国家，随后才得到控制。据报道，有8000多例病例，近800人死于该疾病。自2004年以来，再没有报道过任何SARS病例⁵⁵。

5. **MERS-CoV**是引起中东呼吸综合征（MERS）的冠状病毒，2012年首次报道于沙特阿拉伯，患者死亡率高于SARS。人可以通过接触骆驼感染MERS-CoV人畜共患疾病，但该病具有继发性传播周期，可以通过密切接触由患者传播给其他人。迄今为止，已经有大约2500例实验室确诊病例，大多数病例是人传人，其中超过三分之一的病例被证明是致命的。由于感染仍然存在于单峰骆驼中，因此还有零星病例陆续出现。⁵⁶
6. **SARS-CoV-2**是一种导致严重急性呼吸综合征（称为COVID-19）的冠状病毒，与在世界各地感染了各种动物的200多种其他冠状病毒的基因序列相比，它已经拥有了自己的基因组。SARS-CoV-2似乎是冠状病毒的最新混合或基因重组。⁵⁷这种重组的结果是，SARS-CoV-2的一个蛋白质能使病毒进入人类细胞。其他研究表明，该病毒与先前发现的蝙蝠冠状病毒相似度高达96%，大



冠状病毒家族

冠状病毒是多种多样的。它们属于冠状病毒科冠状病毒亚科。冠状病毒亚科包括四个属：

甲型冠状病毒属

甲型冠状病毒会引起人类的呼吸道疾病和普通感冒，以及动物的肠胃炎。

乙型冠状病毒属

乙型冠状病毒主要感染哺乳动物，包括那些引起MERS、SARS和新冠肺炎的病毒。

丙型冠状病毒属

它们主要感染鸟类，有时也会感染哺乳动物，包括鲸目动物。IBV是一种丙型冠状病毒，能引起禽类传染性支气管炎。

丁型冠状病毒属

它们主要存在于鸟类和一些哺乳动物身上。猪丁型冠状病毒（PDCoV）最近出现，造成新生仔猪严重腹泻。

请参阅第60页。

冠状病毒和其他病原体引起的重大疾病



1931

禽类传染性支气管炎

病原体：传染性支气管炎病毒 (IBV)

属：丙型冠状病毒属

宿主：鸡

出现的地方：美国北达科他州

IBV在鸡中引起一种急性、具有高度传染性的呼吸道疾病。它还会损害生殖道，导致卵子质量和产量下降。这种疾病首先在美国报道，如今在所有集约化家禽养殖业国家中普遍流行。



1971

猪流行性腹泻(PED)

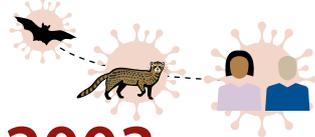
病原体：猪流行性腹泻病毒(PEDV)

属：甲型冠状病毒属

宿主：猪

出现的地方：英国

该病毒首先在英国出现，随后传播到其他欧洲国家和亚洲。2013年出现了一株高毒力PEDV毒株，在美国全国范围内暴发疫情，并迅速蔓延至北美洲、中美洲和南美洲国家。该病毒不是人畜共患病毒，不会对人类或食品安全构成风险。



2003

严重急性呼吸综合征(SARS)

病原体：SARS冠状病毒(SARS-CoV)

属：乙型冠状病毒属

自然宿主：菊头蝠

中间宿主：果子狸

出现的地方：中国广东

这种类似肺炎的感染从中国广东传播到亚洲、欧洲、北美和南美共计超过26个国家，之后才得到控制。在菊头蝠体内发现了类似SARS的冠状病毒，这表明蝙蝠是自然宿主。

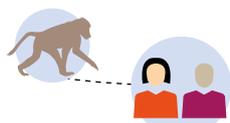
1920

1930

1940

1950

1970



20世纪20年代

人体免疫缺陷病毒(HIV)感染

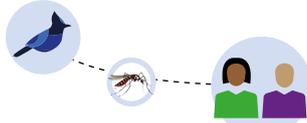
病原体：艾滋病毒

属：慢病毒

自然宿主：黑猩猩是HIV-1型的自然宿主，乌白眉猴是HIV-2型的自然宿主

出现的地方：刚果民主共和国金沙萨

根据基因测序和历史记录，艾滋病毒的出现可以追溯到20世纪20年代刚果民主共和国的金沙萨。人们认为，当时灵长类动物中的猿类免疫缺陷病毒(SIV)传染给了人类，可能是狩猎和食肉的结果。SIV随后适应了新的人类宿主，变成HIV。



1937

西尼罗热

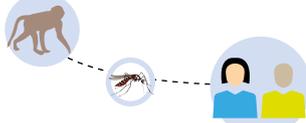
病原体：西尼罗河病毒

属：黄病毒属

宿主：鸟

出现的地方：乌干达西尼罗河地区

蚊子是病媒，将病毒从受感染的鸟类传播给人类和一些哺乳动物。人类通常是这种病毒的偶然宿主和终结宿主。第一次被确认的疫情于1951年在以色列出现，然后是埃及。该病毒于1996年在罗马尼亚再次出现，并自1999年以来在美国扎根。西尼罗河病毒与登革病毒和黄热病病毒属于同一属。



1947

寨卡病毒病

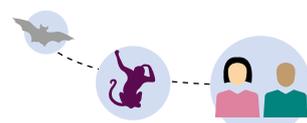
病原体：寨卡病毒(ZIKV)

属：黄病毒属

自然宿主：灵长类动物（包括人类）

出现的地方：乌干达寨卡森林

寨卡病毒首先在寨卡森林一只发热的哨兵恒河猴身上发现，一年后在同一森林的非洲伊蚊中发现。第一批人类病例于1952年在乌干达和坦桑尼亚发现。2007年在密克罗尼西亚联邦的雅浦群岛暴发了一次疫情，随后于2015-2016年在美洲发生了一次重大疫情。



1976

埃博拉病毒病

病原体：埃博拉病毒

属：埃博拉病毒属

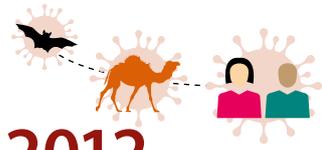
自然宿主：未经证实但可能是蝙蝠科的非洲果蝠

中间宿主：类人猿和猴子

出现的地方：在刚果民主共和国和南苏丹同时发生两次疫情

2014年至2016年，历史上最大的疫情主要发生在几内亚、利比里亚和塞拉利昂，导致11323人死亡。该病毒最近还于2018年至2019年在刚果民主共和国东部重新出现。埃博拉的病死率从25%到90%不等。

请参阅第61页。



2012

中东呼吸综合征 (MERS)

病原体：MERS冠状病毒(MERS-CoV)
属：乙型冠状病毒属
自然宿主：可能是蝙蝠
中间宿主：单峰骆驼
出现的地方：沙特阿拉伯

MERS首先在沙特阿拉伯被报道，已经蔓延到27个国家，2015年在韩国暴发了大规模疫情。2018年的一项研究显示，与从非洲进口的骆驼相比，沙特阿拉伯当地的骆驼中MERS-CoV菌株的患病率很高。

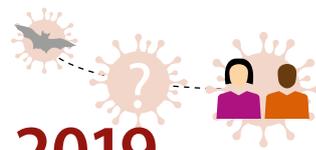


2016

猪急性腹泻综合征(SADS)

病原体：SADS冠状病毒(SADS-CoV)
属：甲型冠状病毒属
自然宿主：可能是蝙蝠
宿主：猪
出现的地方：中国广东

SADS-CoV引起新生仔猪严重急性腹泻和呕吐。这次疫情导致广东近25000头仔猪死亡。病死率：出生不足5天的仔猪为90%。这种冠状病毒似乎没有传染给人类。



2019

新冠肺炎 (COVID-19)

病原体：SARS-CoV-2
属：乙型冠状病毒属
自然宿主：可能是蝙蝠
中间宿主：未知
出现的地方：中国武汉

SARS-CoV-2似乎是最近两种冠状病毒的混合或基因重组。基因组测序表明，SARS-CoV-2与菊头蝠体内的冠状病毒相似度达96%。

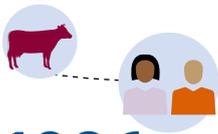
1980

1990

2000

2010

2020

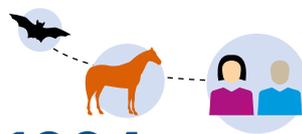


1986

牛海绵状脑病或疯牛病

致病原：致病性的朊病毒
宿主：牛
出现的地方：英国

疯牛病是一种渐进性、致命性的牛神经系统疾病。人类的疯牛病变种克雅氏病与食用感染了疯牛病的牛的牛肉有关。

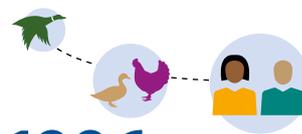


1994

亨德拉病毒感染

病原体：亨德拉病毒
属：亨尼巴病毒
自然宿主：大型果蝠(Pteropus spp.)或狐蝠
宿主：马
出现的地方：澳大利亚亨德拉

自1994年首次出现疫情以来，澳大利亚多年来一直发生零星疫情。到目前为止，澳大利亚以外未报告病例。马的病死率为75%，人的病死率为50%。亨德拉病毒与尼帕病毒属于同一属。

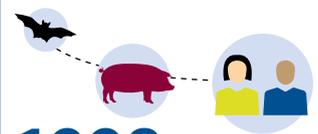


1996

高致病性禽流感(HPAI) 或禽流感

病原体：高致病性禽流感病毒亚型H5N1
属：甲型流感病毒属
自然宿主：野生水禽
宿主：家禽
出现的地方：中国广东

1997年在香港发现首例人类感染禽流感病例，可追溯至1996年在广东发现的野生和家养水禽。病毒于2002年在香港重新出现，并迅速蔓延至东南亚国家。1亿多只家养鸡鸭或死于该病，或被宰杀以阻止疫情在亚洲暴发。



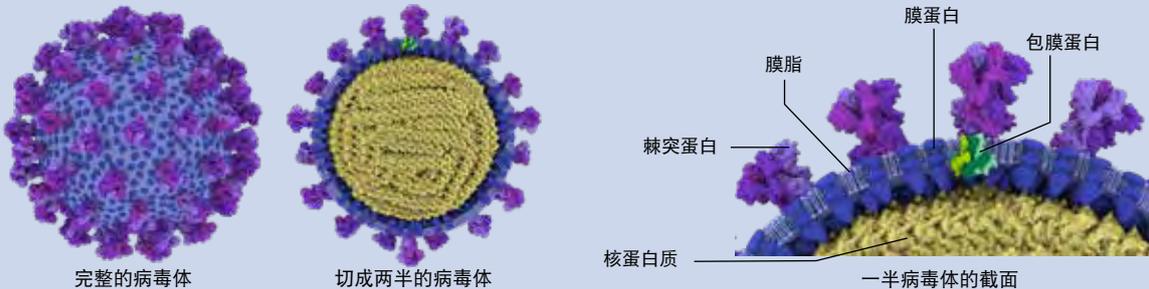
1998

尼帕病毒感染

病原体：副粘病毒
属：亨尼巴病毒
自然宿主：大型果蝠(Pteropus spp.)或狐蝠
宿主：猪
出现的地方：马来西亚怡保市双溪尼帕村

尼帕病毒在猪体内以呼吸道和神经系统疾病的形式出现，然后传播给人类。1998年至1999年，马来西亚暴发了一次大疫情，随后在2001年至2005年，孟加拉国暴发了5次疫情。为了控制疫情在马来西亚暴发，至少有100万头猪被扑杀。

SARS-CoV-2



© Annabel Slater / ILRI

SARS-CoV-2是一种包膜病毒，这意味着其RNA被包裹在外层的**脂（脂肪）膜内**。脂膜足够稳定，能保护RNA免受周围环境的影响，还能进入宿主细胞内释放RNA。这种平衡意味着脂膜易被清洁剂破坏。

脂膜含有几种病毒蛋白。大的**棘突蛋白**能使病毒和宿主细胞结合在一起，并进入宿主细胞。独特的棘突“冠”使病毒得名。

迄今为止，已确定七种人类冠状病毒，其中三种能侵入肺部深处并引发更严重疾病。一个可能的原因是，SARS-CoV-2的棘突蛋白像SARS-CoV（引起SARS的病毒）一样，与人细胞上的ACE-2受体结合。ACE-2受体遍布全身，但尤其集中在肺部的上下呼吸道。

SARS-CoV-2还与ACE2结合得特别好。它与ACE2结合的可能性是SARS-CoV的10-20倍。**膜蛋白**使病毒微粒成形，变得完整。人们还认为，膜蛋白有助于在宿主细胞内组装新的病毒微粒。

包膜（E）蛋白被认为有助于病毒的生长，增强其引发疾病的能力。包膜蛋白可能会形成小孔，从而改变宿主膜的特性，防止膜蛋白聚集在一起，并协助新病毒微粒在宿主细胞内组装。

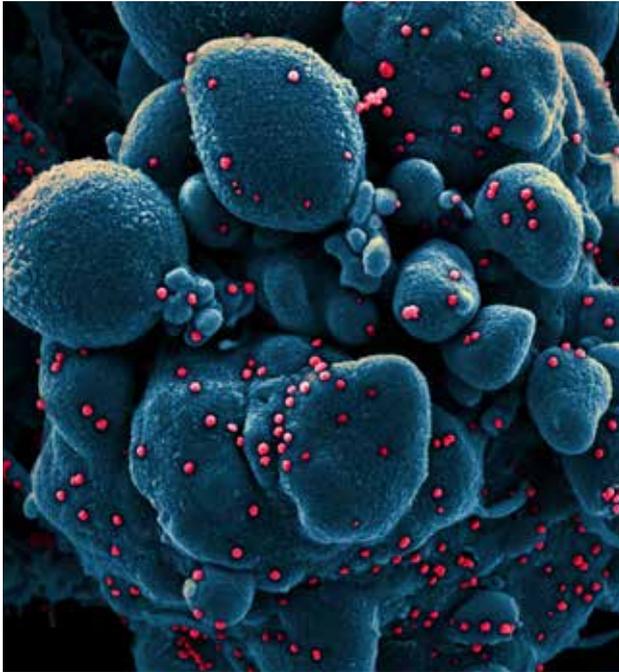
病毒包膜内是病毒RNA，它与核蛋白质（N）结合在一起。核蛋白质形成紧密的螺旋状，包裹并缠绕RNA，保护其免受损害。当RNA首次被释放到宿主细胞中时，核蛋白质也会降低宿主细胞对病毒的天然防御能力。

冠状病毒RNA分子有30000个碱基，是已知最大的RNA病毒之一。尽管RNA病毒突变率高，但冠状病毒也具有基因组校对机制。这可以防止它们积累削弱自己的负突变。冠状病毒还可以彼此交换RNA构建块，有可能交换有用的突变。

尽管新型冠状病毒很可能源于蝙蝠，但尚不清楚是否是突变使病毒由动物感染到人类，以及是何种突变造成这种感染。SARS-CoV-2的RNA与在中国的蝙蝠中发现的病毒相似性高达96%。但是，蝙蝠病毒的棘突蛋白具有重大差异，无法感染人类。SARS-CoV-2病毒也可能含有来自先前宿主细胞的**宿主细胞蛋白**。该病毒还会在进入宿主细胞后产生其他蛋白质，从而繁殖并产生新的病毒微粒。除了研发针对病毒微粒上棘突蛋白的疫苗外，这些细胞内蛋白也是潜在的干预目标。

由Annabel Slater, ILRI编写。

有关参考，请参阅第62页。



被SARS-CoV-2病毒微粒（红色）感染的细胞（蓝色）的彩色扫描电子显微照片

图片来源：美国国立过敏与传染病研究所

约50年前有共同祖先。据推测，这是导致2019年SARS-CoV-2传播给人类的未知途径的源头。⁵⁸

冠状病毒大流行病的共同要素和起源

上面提到的六种冠状病毒大流行病具有以下一些共同要素。

蝙蝠

蝙蝠是自然原生宿主，也是许多能影响动物和人的微生物的媒介。蝙蝠和其他动物（包括人）间的接触能使它们携带的病原体在物种间传播，从而可能导致疾病暴发。据推测，多数最近发生的冠状病毒大流行病最初都源于蝙蝠。在蝙蝠中发现了200多种新型冠状病毒，它们很可能是所有冠状病毒谱系的来源和自然宿主。⁵⁹蝙蝠还与许多其他重要的人畜共患疾病有关，例如埃博拉病毒、尼帕病毒（通过猪的桥梁作用，或通过种植植物的污染间接引起）和极为罕见的狂犬病。蝙蝠携带至少61种潜在的人畜共患疾病病毒。⁶⁰它们具有独特的生理特征（蝙蝠是唯一能够飞行的哺乳动物），因此能够抵抗许多严重的人畜共患疾病，提供基因重组机会并传播这些疾病。同时，蝙蝠还提供许多生态系统服务，例如给数百

种植物的花授粉和传播种子，并能帮助控制昆虫种群；它们还通过为猫头鹰、鹰和蛇等掠食者提供食物来维护生态系统。⁶¹

农业集约化和对动物蛋白的需求增加

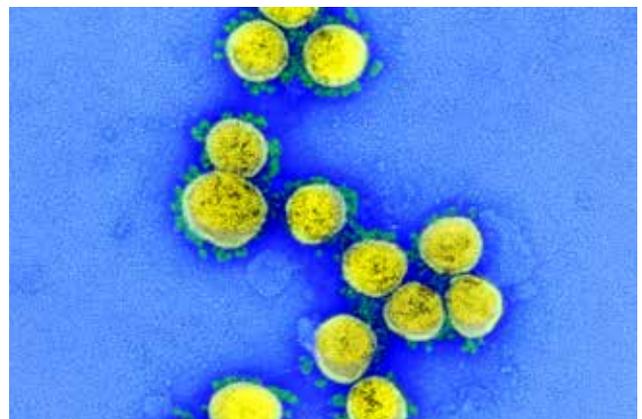
这些冠状病毒的暴发是在农业实践和系统快速集约化，以及动物养殖方式发生巨大变化后发生的，其中许多变化是在没有采取适当预防措施的情况下发生的。如前所述，这是一个由需求推动的过程，随着财富增长，人们能够消费更多的动物性食物。例如，在美国出现的流行性支气管炎病毒，与第一次世界大战后基于禽类圈养（导致更大的压力和更频繁的接触）的家禽系统集约化和新的育种技术（导致较少的基因变异和抗病性）有关。此外，与家禽饲养的工业化类似，流行性胃肠炎（TGE）病毒和猪流行性腹泻（PED）病毒与第二次世界大战后集约化养猪增加，以及随之出现的猪的健康状况下降有关。

冠状病毒可能与野生动物狩猎、贸易实践以及野生动物养殖集约化有关。一些国家积极推行野生动物养殖集约化。近来，野生动物育种和养殖企业逐步发展。⁶²由于富裕的消费者常常偏爱在野外捕捉的动物，来自这些养殖场的肉类通常被世界上几个地区快速增长的中产阶级食用。⁶³

令人担忧的是，许多野生动物养殖场的生物安全性很低，而且它们还能将非法偷猎的野生动物“洗白”——作为合法饲养的动物展示和销售。³¹这两个因素都会增加人畜共患疾病暴发的风险。

▶ 视频：新型冠状病毒

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=mOV1aBVYKGA>
© WHO



SARS-CoV-2病毒微粒

图片来源：美国国立过敏与传染病研究所



狐蝠或果蝠 (*Pteropus* sp.)
图片来源: nutsiam / Shutterstock.com

MERS-CoV与单峰骆驼数量的增加，以及骆驼养殖系统从粗放型向集约型的转变有关。对在卡塔尔出现的MERS-CoV的潜在致病因素的分析表明，过去三十年的社会经济转型以及骆驼竞跑的日益普及导致骆驼养殖方式发生重大变化。⁶⁴骆驼被放在处于高密度环境中的指定养殖场饲养，喂养和照顾骆驼的工人也在这里生活。海湾地区的竞赛也要求骆驼频繁进行大量旅行，有国内旅行，也有跨国旅行。这些因素在MERS-CoV从骆驼向人的传播中起着重要作用。

传统市场

SARS-CoV和SARS-CoV-2都与传统的非正式市场或新鲜农产品市场（有时称为传统市场）有关。这些市场销售鲜肉、鱼和其他易腐烂的农产品。其中一些非正式市场销售活禽和其他家畜；许多市场销售活的水产品（鱼和贝类）；有些市场销售活的或死的野生动物。这些产品可能来自许多不同的地方，包括来自世界上的遥远地方。

SARS-CoV与在非正式市场上销售的果子狸有关。SARS-CoV-2与声称出售野生动物的传统食品市场联系起来。但是，其他研究也对最初出现的导致人类感染的事件产生了怀疑。^{65,66}人们普遍

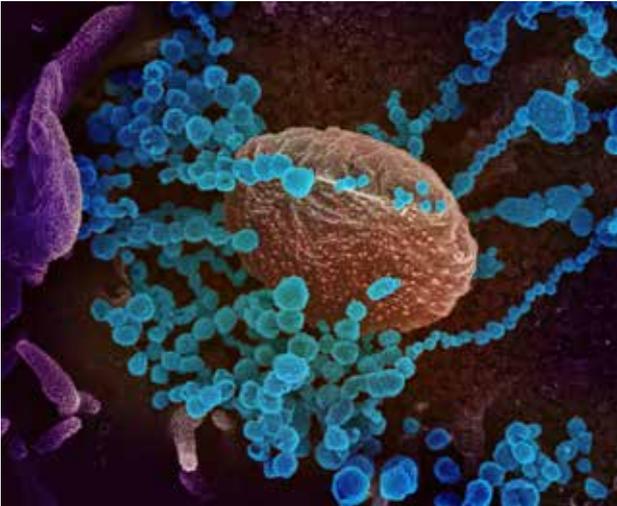
认为，非正式市场可能具有流行病学风险，特别是那些销售活家畜，活的或死的野生动物，且卫生条件差的市场。^{67,68}然而，对于是否应更严格地监管活动物市场，在供应商的支持下逐步升级这些市场，或为了减少疾病传播风险而完全取缔这些市场，专家们未能达成一致意见。应当指出的是，已经证明，在治理不善的情况下，严格管理食品困难重重，禁止消费者想要的产品常常会导致市场转移到地下。⁶⁹如前所述，非正式、传



视频：病毒如何从动物传染至人类？

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=xjcsrU-ZmgY/>
© TED-ED





细胞培养中的新型冠状病毒SARS-CoV-2（蓝色圆球）的电子显微镜图像

图片来源：美国国立过敏与传染病研究所

统或新鲜农产品市场为人们带来了许多好处，包括价格低廉、容易进入、能够买到喜欢的新鲜食物和传统食物、妇女有机会赚取收入、独立工作和吸引游客。然而，需要把这些好处与预防疾病暴发和全球大流行病给人类（包括当地民众）带来的更广泛好处进行权衡。理想情况下，可以找到既能保持优势，又能降低传统市场风险的解决方案。

高昂的经济代价

与历史上的瘟疫（其中一些致死率高达90%）相比，最近的三次人冠状病毒暴发（MERS、SARS和新冠肺炎）中人口死亡率偏低；与感冒或季节性流感相比，它们的致死率偏高；它们还造成了激烈的社会动荡。全部六种冠状病毒大流行病（IBD、PED、TGE、SARS、MERS、新冠肺炎）都造成高昂的经济代价，一些疾病造成的动物死亡率也很高。

截至2020年6月29日，确诊的新冠肺炎病例超过1000万例，报告的死亡人数超过50万。这些数字很可能严重低估了感染和死亡的真实人数。由于一线地区的医务人员和设施已经不堪重负或接近不堪重负，新冠肺炎还可能导致更多的间接死亡，这是由于患者出于对在医院感染新冠肺炎的担忧，或不愿加重卫生服务的负担，而选择不就医造成的后果。据报道，该病发生在216个国家和地区（截至2020年6月中旬）以及除南极洲以外的每个大陆，最初都集中在疾病负担特别重

的“疾病热点地区”。包括中国武汉、意大利东北部的伦巴第、美国纽约市、西班牙马德里、英国伦敦以及巴西里约热内卢和圣保罗。

这种新型冠状病毒对健康造成的巨大影响必然意味着巨大的经济影响。国际货币基金组织4月预测，2020年，全球经济将衰退3%，比2020年1月的估计值低6.3个百分点。该组织还估计，在未来两年，新冠肺炎大流行造成的累计产出损失可能达到9万亿美元。

国际劳工组织估计，2020年第二季度，新冠肺炎将损失全球6.7%的工作时间，相当于1.95亿全职工人。2020年前三个月，中国经济衰退了6.8%，是有记录以来该国首次出现如此大幅度的衰退。在现代全球经济联系如此紧密的情况下，大流行病预计会给上下游造成很大损害。据世界粮食计划署称，大流行病更严重的危害是会对粮食系统造成潜在影响，到2020年底，可能导致2.5亿多人遭受饥荒。索马里等高度依赖粮食进口的国家和尼日利亚等高度依赖粮食出口的国家同样脆弱。许多部门已经感受到这次疾病的影响。例如，根据联合国教科文组织（UNESCO）的数据，到2020年4月，全球有超过10亿学生无法入学或入校。



中国广州的一个市场

图片来源：tostphoto/Shutterstock.com

第三章

了解栖息地丧失、野生动植物使用和交易以及新型人畜共患疾病暴发之间的联系

本章考虑了人类活动如何在环境与野生动物交叉区域诱发疾病。在第一章概述的人为致病因素的基础上，本章重点关注土地使用的变化以及野生动物的使用或开发；讨论有关野生动物的消费、贸易和其他使用的证据；描述这些行为极其背后的动机；并侧重于与野生动物使用和消费有关的特定风险。

栖息地和生物多样性丧失

粮农组织《2020年全球森林资源评估》表明，全球森林砍伐仍在继续，每年有1000万公顷森林被砍伐。⁷⁰全世界人口从两个世纪前的大约10亿迅速增加到今天的78亿，意味着人类越来越多地侵入自然栖息地，人类和动物之间的接触变得比以往更加密切，增加了疾病从动物向人类传播的风险。森林砍伐，特别是在热带地区，与登革热、疟疾和黄热病等传染病的增加有关。⁷¹本章讨论了栖息地/生物多样性丧失与出现人畜共患疾病之间的联系。

澳大利亚的人为土地使用变化极大地促进了新发和再发蚊媒疾病，而森林碎片化则增加了人类感染莱姆病的风险。^{32,72}研究暴发啮齿动物传播的出血热的周围环境表明，环境遭到人为干扰，栖息地不够多样化是人类感染汉坦病毒的最大风险。该病毒可能会引起致命的疾病或沙粒病毒，从而引起拉沙热和其他疾病。⁷³许多地区的啮齿动物数量正在增加。对此现象的一种解释是，许多以啮齿动物为食的食肉动物不再出现在受干扰的栖息地。在一些生态系统中，由于人类对栖息地的干扰，跳蚤传播疾病通过小型哺乳动物的传播有所增加。⁷⁴一项针对马来西亚婆罗洲由猕猴传播的人畜共患疟疾的研究，证实了人畜共患溢出效应与森林砍伐之间的联系，但也显示了不同程度的森林退化有不同的复杂影响。⁷⁵总体而言，疟疾病率的上升可能与某些形式的地貌转换有关，例如湿地的部分枯竭，某些物种喜欢的

灌木高度变化，以及影响蚊子丰度的蚊子猎物的变化等。

几种假设试图解释栖息地或生物多样性丧失与新型传染病之间的联系。首先，受干扰的栖息地通常偏爱恰好是病毒原生宿主的机会种或广幅种。其次，通过一种被称为“稀释效应”的过程，在物种多样性较低的群落中，单个物种内发生的病毒传播事件的概率比物种多样性较高的群落高。在这种情况下，单个物种通常是机会种，是病毒的特定宿主。之所以出现稀释效应，是因为具有更多物种的群落通过减少易感动物的数量来稀释传播事件。例如，在生物多样性较高的群落中，疾病传播媒介以种类繁多的宿主为食，而这些宿主原生病原体（例如西尼罗河病毒和蜱传莱姆病）的能力较差。⁷⁶然而，生态系统是复杂的，并且稀释效应假说的实验性证据也不一致。结果取决于病原体传播模式以及其他因素。大多数靠频率传播的病原体都会出现稀释效应，而依赖密度的病原体则会出现放大效应。⁷⁷此外，虽然生物多样性越高意味着病毒丰度越高，但病原体溢出的风险源于接触的增加，例如，越来越多的人前往存在病原体的环境。^{23,78}

另一个假说为“协同进化效应”，它起源于生态学和进化生物学，试图解释推动栖息地或生物多



在刚果民主共和国基利马，猎人在火堆上烤倭黑猩猩肉
图片来源：© Terese Hart / Flickr License CC BY-NC 2.0

呼吸道感染和灵长类动物



刚果民主共和国森林中的一只倭黑猩猩 (*Pan paniscus*)

图片来源: Sergey Uryadnikov / Shutterstock.com

人类呼吸道病原体已多次传播至野生类人猿种群，有时会导致类人猿大量死亡。其中一些病原体在成年人中容易引起轻度疾病，但在类人猿中则会导致严重后果，甚至能危及生命，例如人类呼吸道合胞病毒（HRSV）和人类偏肺病毒（HMPV）以及2016年感染野生黑猩猩的人类冠状病毒子类型OC43。^{79,80}

还不知道与新型冠状病毒SARS-CoV-2相关的猿类发病率和死亡率是否与人类相似。人类出现轻微病例这一事实引起了对类人猿的严重关切，因为无症状的访客可能会将病毒传染给类人猿。⁸¹鼓励各国政府、政策制定者、保护主义者、研究人员和从事类人猿旅游的专业人士采取行动，减少将SARS-CoV-2带入濒临灭绝的猿种群的风险。非洲和亚洲的许多保护区当局已采取行动，在几乎所有类人猿景点暂停了旅游业。2020年3月15日，国际自然保护联盟（IUCN）的灵长类专家小组、类人猿科和野生动物健康专家小组在一份联合声明中提到了类人猿疾病控制和旅游的最佳做法指南。^{82,83}

其他疾病也对人和类人猿造成了毁灭性影响。1976年在刚果民主共和国和南苏丹发现的埃博拉病毒，使黑猩猩、大猩猩以及人类饱受折磨。2005年以前，埃博拉病毒的暴发发生在热带雨林生物群落的深处，但随后转移到乌干达、刚果民主共和国和几内亚的更多过渡性森林中，森林减少可能在这一过程中发挥了作用。^{84,85}

20世纪90年代中期在加蓬和刚果共和国暴发的埃博拉疫情，导致某些地区90%以上的大猩猩和黑猩猩死亡，2000年至2005年，再次在这些国家暴发的疫情导致几千只类人猿死亡。⁸⁶据估计，需要130多年才能使疫情中死亡率达到95%的大猩猩种群恢复。⁸⁷



样性丧失与新兴传染病之间联系的潜在机制。⁸⁸该学说表明，随着人类改变地貌和以前完整栖息地的丧失，森林片区充当了野生动物病原体宿主生存的岛屿，这些病原体迅速变得多样化，更有可能导致其中一个病原体溢出到人类种群，引起新的疾病暴发。^{88,89}保持连接度良好的健康生态系统对于移栖物种和常驻物种十分重要，也应有助于减少传染病的流行。⁸⁹

病毒的多样性也与物种的多样性有关。⁷⁸新的研究预测，在热带地区，哺乳动物的病毒共享率会很高，尤其是在啮齿动物和蝙蝠之间，这取决于它们的分类学相似性和地理范围的重叠。⁹⁰虽然具体的传播机制可能因病原体相互作用而有所不同，但生物多样性丧失、生态系统变化和疾病出现的共同驱动因素，加强了生物多样性和野生动物保护在保护人类免受新型传染病侵害方面发挥的关键作用。

野生动物捕猎、养殖和贸易在病原体传播中的作用

如上所述，人类狩猎和捕捉野生动物，来维持生计、满足娱乐需求，并销售动物身体部位及其衍生物。^{91,92}人类还养殖野生动物以生产食品和产品。

野味狩猎

千百年来，狩猎已经成为许多文化的一部分。然

而，捕猎野生动物是重要的环境与人之间传播疾病的交叉区域。

据估计，拉丁美洲和非洲每年捕猎约600万（公）吨野味。⁹³一项分析发现，在中非，来自野味狩猎的肉类供应（48克/人/天）可能超过了家畜的肉类供应（34克/人/天）。⁹⁴最近对非洲、拉丁美洲和亚洲24个国家/地区的近8000个农村家庭进行的一项调查发现，有39%的家庭捕猎过野味，几乎所有人都吃过野味。⁹⁵人类狩猎的动物包括大型食草动物、灵长类动物、啮齿动物、蛇和其他爬行动物。在中非，市场上出售的90%以上的野味是哺乳动物。

人们世代都在捕猎水生物种，但近年来许多较贫穷的沿海社区为了满足日常饮食需求，越来越依赖水生野味。这些社区还靠捕猎水生野味获得替代性收入。⁹⁶

水生野味包括海豚、鲸鱼、海牛等水生哺乳动物和鳄鱼、海龟等爬行动物及其产品，被用于自给食品、渔业诱饵和传统用途。这些产品包括贝壳、骨头、器官以及肉类。水生野味的获得不受监管，有时甚至是非法狩猎，从搁浅的（死的或活的）动物中获得，或通过渔民偶然捕获的非目标动物的“兼捕”而获得。

野味消费的驱动力

某些地区野味消费增长，有以下驱动因素：^{92,102}



在市场上出售的豹猫

图片来源：MemoryMan / Shutterstock

移栖物种和人畜共患疾病



野鸭

图片来源: aaltair / Shutterstock.com

在多种移栖野生动物（例如蝙蝠、有蹄类动物和水禽）体内发现了人畜共患疾病病原体。尽管人类的某些人畜共患疾病似乎与移栖物种的溢出有关，但这些事件大多数是人类活动造成的，例如捕猎、处理和直接食用野生动物，以及人类和牲畜与自然栖息地的距离变得更近。

就当前的大流行病而言，虽然蝙蝠物种很可能是SARS-CoV-2前体的原生宿主，但人们普遍认为，蝙蝠不会携带新型冠状病毒或将其传给人类。在世界一些地区，错误的信息导致蝙蝠种群不幸被捕杀。

一些移栖物种与人畜共患疾病的传播有关。然而，迁徙也被证明可以减少人畜共患疾病在某些物种中的传播。⁹⁷特别是迁徙时长的减少或对迁徙的抑制与增加的病原体负荷有关。⁹⁸由于气候变化、栖息地的丧失和破碎化对迁徙行为产生了深远的影响，迫切需要进一步研究动物迁徙与疾病感染动态之间的联系。⁹⁹

世界范围内许多移栖物种的保护状况正在下降。许多与人畜共患疾病增加有关的因素与威胁移栖物种生存的因素相同。

对《保护迁徙野生动物物种公约》（CMS）所列的迁徙动物状况进行的初步分析显示，消费性使用这一威胁影响到大多数物种。¹⁰⁰消费性使用包括合法和非法贸易、非法杀戮、维持生计的捕猎和休闲狩猎。过度利用野生动物还和病原体溢出风险提升有关。⁸栖息地丧失和破碎化是移栖物种减少的另一个主要原因。对移栖物种至关重要的生态连续性的丧失尤其令人关注。还发现栖息地丧失和破碎化增加了溢出的可能性。¹⁰¹保持健康、连接性良好的生态系统对于可迁徙物种至关重要，也应有助于减少传染病的流行。⁸⁹

由《保护迁徙野生动物物种公约》秘书处编写。

1. 不断增长的人口需要更多富含蛋白质的食物和收入，而只靠传统资源（土地、劳动力、牲畜、资本）无法满足这些需求。全球人口密度正在增加，尤其是在非洲，它的人口增长率全世界最高，预计将占2017年至2050年之间世界人口增长的一半以上。¹⁰³
2. 当地社区几乎没有任何奖励措施来保护野生动物和野生动物栖息地，而且这些野生动物资源很少有吸引力十足的替代品。在许多情况下，养鸡场和养猪场等开发项目为当地社区提供了就业和动物蛋白，但未能减轻野生物种种群的压力。¹⁰⁴在其他情况下，将家畜引入社区的尝试并未成功。在困难时期，野味贸易还可以作为安全网，因为它为贫困家庭提供蛋白质和收入。¹⁰⁵
3. 在某些地区，富裕的城市精英对野味的需求不断增长，对于他们而言，食用野生动物是身份的象征或一种奢侈品，或者他们只是喜欢品尝味道。一项调查估计，在刚果共和国首都布拉柴维尔，约有83%的抽样家庭吃过野味。¹⁰⁶不太富裕的市民可能也喜欢野味，他们可能选择不太奇异的，或更便宜的种类。
4. 随着农村和城市人口之间的联系日益紧密，贫困和富裕人口的联系也更加频繁。在亚洲和非洲，许多野味和活的野生动物在非正式市场上出售。由于缺乏适当的生物安全措施，这些将活的野生动物混在一起出售的市场特别容易出现人畜共患疾病。

野味养殖和放牧

过去60年以来，非法和合法养殖场生产的野味数量一直在稳定增长还从位于热带、温带地区和北极的更广泛的生产系统中捕猎野味。2018年，全球的合法总产量到21.1亿（公）吨。在南非，野味产业每年为该国的GDP贡献近5亿美元（90亿南非兰特），雇佣超过10万名员工，同时还提供了比畜牧业生产高得多的投资回报。¹⁰⁷2014年，欧洲野味（包括鹿和野猪）的价值为3.47亿美元（约合3.21亿欧元）。2006年，中国建立了近2万个野生动物育种和养殖企业。⁶²野味也为世界各地的生计和粮食安全做出了重要贡献。^{97,108-111}在这种情况下，野生动

物的使用和贸易是经济上可行的土地使用方案，有助于保持栖息地的完整。

人们还担心人畜共患疾病从野生动物养殖场和更广泛的牧场管理系统传染给人类。从理论上讲，野生动物养殖场可以提供适当的卫生条件，从而降低疾病传播的风险。但实际上，野生动物养殖场传播疾病的风险很大，需要做出更多的努力来降低风险。^{31,112}

野生动物贸易

作为国家和国际合法与非法野生动物贸易（包括食品、货品、宠物或药品）的一部分，活的动物和动物产品以不同的形式与人们发生密切接触。¹¹²各种动物——野生动物、家养动物、养殖动物和驯化动物——在市场上、在运输工具中和在市场的笼子里被买卖。在市场等促进不同动物物种混合的做法中传播给人类的病毒，已被证明具有高得多的“宿主适应性”——在分类学和生态学上具有多元化的宿主范围。¹¹³

人类与全球野生动物贸易中不同种类的野生动物密切接触，能促进新病毒从动物向人溢出，这些新病毒能够感染多种宿主物种。由于这些病毒更可能通过人与人之间的传播而扩增，从而广泛传播，因此可能引发具有更高的大流行潜力的新型疾病事件。



干蛤蚧壁虎（大壁虎）被当作传统药物交易
图片来源：Orvar Belenus / Shutterstock.com

野生动植物使用、贸易和消费带来的人畜共患疾病风险

在以下段落中，将更详细地讨论捕猎、交易和食用野味以及交易活的动物的潜在健康风险。直接接触以下任何一种动物都可能导致疾病传播：

1. 被猎食的野生动物；
2. 买卖野生动物（包括在市场上）；
3. 作为宠物或在动物园、保护区或实验室饲养的野生动物（本报告未涵盖）；以及

4. 家畜（见第一章）。

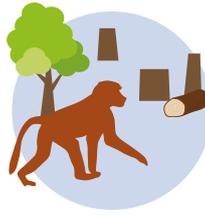
由于野生脊椎动物是大量人畜共患疾病病原体的原生宿主，捕猎野味和活动物贸易增强了几个人畜共患疾病病原体溢出的途径。许多森林地区的猎人如果在捕获动物时，在将猎物运回家时，被动物伤害，或者在屠宰动物时割伤自己，那么就有患病的危险。¹¹⁴这些伤害可能将动物体液转移到猎人身上。¹¹⁵



森林破坏和干扰增加了人类接触人畜共患疾病病毒库的风险。埃博拉病毒对人类的溢出更有可能发生在高度受干扰的森林地区。一项对2001年至2014年西非和中非大规模森林砍伐和破碎化的分析表明，森林边缘暴发的埃博拉病毒与前两年发生的茂密森林消失有关，尤其是那些树冠覆盖度高的森林。



一项关于巴西大西洋森林景观破碎化影响的研究发现，由寄生原虫克氏锥虫引起的查加斯病的再次出现，与哺乳动物多样性减少和能力强的病毒库物种（如普通负鼠和其他有袋动物）丰度增加有关。此外，与连续森林相比，克氏锥虫在森林碎片中的小型哺乳动物物种中更为普遍。



栖息地干扰可以改变病原体跨物种传播的动态。当科学家们在乌干达的基巴莱国家公园附近对人类、牲畜和野生动物中的大肠杆菌进行检测时，他们发现来自人和牲畜的大肠杆菌与来自附近未受干扰的森林地区灵长类动物的大肠杆菌相比，在基因上更类似于那些生活在森林碎片中的灵长类动物。在布恩迪国家公园的另一项研究也发现，与人类频繁接触的大猩猩的大肠杆菌与人畜大肠杆菌的基因相似。



对自然栖息地的侵犯使人们与野生动物有了更多的接触，使得病原体从野生动物宿主传播到其他物种。澳大利亚蝙蝠狂犬病毒的出现（包括澳大利亚蝙蝠狂犬病毒、亨德拉病毒和梅那哥病毒），与农业和城市发展有关。蝙蝠对人类的干扰很敏感。地貌的改造和破碎化减少了果蝠和狐蝠（Pteropus sp.）摄食和栖息的生态环境，促使它们在城市周边的地貌中寻找替代的摄食和栖息地点。

请参阅第63页。

对报告通过狩猎和屠宰接触过非人类灵长类动物血液和体液的中非人的人类嗜T细胞病毒（HTLV）多样性的调查显示，这些猎人感染了与许多人类疾病有关的各种人类嗜T细胞病毒。¹¹⁶一项研究在中非猎人中发现了猿猴泡沫病毒感染，并得出结论称，逆转录病毒能在人类狩猎和屠宰动物时与人接触，从而进入人类种群。¹¹⁷对灵长类野味中SIV的流行和遗传多样性的广泛调查提供了对潜在新型跨物种传播风险的见解。¹¹⁸

值得注意的是，在中部非洲，埃博拉病毒见机行事地在捕猎和处理被感染的大猩猩和黑猩猩尸体以食用的猎人中传播。¹¹⁹虽然在采用最低卫生规则的情况下食用野味有风险，但这不是唯一的因素。西非和现在的刚果民主共和国东部规模最大的埃博拉疫情暴发与继发性流行病学周期有关，这凸显了以下事实：人畜共患疾病传播的核心是人类条件和行动，而不是“偶然溢出”。在低密度和分布范围很广的人类社区中，埃博拉病毒是一种零星的低影响（假设令人痛苦）疾病，



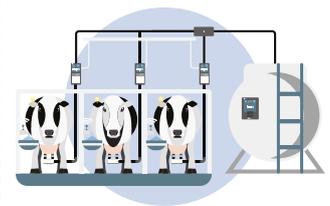
啮齿动物与80多种人畜共患疾病有关。它们对栖息地的干扰有很强的适应能力。一项对来自八个国家的58个案例研究的综合分析表明，土地利用变化更有利于携带人畜共患疾病病原体的啮齿动物。在被改观的栖息地中，作为病毒库的啮齿动物较多，在自然栖息地中，不是病毒库的啮齿动物较多。在热带稀树大草原系统中进行的实验表明，当大型野生动物——无论是啮齿动物捕食者还是竞争对手——被清除后，啮齿动物的数量增加了，从而增加了啮齿动物传播疾病的风险。



西尼罗河病毒于1999年传入美国，现在成为流行病。野生和半野生鸟类是病毒宿主，蚊子是病媒。外来病毒的引入使本地鸟类的数量大大减少，一些物种没有恢复的迹象。一项全国范围的研究发现，随着鸟类多样性的丧失，西尼罗河病毒感染在病媒蚊子和人类中的发生率增加。多样性丰富的鸟类群落往往是能力不太强的病原体宿主。



土地使用的变化让通常很少或没有相互作用的物种更容易接触，使病原体跨越物种屏障进行传播。尼帕病毒于1997年出现在马来西亚怡保市的一个大型集约化养猪场。研究表明，尼帕病毒通过在养猪场附近栽培果园中寻找食物的受感染果蝠传播给猪。随后，被感染的猪被卖给南方的其他商业养猪场，导致1998-1999年猪和养猪场工人暴发疫情。



病原体在进化中利用新宿主或适应不断变化的进化压力时会发生变化。抗菌素耐药性是病原体接触抗菌素药物并在短时间内形成耐药性的结果。抗菌素在兽医学中被广泛使用或滥用，通常作为预防药物。在家养动物中，特别是工业化农业中，耐药性正在增加，并可能增加牲畜和人类出现疾病的风险。

▶ 视频：疾病温床

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=9kGH7iC-7TQ>
© Frontline PBS



布恩迪国家公园（乌干达）
图片来源：Travel Stock/Shutterstock.com

几乎不会对社会经济造成影响，直到它进入人口稠密且联系紧密的城市空间。

从野生动物到人的病原体传播途径——从少数农村猎人开始，到农村和城市的大量野味消费者——是重要因素。^{112,120} 最近在坦桑尼亚塞伦盖蒂西部进行的研究显示，无论是什么野生动物物种，经过筛选的野味样本DNA特征与具有潜

在危险的人畜共患疾病病原体（如芽孢杆菌、布鲁氏菌和柯克斯氏体属 spp.¹²¹）相同。

筛选出的肉类样品来自人们非常喜欢的大型哺乳动物，例如水牛、牛羚、大羚羊、瞪羚、长颈鹿、疣猪、斑马和豪猪。由此类地方性病原体引起的感染通常不会发展成流行病，但可以利用这种感染来确定可能被具有较严重后果的病原体利用的风险途径。

对柬埔寨市场上的人畜共患疾病进行的风险评估发现，野生动物数量众多、人畜共患病的高风险类群和不良的生物安全性相结合，增加了病原体存在和传播的可能性。¹²²在北美，有几项研究记录了与贸易中进口的活动物有关的潜在疾病传播。^{120,123} 据报告，2003年在非洲以外首次出现的猴痘是由于人被草原土拨鼠感染导致的，而这些草原土拨鼠是被美国进口的非洲啮齿动物感染的。¹²⁴2017年暴发的阿格伯尼沙门菌感染与宠物龟有关。¹²⁵

还有其他已知由水生动物传播的人畜共患疾病的例子。如果不加以治疗，从海豹、鲸鱼和其他依赖海洋生态系统的海洋哺乳动物传播的人



埃及开罗骆驼销售市场中的骆驼
图片来源：Buhairi Nawawi / Shutterstock.com



预警系统和监测野生动物



在美国加利福尼亚州约书亚树国家公园开展的蝙蝠研究
图片来源：美国国家公园管理局/Hannah Schwalbe

动物和环境指标能为疾病早期预警系统提供有价值的工具：

监测给定区域或某些野生动物物种的微生物多样性，可以作为检测潜在疾病（特别是冠状病毒、丝状病毒和副粘病毒）暴发的有效指标。对野生动物发病率或死亡率事件的持续监测也可以提供疾病活跃循环或暴发的指标。例如，对在玻利维亚野生动物保护区附近发现的一只死吼猴的调查导致发现了黄热病病毒。这提供了重要的预警信息，并启动了预防人类病例的疫苗接种运动。¹²⁶

有效地利用了**哨点监测方法**，该方法选择人数更少的、有针对性的卫生工作者群体来收集数据，以便在喀麦隆的鸟类和马科动物中检测西尼罗河病毒、在类人猿中检测埃博拉病毒、在黑猩猩中检测猴痘的潜在溢出事件之前抢先采取行动。

有针对性的环境指标对于预测风险预警也可能有用。例如，降雨时间延长与某些地区暴发裂谷热的风险增加有关，或者洪水事件与钩端螺旋体病有关。由于已知某些物种可作为人畜共患疾病的宿主或传播者，因此监测物种分布可提供对人类健康潜在风险的重要指示。例如，物种范围的变化或引入可能成为宿主的入侵物种，可能预示着潜在的风险。在负责管理野生动物、牲畜和人类健康的机构之间对这些信息进行持续监测和共享，对于改善人畜共患疾病威胁风险评估和预防非常重要。

畜共患疾病会诱发威胁生命的系统疾病，可能构成公共卫生风险。食用鳍脚亚目（海豹、海象）或鲸目（鲸鱼、海豚、鼠海豚）哺乳动物的生肉或未煮熟的肉在人类身上引起过严重的细菌性疾病（例如沙门氏菌病和肉毒中毒）和寄生虫病（旋毛虫病和弓形虫病）。⁹⁶

尽管本章重点介绍接触野生动物的人面临的人畜共患疾病传播的直接风险，但这种野生动物与人之间的相互作用也具有重大的次要影响。如本章开头所述，在野生动物贸易不可持续、野生动物种群大幅度减少或局部灭绝的情况下，生态系统不仅丧失了生物多样性，而且丧失了防止新型人畜共患疾病出现和传播的“生物多样性缓冲区”的保护功能。



第四章

管理和预防人畜共患疾病： “一体化健康”如何提供帮助

本章将“一体化健康”方法列为管理和预防人畜共患疾病的最有前景的方法。它还提供了过去的成功案例，并讨论了推广这一方法面临的潜在障碍。分享和讨论了之前管理人畜共患疾病暴发（包括大流行病）中获得的经验教训。

控制人畜共患疾病的“一体化健康”方法

过去几个世纪，人类社会的公共卫生方面的经验，使我们能够汲取一些有效管理人畜共患疾病的广泛教训。如本报告前文所述，“一体化健康”方法可以定义为跨多个学科的协作，以实现人、动物和环境的最佳健康状态。这种方法已成为预防和管理在人、动物和环境健康交叉区域发生疾病的关键工具。同时，一种被称为“生态健康”的密切相关的方法被定义为在社会和生态相互作用的背景下，理解和促进健康与人类福祉所必需的一套系统性的参与方法。“一体化健康”和“生态健康”方法都强调整体干预的多学科协作，不仅要实现人类健康目标，还要实现动物和环境健康目标，动物和环境健康对于改善遭到忽视的新型传染病（其中许多是人畜共患疾病）的控制至关重要。¹²⁷

尽管“一体化健康”和“生态健康”方法都处于人、动物和环境相互作用的结合处，但二者仍然存在细微差异：通常，“一体化健康”强调生物医学动物和人类健康，而“生态健康”则更加关注健康与生态系统之间的更广泛关系，侧重于环境和相关的社会经济系统。¹²⁸第三个概念“地球健康”侧重于涉及全球可持续性的人类健康。¹²⁹由于这些术语都没有一个一致或标准化的定义，并且考虑到它们的融合和相似之处¹³⁰，因此本评估报告将“一体化健康”作为总括性术语，因为它最容易被政策制定者和公众理解。

如我们所见，人畜共患疾病涉及并影响人类健康、动物健康和环境健康。病原体起源于动物，

“一体化健康”



它们在人群中引发疾病或溢出通常是由人类活动导致的，例如集约化畜牧生产或使生态系统恶化或破碎化，或不可持续地利用野生动物（请参阅第一章和第三章）。因此，应该对这些人类活动进行跨部门管理。在全球层面，来自不同部门的三个政府间组织负责人畜共患疾病事务，它们是：世界卫生组织（WHO）、世界动物卫生组织（OIE）和粮食及农业组织（FAO）。

为了应对禽流感（HPAI）大流行，这三个政府间组织与联合国儿童基金会、联合国系统抗击禽流感和人类流感协调员（UNSCIC）和世界银行共同制定了战略框架，以减少新兴人畜共患疾病的风险。¹³¹该框架有五个战略要素，它们在今天仍然具有相关性：

1. 通过采取长期干预措施，建立符合世界卫生组织《国际卫生条例》（修正案于2016年7月生效）和世界动物卫生组织（OIE）国际标准的健全且管理完善的公共和动物卫生系统。
2. 通过提高国家和国际应急响应能力来控制疾病暴发，从而预防区域性和全球性危机。
3. 促进跨部门、跨学科的广泛合作。

4. 通过进行战略研究，制定合理且有针对性的疾病控制计划。
5. 将重点从发达经济体转移到发展中经济体，从潜在疾病转移到实际疾病问题，关注更广泛的当地重要疾病的致病因素，从而更好地解决贫困人口的关切。

如FAO/OIE/WHO三方概念说明所述，2010年，粮农组织、世界动物卫生组织和世卫组织开始合作解决人类-动物-生态系统交叉区域的风险。¹³²2019年，他们更新了关于人畜共患疾病和其他“一体化健康”问题的2008年联合三方指南。其他政府间组织也对环境、动物和人类健康感兴趣，特别是联合国环境规划署（UNEP），一些多边环境协定（MEA）和世界银行。《生物多样性公约》已经制定了包括生物多样性在内的“一体化健康指南”。¹³³在这一领域开展工

作的还有许多其他组织、研究所、方案、政府机构和非政府机构。例如，国际农业研究磋商组织（CGIAR）是世界上最大的全球农业创新网络；CGIAR的组成中心之一——国际畜牧研究所（ILRI）制定了针对牲畜与人类健康以及可持续牲畜系统的方案。

总体而言，在全球人畜共患疾病预防和控制方案中，环境卫生倡议的代表性不如动物、牲畜和人类健康倡议。但是，环境是新兴的“一体化健康”方法的关键，这种方法正在区域和国家层面领导降低和控制人畜共患疾病风险的工作。采用这些多部门方法取得了一些显著成功，例如在坦桑尼亚塞伦盖蒂的生态系统中控制狂犬病；了解布鲁氏菌病在蒙古给人和动物带来的负担；阐明裂谷热的传播动态并预测其暴发；在东南亚进行“一体化健康”疾病控制能力建设。¹³⁵

环境卫生及其从业人员在乌干达“一体化健康”计划中的作用



乌干达首都坎帕拉的一家肉铺

图片来源：Black Sheep Media / Shutterstock.com

乌干达的环境卫生从业人员极大地帮助减少了人畜共患疾病暴发（例如埃博拉病毒）引起的疾病和死亡。这些从业人员在疾病监测第一线开展工作。他们的任务包括：

- 在屠宰前检查牲畜，并检查屠宰场和肉铺中的肉类；
- 监测禁止食用的肉类的销毁过程；
- 调查人畜共患疾病暴发并监测疾病控制计划；
- 确保控制老鼠、跳蚤、蚊子和猴子等病媒和有害动物；
- 为社区提供有关儿童和宠物疫苗接种等相关问题的健康教育；
- 参与和食品安全有关的所有事务；以及
- 帮助执行乌干达的公共卫生法规。

简而言之，乌干达的环境卫生从业人员完美体现了健康的人、动物和环境的“一体化健康”方法。为了防止将来暴发疾病，乌干达将依靠这群杰出的“环境健康积极分子”为乌干达的许多“一体化健康”活动提供建议，规划、实施、管理和监测活动。¹³⁴

管理人畜共患疾病的历史记录

有许多成功管理地方性人畜共患疾病的案例。通过在整个食品价值链中建立控制机制，重点是减少动物宿主的疾病，一些发达国家已在相对较短的时间内成功减少了人畜共患的食源性疾

病。同样，许多运动已经设法减少了地方性人畜共患疾病，例如猪绦虫和狂犬病。例如，在马达加斯加，通过推广防虫药和开展教育竞赛，由食用猪肉的人摄入的寄生猪绦虫引起的、可预防的人类癫痫病已得到有效控制。需要强调的是，必须保持这种疾病控制方面的有效措施：如果不保持控制措施，疾病将在最初得到抑制后复发。因此，已经将几种优先级较高的人畜共患疾病（包括高致病性禽流感、猪绦虫和狂犬病）作为“逐步控制、最终消除（可能条件下）”的目标。较富裕的国家在减少甚至消除人畜共患疾病方面已取得很大进展；不太富裕的国家也取得了相当大的成就。例如，在孟加拉国，一项消除狂犬病的计划自2011年以来一直侧重于犬咬伤管理和大规模犬疫苗接种。结果，该国的狂犬病死亡人数减少了一半。

在管理新型人畜共患疾病方面，历史记录要复杂得多。SARS得到迅速遏制被认为是近年来公共卫生领域最大的成功案例之一。2003年，世界卫生组织向世界发出警告，称原因不明的严重急性呼吸综合征（SARS）正在中国南方迅速蔓延。在六个月内，这种全新的疾病被确定为冠状病毒，说明了其传播和危险因素，并开发了治疗方法，最后疾病停止了传播。

然而，最近在西非暴发的埃博拉疫情表明，控制人畜共患疾病的暴发可能有多么困难。2013-2016年，在几内亚、利比里亚和塞拉利昂交界处暴发的埃博拉疫情影响了世界上一些最贫困和最不发达国家。此次暴发的规模比以往所有暴发加起来还要大，据报道，该病毒感染了28646人，并夺去了11323人的生命。人们花了三个多月时间才确认埃博拉病毒是导致该地区出现的许多严重疾病和过早死亡的元凶，此时大量人口已经被感染。战争、人口增长、贫困、沟通和社区参与未达到最佳标准，以及卫生基础设施不良，都可能导致埃博拉病毒的蔓延、持续时间和规模达到空前程度。¹³⁶即使成功宣布了个别疫情结束，只

要缺乏从源头上解决疾病风险的战略，就存在再次发生溢出事件的威胁：自1976年首次发现埃博拉病毒以来，已知该病毒已暴发了大约30次。

随着信息和通信技术的飞速发展，涌现出的新型监测和报告工具正利用着各种各样的现场报告。这些工具包括新兴疾病监测计划（ProMed）、GeoChat、包括人畜共患疾病在内的主要动物疾病全球预警系统（GLEWS）、全球疫情警报和反应网（GOARN）、世界动物健康信息数据库（OIE/WAHIS）和界面（当前正在更新）、动物卫生应急预防系统（EMPRES-AH）和Health-Map。尽管野生动物疾病已被纳入其中某些系统，但在全球和国家范围内，野生动物疾病的监测和报告仍然十分有限。有必要建立野生动物疾病和病原体监测信息系统，并与公共卫生和家畜卫生系统建立有效联系，以确保及时有效的协作和使用信息。

生物技术和分子流行病学的进步使开发诊断方法变得更加容易，这些诊断方法能确定和跟踪人畜共患疾病的传播，并支持疫苗和疗法的开发。¹³⁷另一个值得注意的趋势是疾病控制的民主化。越来越广泛的人员（包括“社区动物卫生工作者”和“公民科学家”）越来越多地参与人畜共患疾病的控制，已为疾病控制界带来了新的观点和议程，例如确保动物福利以及评估疾病和疾病控制计划对妇女和贫困农民的影响。

例如，性别平等在了解传染病暴发以及我们控制疫情的响应行动中起着重要作用。生物、经济、文化和政治因素影响男性和女性受到疾病和相关健康风险影响的方式，并使他们易受其害。¹³⁸和男性相比，女性更容易受到包括人畜共患疾病在内的疾病暴发的影响（尽管新冠肺炎可能是个例外）。例如，在利比里亚，政府报告称，疫情受害者中75%是妇女，因为她们常常处于人类与动物相互作用的最前沿。¹³⁹认识到妇女在控制疾病暴发中发挥的作用后，有关机构举办了一系列“妇女和一体化健康讲习班”，强调迫切需要“一体化健康”采取更具包容性和促进性别平等的方法，尤其是在发展中国家。¹³⁹这些培训班旨在为制定解决性别不平等的有效政策奠定基础，而性别不平等往往会导致人畜共患疾病相关的风险因素出现。

“一体化健康”方法——我们可以从过去的人畜共患疾病暴发中学到什么？



在印度古瓦哈提的Ganeshguru家畜市场上出售的鸡
图片来源：ILRI/Stevie Mann

鉴于新冠肺炎只是一系列新兴人畜共患疾病中的一种，过去的经验可以为未来的战略提供信息。在亚洲加强新型传染病预防、监测和应对系统的整体努力取得了不同的结果。在2004年A型和H5N1亚型高致病性禽流感（HPAI [H5N1]）疫情之后，发展伙伴和发展中国家做出了重大投资。虽然已经建立了监测和诊断能力，但HPAI在东南亚大部分国家和埃及仍然很常见。在非洲，才刚刚开始加强检测和管理大流行病威胁的能力，服务落后于亚洲。许多人提倡“一体化健康”方法，但是这种方法的采用和机构支持不均衡。需要更多的投资和支持才能使这些方法常态化。此外，制定一套衡量“一体化健康”方法有效性的标准化指标也可能有助于增加对该方法的采用。¹⁴⁰

尽管几乎没有人反对制定应对人畜共患疾病暴发的方案，但有人担心：首先，我们的响应行动最终可能会付出比疾病本身更大的代价，其次，世界上最贫穷的人可能会过多地承担这些代价。

在始于1997年的禽流感大流行期间，曾多次尝试过“重组”家禽业，这实际上意味着阻止贫穷的“后院”家禽养殖者，其中许多是几乎没有其他赚钱方式的妇女。¹⁴¹埃及最近的一项研究发现，为应对禽流感（HPAI）暴发而大规模扑杀家禽和儿童营养不良的增加有关。¹⁴²同样，禁止野生动物贸易虽然有时取得了成功，但在其他情况下也会导致意想不到的后果，例如，北极熊产品禁令使北极社区土著生计困难，并降低了这些社区对其社区附近的北极熊的容忍度，降低了他们参与共享管理计划的可能性。¹⁴³不适当地针对野生动物的应对措施——例如毒害或减少种群数量的努力——可能威胁到生物多样性和生态系统服务。这些教训强化了以下观念：干预必须考虑潜在的利益与潜在的危害；这种方法可以帮助优化资源使用并确保解决方案的公平。

从以前冠状病毒暴发的管理中汲取的经验教训

由于我们正处于持续的大流行病之中，因此需要一些时间才能获得管理新冠肺炎最佳方法的清晰结论。我们已经看到有必要迅速学习，采用实时监测数据以及全球围绕资源团结起来等良好做法。但是，从先前的冠状病毒疫情和动物及人类的大流行病中汲取的教训提出以下几点。

像所有病毒一样，随着时间的推移，冠状病毒会变异为致病性（入侵宿主并在宿主内部引起疾病的能力）、病毒性（被感染的宿主体内疾病的严重程度）和传染性（被传播的能力）各不相同的新菌株。冠状病毒的突变速度比其他一些RNA病毒慢，这意味着一旦生产出有效的疫苗，它就能比现在的年度流感疫苗提供更长时间的防护。

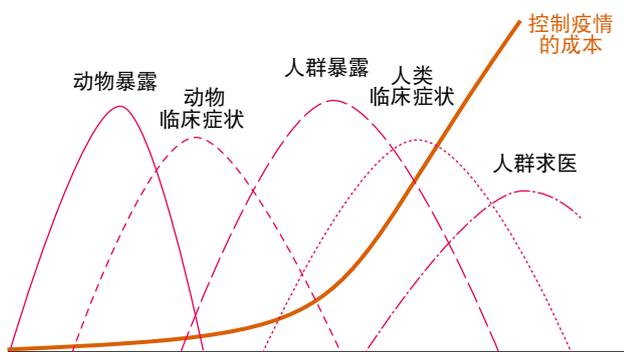
然而，难以开发出有效疫苗，以抗击由牲畜冠状病毒引起的、经济代价高昂的疾病。由于新型冠状病毒的暴发相当有规律——如前文所述，最近发生的六次全球冠状病毒暴发均已广泛传播，并影响了多个大洲——因此在需要研究和监测的病毒中，冠状病毒应具有更高的优先级。

先前的冠状病毒暴发已造成巨大的经济损失和社会动荡。人畜共患冠状病毒给人类健康带来的负担一直相对较小，但有可能造成更大的负担。必须改善风险评估、风险缓解和风险沟通。在许多国家，疾病控制的直接和间接负担大部分落在了最贫困的人身上，这表明迫切需要为人们提供更好的社会保障和更强的抗病能力。

与SARS疫情相比，对新冠肺炎的科学和公共卫生应对措施的宣传有所不同，各国尽早宣布疫情的动力仍然不足，特别是在发展中国家和新兴经济体。这一点需要改变，以便促进全球准备和有效的国际合作。

截至2020年6月，新冠肺炎的经济影响似乎要比以前已知的冠状病毒暴发严重很多倍。与暴发有关的经济损失包括直接和间接损失。当大流行病的人口死亡率相对较低时（可能远低于新冠肺炎似乎是10%的死亡率），大流行病的间接成本往往比直接成本高得多。这些间接成本包括失业、食物供应链中断、边境关闭、流动性受限、旅游业受限、受教育机会减少、企业倒闭/破产，因医疗服务不堪重负或人们避免使用医疗服务而导致的死亡人数增加，以及其他许多复杂的下游活动影响。许多正在进行的和拟议的行动正在管理这些成本，但它们不是本文要提交审议的事项。

在所有国家，控制养殖的家畜、养殖和捕获的野生动物及宠物中的冠状病毒和其他人畜共患疾病感染都是一个难题，在许多发展中国家，这也许



有效控制人畜共患疾病需要在动物源头上进行早期检测和准确诊断。对动物进行疾病监测对于防止疾病在动物种群之间传播，以及尽量降低疾病传播给人类种群的风险至关重要。一旦疾病在人群中传播，控制疾病的成本就会成倍增加。¹⁰

资料来源：世界银行（2012）

视频：WAHIS：保护动物，保护我们的未来

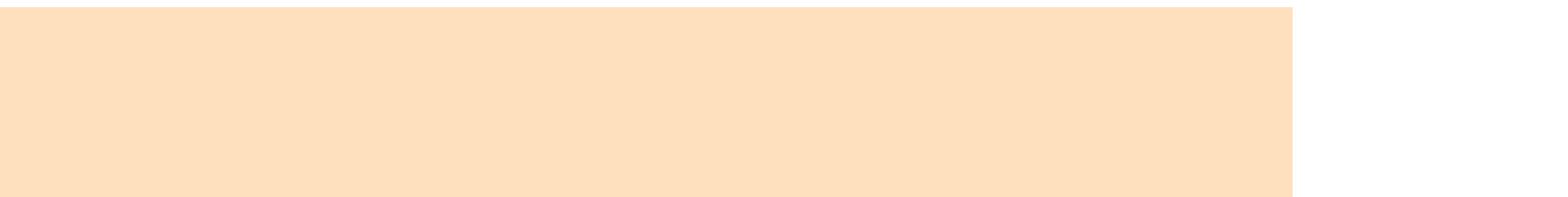
视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=M5PuNtcBh14>

© OIEVideo



是个不可能完成的任务。最佳兽医实践要求结合使用疫苗、生物安全协议、运输控制和畜牧管理，这在较贫困的国家很难实施。由于用于猪流行性腹泻的疫苗并不总是有效，因此严格的生物安全性是防止引入和传播猪流行性腹泻病毒的最有效措施。这一做法几乎从未成功应用于供应庞大国内市场的小农养殖场。疫苗预防鸡传染性支气管炎和猫传染性腹膜炎的效果也不能令人满意。传染性支气管炎和猪流行性腹泻在欧洲的控制状况要好于中国，但它们仍是全球大流行病。很难根除很好适应了宿主的冠状病毒。

尽管SARS似乎已被消除，但由于MERS病毒仍在中间宿主（单峰骆驼）中传播，MERS病毒继续导致人类死亡。已开始研制SARS疫苗，但还没有完成第一阶段人体试验。目前正在研发MERS疫苗，但尚未获得批准。大型私营制药公司、学术机构和小型生物技术公司之间正在展开一场研发新冠肺炎疫苗的竞赛。一百多家公司参与了这项工作，但是仍然存在着实际的挑战，不仅要为这种新型冠状病毒研发有效的疫苗，还要迅速地大量生产疫苗，并确保所有人，不论收入如何，都能获得疫苗，以保护今天生活在地球上的78亿人口中的每一个人。





第五章

预防未来人畜共患大流行病： 还需要开展哪些工作？

最后这一章将讨论其他政策和实践对策，以帮助预防不可避免的下一代新型人畜共患疾病的出现。同样，这一章将重点放在“一体化健康”方法上，将其作为减少和控制人畜共患疾病风险的首选框架，并讨论这一方法如何有助于减轻第一章中指出的、导致人畜共患疾病出现的七个人为致病因素。这一章提出了十项具体的、基于“一体化健康”的建议，既可以从根源上解决问题，也可以支持对未来的大流行病采取更有效、更加协同的应对措施。

人畜共患疾病控制和预防的“一体化健康”方面

要想控制和预防人畜共患疾病的暴发，就需要在人类健康、动物健康和环境健康方面进行协同的跨学科响应。为控制正在发生的新冠肺炎大流行病和降低未来人畜共患疾病暴发风险，我们的应对措施必须涉及多个领域。

在当前的危机中，必须采取、资助和管理公共卫生应对措施。维持全球食物系统是当务之急，为贫困、弱势和边缘化人口提供额外的社会保障也是如此。需要制定明确的大流行病应对退出策略，也需要采取可持续的方式重建受损的经济，同时不以牺牲长期社会和环境成就为代价。针对这些问题已有许多报告、指导方针和建议。本报告，特别是本章，从更广泛的角度提出了预防和减轻人畜共患疾病风险的方法，特别侧重于动物和环境健康方面。必须将这些方面纳入短期的一揽子复苏计划以及长期的政策和发展规划。

如上所述，人畜共患疾病极其复杂；需要环境、农业、卫生、贸易和商业部门共同承担预防和控制人畜共患疾病的责任。迄今为止，应对这些疾病的方法在多个部门之间并没有得到充分协调。¹⁴⁴从制度上讲，人畜共患疾病可能不属于传统的卫生领域（而可能介于人类健康和兽医健

康的不同部门之间），而且在最糟糕的情况下，会被人忽视。“一体化健康”思路和研究提供了一种方法，可以打破传统的部门障碍，实现对人畜共患疾病的有效控制。在禽流感大流行之后，一个充满希望的进展是在许多国家和其他国际合作项目中建立了人畜共患疾病联合工作组。¹⁴⁵

成功控制人畜共患疾病需要强有力的政策框架和相关法律机制。它还需要各机构运作良好，有足够的力量、充足的资金和明确的计划来实施干预措施。

就新发疾病而言，需要在监测和协调人类健康、动物健康和环境健康服务方面预先投资，以确保“突发事件”不会变成全方位的流行病，即大流行病。在经济方面，世界银行8年前估计，每年在全球动物健康体系上投入34亿美元，可以避免因对人畜共患疾病反应迟缓或不充分而造成的损失——估计损失几乎是预防性投资的两倍。¹⁰新冠肺炎危机造成的生命损失以及经济和社会代价清楚地表明，增加对监测、预防措施和统一的跨部门早期应对的投资，确

▶ 视频：什么是“一体化健康”？

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=kfluP-tFC2k>
© Simpleshow foundation



保我们尽可能防止这类危机再次发生，是极具价值和十分必要的。

科学领域跨学科的进步将有助于为人畜共患疾病的预防和控制提供信息。重要的是不要孤立地研究病原体，而要更好地了解人类社会行为如何影响自然界，影响疾病的出现和传播。¹⁴⁶这些关系是非线性的，涉及复杂的系统关系，在开展研究和做出有效决策时必须加以考虑。

要想取得成功，就必须解决疾病出现的根源和致病因素，而这反过来又需要改变人类的行为以及人类采取的与生态系统有关的行动。虽然疾病出现的一些基本生态因素是已知的，但需要将这些因素充分纳入国家层面的监测和应对方案，并需要跨部门团队具有相关专业知识的。

许多人畜共患疾病可与其他传染病一起在特定环境或宿主中发生。¹⁴⁷如果每个病原体需要不同的控制措施，这可能使疾病管理复杂化。理解这些相互作用并把握通过单一干预手段控制多种病原体或病媒的机会，也是至关重要的。

解决导致人畜共患疾病出现的人为致病因素

迈向无大流行病世界的一个主要制约因素是，控制传染病的大多数工作仍然是被动反应型，而非积极主动型。在任何疾病危机期间，都要花费大量精力制定即时应对措施。然而，在建设社区抵御未来疫情的能力方面的投资，以及更重要的是，在解决导致动物和人类流行病和大流行病复发的根本结构性问题或致病因素方面的投资大大减少。

目前的2020年危机让我们有机会“重建更美好的家园”。总的来说，我们需要从短期政治应对转变为确保人类健康、动物健康和环境健康的长期政治承诺。地球上所有生命的维持都依赖于地球。

在这七个致病因素中，大多有着共同的潜在原因。例如，粮食需求不断增长可能导致农业系统集约化，并对环境和人类健康的重大影响，¹⁴⁸食品价值链的改变，以及野生动物利用的增长不够重视。



泰国曼谷，在新冠肺炎大流行期间，通勤者佩戴口罩

图片来源：The Escape of Malee / Shutterstock.com

新冠肺炎危机凸显了当前全球粮食系统的脆弱性。这些问题包括“封锁”措施对当地、区域和全球供应链造成的压力，也包括一些非常具体的问题，比如，因提供关键授粉服务的商用蜂箱运输中断，导致作物生产中断。¹⁴⁹许多当地食品市场被迫关闭，原因是人群和动物产品密集，以及执行卫生和社交距离措施的能力低下，导致人们认为感染新冠肺炎的风险很高。可持续粮食系统国际专家小组（2020年4月）称，这些市场关闭加剧了粮食不安全状况。

必须加大支持，建立有弹性的农业生态粮食系统，依靠自然协同作用并利用生物多样性进行粮食生产，同时保护重要的野生动物栖息地。这不仅是为了减少暴发人畜共患疾病的风险，也是为了在人类社区中建立抵御人畜共患疾病暴发影响的能力。对当地供应链的投资，包括加强当地遵循粮食安全法规的能力，也是向可持续粮食系统进行必要转型的一部分。最后，必须采取“从农场到餐桌”的办法，减少从粮食生产到加工、从运输到消费的整个消费链中发生人畜共患疾病的风险。本章后面将更深入地讨论其中的许多问题。

重视“一体化健康”方法的环境维度

上面列出的人畜共患疾病的所有七个人为致病因素都有很强的环境因素。然而，环境科学、科学家和从业人员以及环境政策没有被充分地纳入“一体化健康”方法，同时在制定和执行这一方法的过程中，环境考虑因素也没有充分地纳入主流。迄今为止，这些疏忽严重限制了“一体化健康”方法的成功。³

今后，我们必须进一步投资，以了解传染性人畜共患疾病及其暴发的潜在环境联系。我们必须努力在人类主导的环境（出售活体动物的环境）、人类居住地正在侵占野生动物栖息地的地区，以及拥有重要野生动物物种的完整生态系统中监测人畜共患疾病。此类工作将帮助我们建立重要的基准。我们还需要调查栖息地的转变和退化——无论是由于城市化、降低风险的防火政策、不适当的农业开发或其他开发、区域的恢复或再野生化，还是其他形式的环境变化和退化——是如何影响疾病的出现的。还需要更深入地了解现有的压力源（包括污染和气候变化）如何加剧人畜共

▶ 视频：通过“一体化健康”方法控制人畜共患疾病，保护我们的未来

视频链接：<https://youtu.be/RL0izxaUoMk> | © ILRI



莫桑比克太特省的一位农民和她饲养的猪

图片来源：ILRI/Stevie Mann

患疾病造成的风险和影响。特别是，我们必须进一步加强研究能力建设，并进一步调研野生动植物的利用、人畜共患疾病的出现和流行病出现或潜在风险之间的联系。

联合国类人猿生存合作组织（GRASP）提供了一个研究生物多样性和传染病暴发之间复杂关系的案例。该组织与保护合作伙伴合作，通过在地方社区一级的行动，制定了监测刚果共和国人类和野生动植物健康的方案。该项目的成果为非洲类人猿分布区国家提供了建议。¹⁵⁰这种技术方法可在其他区域复制，以监测人类和野生动物疾病在生态环境变化不同阶段的暴发和传播，并确定需要采取干预措施制止或扭转自然和生物多样性丧失的热点地区。

利用创新和新技术

如果没有更基础的病原流行病学知识和更快速、更廉价的基因组测序，每一种新出现的严重疾病都将继续让我们措手不及。但是，对新技术，特别是生物技术以及信息和通信技术的额外投资，可能会刺激疾病监测、快速反应和控制方面“改变游戏规则”的创新。

生物安全方面的具体改进对于检测、预防和控制人畜共患疾病暴发以及实施迅速和充分的应急响应至关重要。这些措施包括旨在减少传染病在作物、牲畜、检疫性有害生物体、外来入侵物种和改性活生物体中传播风险的预防措施。虽然几项研究发现，生物安全建议和政策往往是健全的，

视频：粮农组织：改变疾病态势 -
迈向“全球健康”方法

视频链接：<https://www.youtube.com/watch?v=VHVS5HwmZM>
© FAO



但由于缺乏资源和激励措施，生物安全措施的执行有限，特别是在小规模牲畜饲养者中。

实施生物安全干预措施的一些障碍包括农民对风险以及保护措施的成本和便利性缺乏认识。^{151,152}在乌干达进行的一项研究发现，尽管实施生物安全措施可以减少非洲猪瘟造成的损失，但它也会使农民每年的利润率降低6%。¹⁵³我们需要更多依靠激励措施、系统性理解和公平分担风险的新方法。

然而，尽管创新是解决大流行病的关键，但研究新型传染病的实验室也需要改善生物安全性。尽管没有证据表明这在新冠肺炎大流行中起到任何作用，但有许多文献记载了实验室获得性感染的发生，甚至是高致病性微生物体从实验室意外逸出。^{154,155}

回应预防和控制人畜共患疾病的公众需求和政策需求

虽然进一步的研究和创新至关重要，但已经确定了一些控制被忽视的人畜共患疾病的有效战略。广泛采用这些战略的一个主要障碍是缺乏对疾病管控的投资，特别是在发展中国家。与此类行动的直接公共卫生效益相比，预防或控制人畜共患疾病的成本似乎很高。

然而，预防的成本很容易被好处抵消。当全面分析潜在疾病暴发在多个部门造成的社会、经济和生态后果，包括对家畜、野生动物、旅游业、林业、贸易、就业和其他领域造成的损失时，

这一点就显而易见了。¹⁵⁶新冠肺炎已经表明了这一点。

减轻人畜共患疾病威胁的有效政策响应需要采取协同的政策行动，遏制其暴发的多种驱动因素，包括栖息地丧失和退化、野生动物的过度利用和土地使用变化等因素。在人们认为支离破碎的生存环境会促进疾病的快速进化过程和多样化的情况下，这一点尤其重要。必须在潜在的气候变化风险的背景下考虑这些土地使用变化和与生存环境有关的政策响应。这对于旨在减轻来自病原体的风险的任何政策都特别重要，这些病原体的生命周期有一部分是在宿主之外度过的，病媒传播疾病的情况就是如此，它们已被证明对气候更加敏感。¹⁵⁷

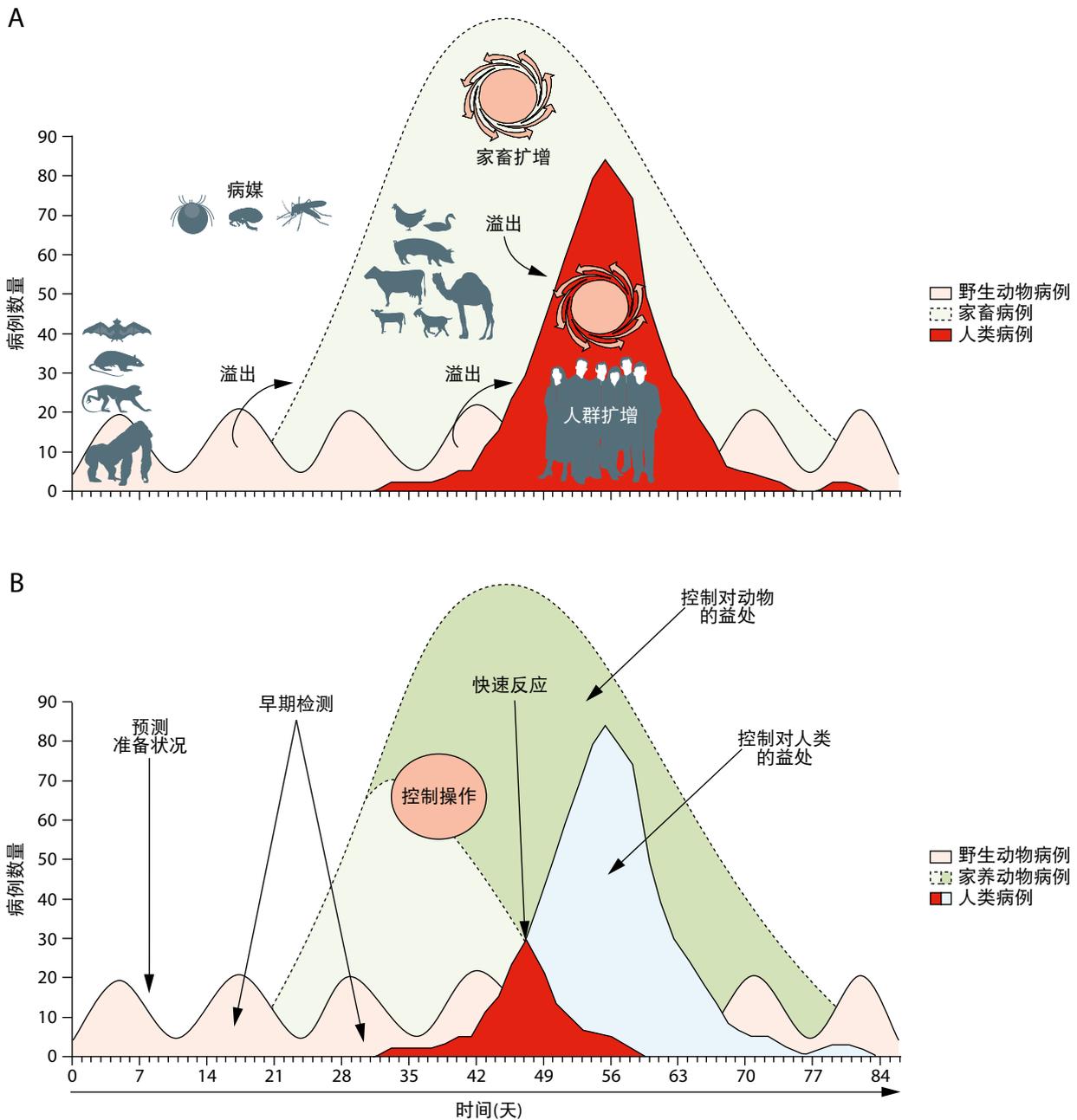
改造和重新管理食物系统

预防未来的人畜共患疾病暴发还需要改善传统食品市场的政策、法规和监管。数以百万计的人依赖在公共场所设立的非正式食品市场，小型零售商聚集在那里出售新鲜农产品、鱼类和饲养动物的肉，有时也出售野生动物的肉。虽然许多最近的人畜共患大流行病起源于野生动物，¹⁵⁸但同样有大量的人畜共患大流行病起源于家畜。为了减少未来人畜共患疾病的风险，野生和饲养的肉类——以及这些肉类的销售地——都应该遵守同样严格的卫生标准。

此外，加强卫生法规必须不仅限于公共食品市场，还应覆盖饲养和野生肉类的整个供应链，



在ILRI的蝇虫实验室解剖被感染的蝇虫
图片来源：© ILRI / David White



疾病生态学的临床意义

(A) 在野生动物的病原体（粉红色）进入家畜引起暴发（浅绿色）后，在人群中传播感染和扩散（亮红色），从而增强了病原体向人传播的能力。(B) 早期检测和控制工作可减少人（浅蓝色）和动物（深绿色）的发病率。溢出箭头显示跨物种传播。¹⁶⁷

资料来源：Reprinted from *The Lancet*, Vol.380, Karesh et al., *Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories*, Page 1942, Copyright (2012), with permission from Elsevier.

包括养殖和捕获的野生动物。更好地执行这些标准对降低风险绝对必要。世卫组织已制定了健康食品市场准则。¹⁵⁹为了降低人畜共患疾病传播的风险，还需要在整个供应链中采用动物福利标准来照顾、安置和运输活体动物。¹⁶⁰还应考虑对哪些物种可以合法出售进行更多限制，就像新冠肺炎危机出现后亚洲所做的那样。如果有证据表明

此类措施可有效预防未来的大流行病，则还必须考虑其他降低风险的选择，包括禁止高风险市场。

在考虑对非正式市场（包括涉及合法食用野生肉类的市场）进行额外管制时，必须考虑社会公平性和人的脆弱性。有些人口可能过度依赖这些蛋白质来源来满足其粮食安全需求。

可持续利用野生资源和多边环境协定

生物多样性或野生自然资源的可持续利用是《生物多样性公约》（CBD）的重要组成部分，包括野生生物的非消费性用途，例如可持续旅游业和野生动植物观赏，也包括消费性用途。野生动物的消费、处理和贸易（包括用于食物、宠物、动物园和医学研究）可能是人畜共患病传播的一个因素。

《保护迁徙野生动物物种公约》（CMS）涉及濒危或保护状况不利的迁徙物种的养护和管理，以及此类物种的获取和使用。该公约在2005年成立了一个野生动物疾病专家小组。可持续利用对野生动物及其栖息地的经济和社会可持续性至关重要。《濒危野生动植物种国际贸易公约》（CITES）建立了一个无损发现机制，确保国际野生动植物贸易在生物学上是可持续的。作为贸易法规的一部分，采取更多措施来确保人类健康的安全，并在国家一级改进所有这些措施的应用，将有利于人畜共患疾病的控制。

野生动物消费的需求管理以及鼓励这种需求变化的相关政策，已经表明是减少人畜共患疾病风险

的一种可能和适当的对策。当需求管理干预措施建立在对从生产者（或猎人）到消费者整个价值链中野生肉类消费的社会、经济和文化方面的彻底了解的基础上时，需求管理干预措施是最成功的。¹⁰⁷需求管理措施应作为针对人类、动物和环境健康各个方面的全面政策和干预措施的一部分。人类和动物的健康包括疾病传播方面，也包括营养、福利和粮食安全方面。在人的营养和生计依赖于野生肉类或活体动物的消费和/或贸易的情况下，必须仔细考虑可行的替代办法，特别是针对贫困或边缘化人群的替代办法。当考虑禁止销售野生肉类或活体动物时，这一点变得更加重要。扩大多样化的收入来源往往是将激励措施沿着野生肉类供应链转移，以增强经济韧性并确保对野生动物保护持续进行激励的一个重要组成部分。多样化应基于对系统动态的彻底了解和其他创收渠道的明确商业规划。^{170,171}

可持续野生动物管理合作伙伴关系描述了确保野生肉消费可持续性的一些关键因素，包括对动物种群进行详细监测，加强当地种群的保有和管理权，提供技术来支持对动物种群的管理，以及采取严格的卫生措施管理野生动物和肉类的销售、运输和消费。管理措施，例如让野生动物种



尼日尔法卡拉的一个村民和她的羊
图片来源：ILRI / Stevie Mann



日本东京品川火车站的通勤者
图片来源：StreetVJ/Shutterstock

群恢复的临时禁令以及移除非生产性动物的禁令，也可能有效。

人-家畜交叉区域的干预

许多人畜共患疾病可通过涉及疾病病原体的家畜宿主的干预措施得到最佳处理。¹⁷² 为了改善对人畜共患疾病的监测和控制，医学、兽医和野生动物主管当局之间的合作需要进一步改善并持之以恒。虽然这些主管当局可能在危机期间进行协作和资源共享，就像现在许多兽医实验室支持对当前新型冠状病毒的检测一样，但这些合作没有完全制度化，而且往往在非危机时期中断。集约化的畜牧生产系统将受益于严格的生物安全和兽医控制措施。粗放型畜牧业生产系统（包括游牧在内）可以有效地提供蛋白质，同时还提供环境共生效益并减少人畜共患疾病的风险。在许多发展中国家，很难控制养殖的家畜、捕获的野生动物和宠物中的冠状病毒和其他人畜共患传染病。这通常需要结合使用疫苗、生物安全规程、移动控制、屠宰受影响的动物和场所检疫，以及饲养管理等多种措施。

迈向循证政策制定

需要更强大的证据基础和更有力的能力建设，以了解复杂的风险状况并评估此类干预措施的成本、收益、可接受性和可扩展性。此外，许多在项目背景下很有希望的抑制动物人畜共患疾病的干预措施没有被发展为方案或被公共部门采纳。

例如，对非洲五个国家控制昏睡病的不同生态系统和动物干预措施进行的一项审查发现，这些措施在项目期间效果很好，但项目结束后，昏睡病再次出现。¹⁶⁴ 今后的工作必须确保在政策框架中纳入行之有效的预防措施，以减轻家畜间人畜共患疾病的传播。疾病会给各个人群造成不同的影响，被忽视的人畜共患疾病给贫困群体、弱势群体和边缘化群体带来的负担最重。¹⁶⁵ 人畜共患疾病控制方案要行之有效，就必须设法减少处境不利的群体在管理其饲养的动物的疾病及为其自身和动物获得疾病控制服务方面所面临的障碍。

落实本报告建议的主要参与者包括研究机构、国家和地方政府、政府间组织、非政府组织和企业。关于人畜共患疾病的明确跨学科研究议程已经得到描述。该议程的目的不仅是增进对人类健康、动物健康和环境健康的了解，而且致力于在以综合方式处理这些因素的社会经济政策层面进行应用研究。尽管国家一级的跨学科团队采用了许多“一体化健康”方法，但重要的是，应使用现有的最佳科学技术，在地方治理层面充分采用这些方法。

非政府组织在推出“一体化健康”方法的过程中提供关键的技术援助和多学科支持。政府间组织在协调应对全球大流行病威胁方面发挥着重要作用，包括整理信息、提供指导方针和咨询意见、制定应对战略，以及分享经验教训以改进预防措施。世卫组织与粮农组织和世界动物卫生组织密切配合，促进跨部门协作，以应对人畜共患疾病



鱼市场上的海鲜

图片来源：Vladimir Krupenkin / Shutterstock.com

风险和人-动物-生态系统交叉区域的其他公共卫生威胁，并就如何减少这些风险提供指导。联合国以科学为基础的全球环境主管部门——环境署及其管理的多边环境协定（MEA）秘书处正在扩大这种方法的环境方面，包括加强环境法及其执法方面，可发挥明确的作用。包容生物多样性的“一体化健康”方法自愿指南中已经确定了一些可能的切入点的例子。

世界银行最近发布了在世行及其借款国和技术伙伴开展的现有和未来项目中实施“一体化健康”的指导方针。¹⁶⁶这些指导方针可作为案例，供其他金融机构在发展和基础设施项目的规划过程中纳入。此外，企业部门必须评估其投资、激励结构和商业惯例，以了解造成人畜共患病原体溢出的重大风险。

例如，改革后的风险评估纳入了人畜共患病原体溢出和森林相关健康效益减少的潜在危害，可以与可持续性承诺相结合，作为大豆或棕榈油等森林转化商品的前期融资的一部分。

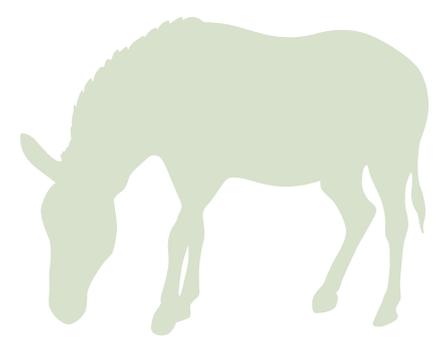
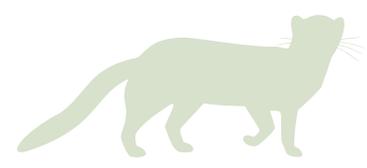
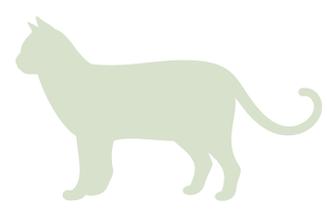
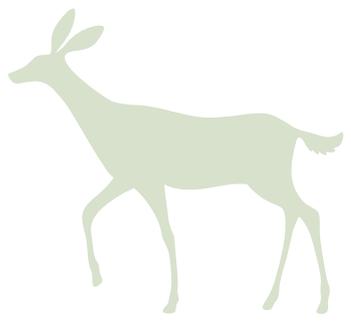
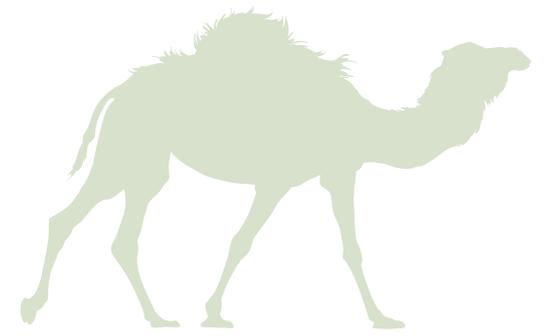
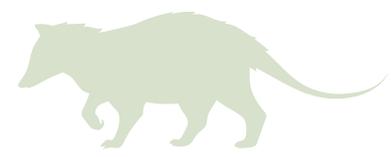
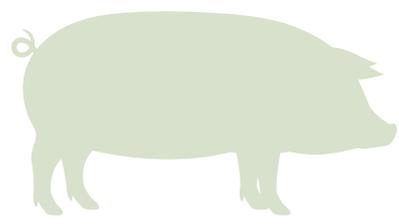
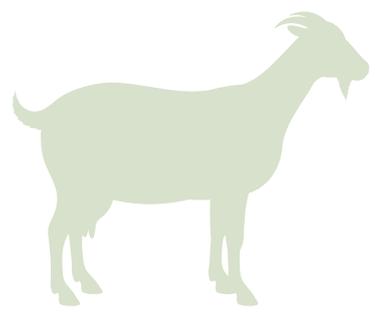
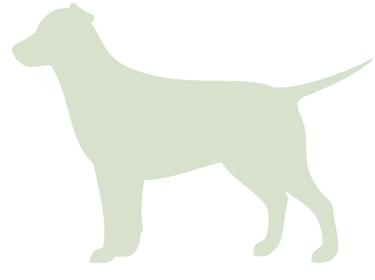
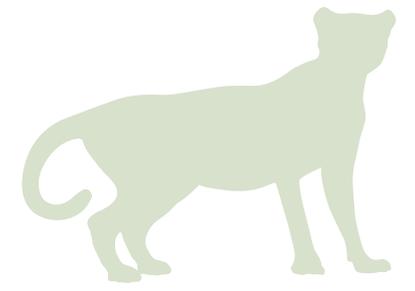
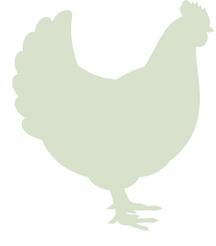
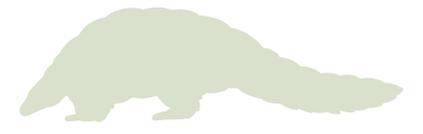
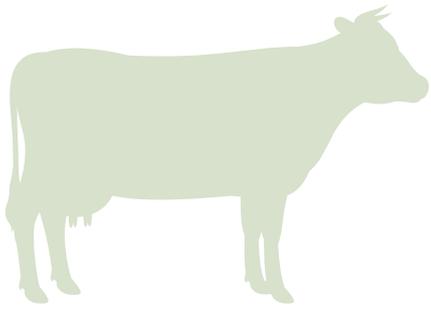
必须加大努力，提高政治家的认识，特别是对投资跨学科监测、检测和预防措施的重要性的认识。当前的危机清楚地表明，不投资于检测、预防和早期响应的代价要大得多。然而，遏制人畜共患疾病的暴发及其影响并不应该停留在国家决策者层面，而是需要在社区、农民以及动物和其他食品的个人消费者层面提高对风险的认识并采取积极的缓解措施。

十项关键政策建议

截至2020年6月，讨论应对新型冠状病毒和新冠肺炎大流行的政策和行动的大多数文件和指南都将重点放在如何预防和治疗这种疾病，或如何保障生计、营养和重建国家和区域经济上。本文着重提供基于“一体化健康”方法的建议。本文提出的建议不仅可以帮助政府、企业和其他行动者应对和减缓未来的疾病暴发，而且可以减少疾病暴发的风险。为此，本文提出了以下十项以科学为基础的政策建议：



- 意识：**在社会各个层面提高对人畜共患疾病和新发疾病风险和预防（视情而定）的认识并增进了解，以建立对减少风险战略的广泛支持。
- 治理：**增加对跨学科方法（包括“一体化健康”观点）的投资；在世界卫生组织（WHO）/联合国粮食及农业组织（FAO）/世界动物卫生组织（OIE）三方合作中加强环境考虑因素的整合。
- 科学：**将科学调查扩大到新型疾病（包括人畜共患疾病）复杂的社会、经济和生态层面，以评估风险并在环境健康、动物健康和人类健康的交叉区域制定干预措施。
- 财政：**改进对新型疾病预防干预措施的成本效益分析，包括对疾病的社会影响（包括干预措施意外后果产生的代价）进行全成本核算，以便优化投资和减少危害。确保拥有持续且资源充足的预警和响应机制。
- 监测和调控：**制定有效手段，监测和调控与人畜共患疾病有关的做法，包括从农场到餐桌的粮食系统（特别是消除疾病暴发的结构性因素）并改进卫生措施，同时考虑到这些粮食系统的营养、文化和社会经济效益。
- 激励：**在（可持续）粮食系统（包括野生生物来源的食物）的激励措施中纳入健康考虑因素。加强和激励管理实践，以控制不可持续的农业实践、野生动物的消费和贸易（包括非法活动）。制定保障粮食安全和生计的替代方案，不依赖于对栖息地和生物多样性的破坏和不可持续利用。
- 生物安全与控制：**确定包括工业化农业生产（集约化畜牧业系统）和小农生产在内的畜牧业新型疾病的主要致病因素。对以生产为主的畜牧业/家畜生产中的生物安全措施进行适当的成本核算，以计入“一体化健康”的总成本中。鼓励工业化和处境不利的小农户和牧民采用行之有效但利用不足的畜牧业管理、生物安全和人畜共患疾病控制措施（例如通过取消对工业化农业生产的补贴和有悖常理的激励措施），并开发可增强多样化小农户制度的健康、机会和可持续性的实践。
- 农业和野生动物栖息地：**支持可加强农业和野生动物可持续共存的陆地景观与海洋景观的综合管理，包括投资于生态农业食物生产方法，以减少浪费和污染，同时减少人畜共患疾病传播的风险。通过加强落实关于栖息地保护和恢复、维持生态连续性、减少栖息地丧失的现有承诺，并将生物多样性价值观纳入政府和私营部门的决策和规划过程，以减少野生动物栖息地的进一步破坏和破碎化。
- 能力建设：**加强世界各国卫生利益攸关方的现有能力并建设新的能力，以改善成果并帮助他们了解人畜共患疾病和其他疾病的人类、动物和环境健康方面。
- 实施“一体化健康”方法：**在土地使用和可持续发展的规划、实施和监测等领域，将“一体化健康”方法充分主流化并加以实施。



参考文献

- United Nations (2020). *A UN framework for the immediate socio-economic response to COVID-19*. United Nations: New York. <https://unsdg.un.org/sites/default/files/2020-04/UN-framework-for-the-immediate-socio-economic-response-to-COVID-19.pdf>
- World Health Organization [WHO] and Secretariat of the Convention on Biological Diversity [CBD] (2015). *Connecting global priorities: Biodiversity and human health – A state of knowledge review*. WHO and CBD: Geneva and Montreal. <https://www.who.int/publications-detail/connecting-global-priorities-biodiversity-and-human-health>
- Convention on Biological Diversity [CBD] (2017). *Guidance on integrating biodiversity consideration into One Health approaches*. CBD/SBSTTA/21/9. <https://www.cbd.int/doc/c/8e34/8c61/a535d23833e68906c8c7551a/sbstta-21-09-en.pdf>
- Woolhouse, M.E.J. and Gowtage-Sequeria, S. (2005). Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerging Infectious Diseases*, 11, 1842–1847. <https://doi.org/10.3201/eid1112.050997>
- Taylor, L.H., Latham, S.M. and Woolhouse, M.E.J. (2001). Risk factors for human disease emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 356(1411), 983–989. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0888>
- Kock, R. (2014). Drivers of disease emergence and spread: Is wildlife to blame? *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 81(2). <http://dx.doi.org/10.4102/ojvr.v8i2.739>
- Grace, D. (2019). Infectious Diseases and Agriculture. *Encyclopedia of Food Security and Sustainability*, 3, 439–447. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.21570-9>
- Johnson, C.K., Hitchens, P.L., Pandit, P. S., Rushmore, J., Evans, T.S., Young, Cristin C.W. and Doyle, M.M. (2020). Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 287(1924), 20192736. <https://doi.org/10.1098/rspb.2019.2736>
- Cleaveland, S., Laurenson, M.K. and Taylor, L.H. (2001). Diseases of humans and their domestic mammals: Pathogen characteristics, host range and the risk of emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 256(1411), 991–999. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0889>
- World Bank (2012). *People, pathogens and our planet: The economics of one health*. Washington DC: The World Bank. <http://hdl.handle.net/10986/11892>
- Cleaveland, S., Sharp, J., Abela-Ridder, B., Allan, K. J., Buza, J., Crump, J.A. et al. (2017). One health contributions towards more effective and equitable approaches to health in low- and middle-income countries. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372, 20160168. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0168>
- Grace, D., Lindahl, J., Wanyoike, F., Bett, B., Randolph, T. and Rich, K.M. (2017). Poor livestock keepers: ecosystem–poverty–health interactions. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372:20160166. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2016.0166>
- Havelaar, A. H., Kirk, M. D., Torgerson, P. R., Gibb, H. J., Hald, T., Lake, R. J. et al. (2015). World Health Organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010. *PLoS Medicine*, 12(12), e1001923. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001923>
- South Africa, National Institute for Communicable Diseases [NICD] (2019). An update on the outbreak of *Listeria monocytogenes*. NICD, South Africa. <http://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2018/08/An-update-on-the-outbreak-of-Listeria-monocytogenes-South-Africa.pdf>
- Kock, R.A., Alders, R. and Wallace, R. (2012). Wildlife, wild food, food security and human society. In: *Animal Health and Biodiversity - Preparing for the Future. Illustrating Contributions to Public Health*, 71–79. Compendium of the OIE Global Conference on Wildlife, 23–25 February 2011, Paris, France. <https://www.oie.int/doc/ged/d12062.pdf>
- Wolfe, N.D., Dunavan, C. P. and Diamond, J. (2012). Origins of major human infectious diseases. *Improving Food Safety Through a One Health Approach: Workshop Summary*. Washington DC: National Academies Press (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK114494/>
- Nunn, N. and Qian, N. (2010). The Columbian exchange: A history of disease, food, and ideas. *Journal of Economic Perspectives*, 24(2), 163–88. <https://doi.org/10.1257/jep.24.2.163>
- Doran, P., Carson, J., Costello, E. and More, S. J. (2009). An outbreak of tuberculosis affecting cattle and people on an Irish dairy farm, following the consumption of raw milk. *Irish Veterinary Journal*, 62(390). <https://doi.org/10.1186/2046-0481-62-6-390>
- Headrick, D.R. (2014). Sleeping Sickness Epidemics and Colonial Responses in East and Central Africa, 1900–1940. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(4), e2772. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002772>
- Jones, K.E., Patel, N.G., Levy, M.A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L. and Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181), 990–993. <https://doi.org/10.1038/nature06536>
- Grace, D., Mutua, F., Ochungo, P., Kruska, R., Jones, K., Brierley, L. et al. (2012). *Mapping of poverty and likely zoonoses hotspots*. Zoonoses Project 4. Report to the UK Department for International Development. Nairobi, Kenya: ILRI. <https://hdl.handle.net/10568/21161>
- Wallace, R.G., Gilbert, M., Wallace, R., Pittiglio, C., Mattioli, R. and Kock, R. (2016). Did Ebola emerge in West Africa by a policy-driven phase change in agroecology? In *Neoliberal Ebola*, Wallace, R. and Wallace, R. (eds). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-40940-5_1
- Allen, T., Murray, K.A., Zambrana-Torrel, C., Morse, S.S., Rondinini, C., Di Marco, M., Breit, N., Olival, K.J. and Daszak, P. (2017). Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. *Nature Communications*, 8, 1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00923-8>
- Perry, B.D., Grace, D. and Sones, K. (2011). Livestock and global change special feature: Current drivers and future directions of global livestock disease dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(52), 20871–20877. <https://doi.org/10.1073/pnas.1012953108>
- Jones, B.A., Grace, D., Kock, R., Alonso, S., Rushton, J. and Said, M.Y. (2013). Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110(21), 8399–8404. <https://doi.org/10.1073/pnas.1208059110>
- Hassell, J.M., Begon, M., Ward, M.J. and Fèvre, E.M. (2017). Urbanization and disease emergence: Dynamics at the wildlife–livestock–human interface. *Trends in Ecology and Evolution*, 32(1), 55–67. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2016.09.012>
- Schmidt, C.W. (2009). Swine CAFOs & novel H1N1 flu: Separating facts from fears. *Environmental Health Perspectives*, News, 1 September 2009. <https://doi.org/10.1289/ehp.117-a394>
- Rohr, J.R., Barrett, C. B., Civitello, D. J., Craft, M. E., Delius, B., DeLeo, G. et al. (2019). Emerging human infectious diseases and the links to global food production. *Nature Sustainability*, 2, 445–456. <https://doi.org/10.1038/s41893-019-0293-3>
- Nepstad, D., McGrath, D., Stickler, C., Alencar, A., Azevedo, A., Swette, B. et al. (2014). Slowing Amazon deforestation through public policy and interventions in beef and soy supply chains. *Science*, 344, 1118–1123. <https://doi.org/10.1126/science.1248525>
- Cronin, D.T., Woloszynek, S., Morra, W.A., Honarvar, S., Linder, J. M., Gonder, M.K., O'Connor, M.P. and Hearn, G.W. (2015). Long-term urban market dynamics reveal increased bushmeat carcass volume despite economic growth and proactive environmental legislation on Bioko Island, Equatorial Guinea. *PLoS ONE*, 10(7), e0134464. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134464>
- Tensen, L. (2016). Under what circumstances can wildlife farming benefit species conservation? *Global Ecology and Conservation*, 6, 286–298. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2016.03.007>



32. Allan, B.F., Keesing, F. and Ostfeld, R.S. (2003). Effect of Forest Fragmentation on Lyme Disease Risk. *Conservation Biology*, 17(1), 267–272. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01260.x>
33. Grace, D. and Roesel, K. (2014). *Food Safety and Informal Markets: Animal products in sub-Saharan Africa*. London: Routledge. <https://hdl.handle.net/10568/42438>
34. Grace, D. (2015). Food safety in low and middle income countries. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 12, 10490–10507. <https://doi.org/10.3390/ijerph120910490>
35. Chan, K.H., Peiris, J.S., Lam, S.Y., Poon, L.L., Yuen, K.Y. and Seto, W.H. (2011). The Effects of Temperature and Relative Humidity on the Viability of the SARS Coronavirus. *Advances in Virology*, 2011, 734690. <https://doi.org/10.1155/2011/734690>
36. Khan, N., Fahad, S., Naushad, M. and Muhammad, A. (2020). Climate Impact on Corona Virus in the World (March 25, 2020). SSRN. <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3561155>
37. Naicker, P.R. (2011). The impact of climate change and other factors on zoonotic diseases. *Archives of Clinical Microbiology*, 2(2:4). <https://www.acmicrob.com/microbiology/the-impact-of-climate-change-and-other-factors-on-zoonotic-diseases.pdf>
38. Wells, K. and Clark, N. J. (2019). Host Specificity in Variable Environments. *Trends in Parasitology*, 35(6), 452–465. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2019.04.001>
39. Nava, A., Shimabukuro, J.S., Chmura, A. A. and Luz, S.L.B. (2017). The Impact of Global Environmental Changes on Infectious Disease Emergence with a Focus on Risks for Brazil. *ILAR Journal*, 58(3), 393–400. <https://doi.org/10.1093/ilar/ilx034>
40. Huber, I., Potapova, K., Ammosova, E., Beyer, W., Blagodatskiy, S., Desyatkin, R. et al. (2020). Symposium report: emerging threats for human health—impact of socioeconomic and climate change on zoonosis in the Republic of Sakha (Yakutia), Russia. *International Journal of Circumpolar Health*, 79(1). <https://doi.org/10.1080/22423982.2020.1715698>
41. Barré-Sinoussi, F., Chermann, J.C., Rey, F., Nugeyre, M.T., Chamaret, S., Gruest, J. et al. (1983). Isolation of a T-lymphotropic retrovirus from a patient at risk for acquired immune deficiency syndrome (AIDS). *Science*, 220(4599), 868–871. <https://doi.org/10.1126/science.6189183>
42. Clavel, F., Guyader, M., Guétard, D., Sallé, M., Montagnier, L. and Alizon, M. (1986). Molecular cloning and polymorphism of the human immune deficiency virus type 2. *Nature*, 324(6098), 691–695. <https://doi.org/10.1038/324691a0>
43. Sharp, P.M. and Hahn, B. H. (2010). The evolution of HIV-1 and the origin of AIDS. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365: 2487–2494. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0031>
44. Hirsch, V.M., Olmsted, R.A., Murphey-Corb, M., Purcell, R.H. and Johnson, P.R. (1989). An African primate lentivirus (SIV sm closely related to HIV-2). *Nature*, 339(6223), 389–392. <https://doi.org/10.1038/339389a0>
45. Chen, Z., Luckay, A., Sodora, D. L., Telfer, P., Reed, P., Gettie, A. et al. (1997). Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2) seroprevalence and characterization of a distinct HIV-2 genetic subtype from the natural range of simian immunodeficiency virus-infected sooty mangabey. *Journal of Virology*, 71(5), 3953–3960. <https://doi.org/10.1128/jvi.71.5.3953-3960.1997>
46. Marx, P.A., Li, Y., Lerche, N.W., Sutjipto, S., Gettie, A., Yee, J.A. et al. (1991). Isolation of a simian immunodeficiency virus related to human immunodeficiency virus type 2 from a west African pet sooty mangabey. *Journal of virology*, 65(8), 4480–4485. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC248889/>
47. Hahn, B.H., Shaw, G.M., De Cock, K.M. and Sharp, P.M. (2000). AIDS as a zoonosis: Scientific and public health implications. *Science*, 287(5453), 607–614. <https://doi.org/10.1126/science.287.5453.607>
48. Peeters, M. and Cournaud, V. (2002) 'Overview of primate lentiviruses and their evolution in non-human primates in Africa. In: HIV Sequence Compendium 2002 (Ed by Kiken C, Foley B, Freed E, Hahn B, Korber B, Marx PA, McCutchan F, Mellors, JW, and Wolinsky S.), pp. 2–23. Theoretical Biology and Biophysics Group, Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, NM. LA-UR 03-3564.'
49. Peeters, M., Cournaud, V., Abela, B., Auzel, P., Pourrut, X., Bibollet-Ruche, et al. (2002). Risk to human health from a plethora of Simian immunodeficiency viruses in primate bushmeat. *Emerging Infectious Diseases*, 8(5), 451–457. <https://doi.org/10.3201/eid0805.010522>
50. Keele, B.F., Jones, J.H., Terio, K. A., Estes, J.D., Rudicell, R.S., Wilson, M.L. et al. (2009). Increased mortality and AIDS-like immunopathology in wild chimpanzees infected with SIVcpz. *Nature*, 460, 515–519. <https://doi.org/10.1038/nature08200>
51. Worobey, M., Telfer, P., Souquière, S., Hunter, M., Coleman, C. A., Metzger, M. J. et al. (2010). Island biogeography reveals the deep history of SIV. *Science*, 329(5998), 1487. <https://doi.org/10.1126/science.1193550>
52. Cook, J.K.A., Jackwood, M. and Jones, R.C. (2012). The long view: 40 years of infectious bronchitis research. *Avian Pathology*, 41(3), 239–250. <https://doi.org/10.1080/03079457.2012.680432>
53. Chen, F., Knutson, T.P., Rossow, S., Saif, L.J. and Marthaler, D.G. (2019). Decline of transmissible gastroenteritis virus and its complex evolutionary relationship with porcine respiratory coronavirus in the United States. *Scientific Reports*, 9, 3953. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40564-z>
54. Lee, C. (2015). Porcine epidemic diarrhea virus: An emerging and re-emerging epizootic swine virus. *Virology Journal*. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0421-2>
55. Hilgenfeld, R. and Peiris, M. (2013). From SARS to MERS: 10 years of research on highly pathogenic human coronaviruses. *Antiviral Research*, 100(1), 286–295. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.08.015>
56. Ramadan, N. and Shaib, H. (2019). Middle east respiratory syndrome coronavirus (MERS-COV): A review. *GERMS*. <https://doi.org/10.18683/germs.2019.1155>
57. Lau, S.K., Luk, H.K., Wong, A.C., Li, K.S., Zhu, L., He, Z. et al. (2020). Possible bat origin of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2. *Emerging Infectious Diseases*, 26(7). In press for July 2020. <https://doi.org/10.3201/eid2607.200092>
58. Zhou, P., Yang, X. Lou, Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., et al. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270–273. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>
59. Vijaykrishna, D., Smith, G. J. D., Zhang, J. X., Peiris, J. S. M., Chen, H. and Guan, Y. (2007). Evolutionary Insights into the Ecology of Coronaviruses. *Journal of Virology*. <https://doi.org/10.1128/jvi.02605-06>
60. Luis, A.D., Hayman, D.T.S., O'Shea, T.J., Cryan, P.M., Gilbert, A.T., Pulliam, J.R. et al. (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). <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.2753>
61. Kunz, T.H., de Torre, E.B., Bauer, D., Lobova, T. and Fleming, T.H. (2011). Ecosystem services provided by bats. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1223(1), 1–38. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06004.x>
62. Wang, W., Yang, L., Wronski, T., Chen, S., Hu, Y. and Huang, S. (2019). Captive breeding of wildlife resources—China's revised supply-side approach to conservation. *Wildlife Society Bulletin*, 43(3), 425–435. <https://doi.org/10.1002/wsb.988>
63. Shaip, R., Verissimo, D., Fraser, I., Challender, D. and Macmillan, D. (2016). Understanding urban demand for wild meat in Vietnam: Implications for conservation actions. *PLoS ONE*, 11(1), e0134787. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134787>
64. Farag, E., Sikkema, R. S., Vinks, T., Islam, M. M., Nour, M., Al-Romaihi, H. et al. (2018). Drivers of MERS-CoV Emergence in Qatar. *Viruses*, 11(22). <https://doi.org/10.3390/v11010022>
65. Hu, B., Zeng, L. P., Yang, X. Lou, Ge, X. Y., Zhang, W. et al. (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. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006698>
66. Huang, C., Wang, Y., Li, X., Ren, L., Zhao, J., Hu, Y. et al. (2020). Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 395, 497–506. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
67. Webster, R.G. (2004). Wet markets - A continuing source of severe acute respiratory syndrome and influenza? *The Lancet*, 363(9404), 234–236. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(03\)15329-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(03)15329-9)
68. Kock, R.A., Karesh, W.B., Veas, F., Velavan, T. P., Simons, D., Mboera, L.E.G. et al. (2020). 2019-nCoV in context: lessons learned? *The Lancet Planetary Health*, 4(3), e87–e88. [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(20\)30035-8](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(20)30035-8)

69. Ribeiro, J., Bingre, P., Strubbe, D. and Reino, L. (2020). Coronavirus: why a permanent ban on wildlife trade might not work in China. *Nature Correspondence*, 11 February 2020. <https://doi.org/10.1038/d41586-020-00377-x>
70. Food and Agriculture Organization of the United Nations (2020). *Global Forest Resources Assessment 2020*. Rome: FAO. <https://doi.org/10.4060/ca8753en>
71. Wilcox, B.A. and Ellis, B. (2006). Forests and emerging infectious diseases of humans. *Unasylva*, 224(57), 11-19. <http://www.fao.org/tempref/docrep/fao/009/a0789e/a0789e03.pdf>
72. Steiger, D.B., Ritchie, S. A. and Laurance, S. G. W. (2016) Mosquito communities and disease risk influenced by land use change and seasonality in the Australian tropics. *Parasites and Vectors*, 9(1), 387. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1675-2>.
73. Mills, J.N. (2006). Biodiversity loss and emerging infectious disease: An example from the rodent-borne hemorrhagic fevers. *Biodiversity*, 7(1), 9–17. <https://doi.org/10.1080/14888386.2006.9712789>
74. Friggens, M.M. and Beier, P. (2010). Anthropogenic disturbance and the risk of flea-borne disease transmission. *Oecologia*, 164(3), 809–820. <https://doi.org/10.1007/s00442-010-1747-5>
75. Zimmer, K. (2019). Deforestation is leading to more infectious diseases in humans, 22 November 2019. <https://www.nationalgeographic.com/science/2019/11/deforestation-leading-to-more-infectious-diseases-in-humans/>
76. Ostfeld, R.S. (2009). Biodiversity loss and the rise of zoonotic pathogens. *Clinical Microbiology and Infection*, 15, Suppl 1:40-3. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02691.x>
77. Faust, C.L., Dobson, A.P., Gottdenker, N., Bloomfield, L.S.P., McCallum, H.I., Gillespie, T.R. et al. (2017). Null expectations for disease dynamics in shrinking habitat: Dilution or amplification? *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372, 20160173. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0173>
78. Olival, K. J., Hosseini, P. R., Zambrana-Torrel, C., Ross, N., Bogich, T. L. and Daszak, P. (2017). Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature*, 546, 646–650. <https://doi.org/10.1038/nature22975>
79. Köndgen, S., Kühl, H., N'Goran, P.K., Walsh, P.D., Schenk, S., Ernst, N. et al. (2008). Pandemic human viruses cause decline of endangered great apes. *Current Biology*, 18, 260-264. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.01.012>
80. Patrono, L.V., Samuni, L., Corman, V. M., Nourifar, L., Röthemer, C., Wittig, et al. (2018). Human coronavirus OC43 outbreak in wild chimpanzees, Côte d'Ivoire, 2016. *Emerging Microbes & Infections*. Nature Publishing Group, 7(1), 1–4. <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0121-2>
81. Gillespie, T.R., Ahouka, S., Ancrenaz, M., Bergl, R. Calvignac-Spencer, S., Couacy-Hymann, E., Deschner, T., Düx, A., Fuh-Neba, T., Gogarten, J.F., Herlinger, I., Kalema-Zikusoka, G., Kone, I., Lonsdorf, E.V., Lumbu Banza, C.-P., Makoutoutou Nzassi, P., Raphael, J., Mjungu, D.C., Patrono, L.V., Refisch, J., Robbins, M., Rwego, I.B., Surbeck, M., Wich, S., Wittig, R., Travis, D., Leendertz, F. (2020). COVID-19: protect great apes during human pandemics. Supplementary information (The Great Ape Health Consortium). *Nature correspondence* (579):497. <https://doi.org/10.1038/d41586-020-00859-y> <https://doi.org/10.1038/d41586-020-00859-y>
82. Gilardi, K.V., Gillespie, T.R., Leendertz, F.H., Macfie, E.J., Travis, D.A., Whittier, et al. (2015). *Best Practice Guidelines for Health Monitoring and Disease Control in Great Ape Populations*. IUCN SSC Primate Specialist Group, Gland, Switzerland. <https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/SSC-OP-056.pdf>
83. Macfie, E.J. and Williamson, E.A. (2010). *Best practice guidelines for great ape tourism*. Gland, Switzerland: IUCN/SSC Primate Specialist Group. <https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/SSC-OP-038.pdf>
84. Olivero, J., Fa, J. E., Real, R., Márquez, A. L., Farfán, M. A., Vargas, et al. (2017). Recent loss of closed forests is associated with Ebola virus disease outbreaks. *Scientific Reports*, 7, 14291. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14727-9>
85. Rulli, M.C., Santini, M., Hayman, D.T.S. and D'Odorico, P. (2017). The nexus between forest fragmentation in Africa and Ebola virus disease outbreaks. *Scientific Reports*, 7, 41613. <https://doi.org/10.1038/srep41613>
86. Leroy, E.M., Rouquet, P., Formenty, P., Souquière, S., Kilbourne, A., Froment, J.-M. et al. (2004). Multiple Ebola Virus Transmission Events and Rapid Decline of Central African Wildlife. *Science*, 303(5656), 387–390. <https://doi.org/10.1126/science.1092528>
87. Walsh, P.D., Abernethy, K.A., Bermejo, M., Beyers, R., De Wachter, P., Akou, M.E. et al. (2003). Catastrophic ape decline in western equatorial Africa. *Nature*, 422,611-614. <https://doi.org/10.1038/nature01566>
88. Zohdy, S., Schwartz, T.S. and Oaks, J.R. (2019). The Coevolution Effect as a Driver of Spillover. *Trends in Parasitology*, 35(6), 399–408. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2019.03.010>
89. Keesing, F., Belden, L.K., Daszak, P., Dobson, A., Harvell, C. D., Holt, R.D. et al. (2010). Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature*, 468, 647-652. <https://doi.org/10.1038/nature09575>
90. Albery, G.F., Eskew, E.A., Ross, N. and Olival, K.J. (2020). Predicting the global mammalian viral sharing network using phylogeography. *Nature Communications*, 11, 2260. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16153-4>
91. Karesh, W.B., Cook, R. A., Bennett, E. L. and Newcomb, J. (2005). Wildlife trade and global disease emergence. *Emerging Infectious Diseases*, 11(7), 1000-1002. <https://doi.org/10.3201/eid1107.050194>
92. Coad, L., Fa, J.E., Van Vliet, N., Abernethy, K., Santamaria, C., Wilkie, D., Cawthorn, D.-M. and Nasi, R. (2019). *Towards a sustainable, participatory and inclusive wild meat sector*. Bogor, Indonesia: CIFOR. <https://doi.org/10.17528/cifor/007046>
93. Nasi, R., Taber, A. and Van Vliet, N. (2011). Empty forests, empty stomachs? Bushmeat and livelihoods in the Congo and Amazon Basins. *International Forestry Review*, 13(3), 355-368. <https://doi.org/10.1505/146554811798293872>
94. Fa, J.E., Currie, D. and Meeuwig, J. (2003). Bushmeat and food security in the Congo Basin: Linkages between wildlife and people's future. *Environmental Conservation*. <https://doi.org/10.1017/S0376892903000067>
95. Nielsen, M. R., Meilby, H., Smith-Hall, C., Pouliot, M. and Treue, T. (2018). The Importance of Wild Meat in the Global South. *Ecological Economics*, 146, 696-705. <https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2017.12.018>
96. Convention on the Conservation of Migratory Species of Wild Animals [CMS] (2017). *Aquatic Wild Meat (Prepared by the Aquatic Mammals Working Group of the Scientific Council and the Secretariat)*. UNEP/CMS/COP12/Doc.24.2.3/Rev.1. https://www.cms.int/sites/default/files/document/cms_cop12_doc.24.2.3_rev1_aquatic-wild-meat_e.pdf
97. Altizer, S., Bartel, R. and Han, B.A. (2011). Animal migration and infectious disease risk. *Science*, 331(6015), 296-302. <https://doi.org/10.1126/science.1194694>
98. Hall, R.J., Altizer, S. and Bartel, R.A. (2014). Greater migratory propensity in hosts lowers pathogen transmission and impacts. *Journal of Animal Ecology*, 83, 1068-1077. <https://doi.org/10.1111/1365-2656.12204>
99. McKay, F. A. and Hoye, B. J. (2016). Are Migratory Animals Superspreaders of Infection? *Integrative and Comparative Biology*, 260–267. <https://doi.org/10.1093/icb/icw054>
100. Convention on the Conservation of Migratory Species of Wild Animals [CMS] (2020). *Review of the Conservation Status of Migratory Species (Prepared for the Secretariat, in consultation with the Scientific Council)*. UNEP/CMS/COP13/Doc.24/Rev.1. https://www.cms.int/sites/default/files/document/cms_cop13_doc.24_rev.1_review-conservation-status-migratory-species_e.pdf
101. Wilkinson, D.A., Marshall, J.C., French, N.P. and Hayman, D.T. (2018). Habitat fragmentation, biodiversity loss and the risk of novel infectious disease emergence. *Journal of the Royal Society Interface*, 15, 20180403. <https://doi.org/10.1098/rsif.2018.0403>
102. Convention on Biological Diversity (2018). Recommendation adopted by the subsidiary body on scientific, technical and technological advice: XXI/2. Sustainable wildlife management: guidance for a sustainable wild meat sector. CBD/SBSTTA/REC/XXI/2, 14 December 2017. <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-07-en.pdf>
103. World Bank. (2017). *World Bank Annual Report 2017*. Washington DC: The World Bank. <https://doi.org/10.1596/1978-1-4648-1119-7>
104. Wicander, S. and Coad, L. (2018). Can the Provision of Alternative Livelihoods Reduce the Impact of Wild Meat Hunting in West and Central Africa? *Conservation and Society*, 16(4), 441-458. https://doi.org/10.4103/cs.cs_17_56

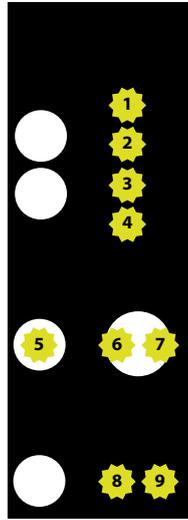


105. De Merode, E., Homewood, K. and Cowlshaw, G. (2004). The value of bushmeat and other wild foods to rural households living in extreme poverty in Democratic Republic of Congo. *Biological Conservation*, 118(5), 573-581. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2003.10.005>
106. Mbete, R.A., Banga-Mboko, H., Racey, P., Mfoukou-Ntsakala, A., Nganga, I., Vermeulen, C. et al. (2011). Household bushmeat consumption in Brazzaville, the republic of the Congo. *Tropical Conservation Science*, 4(2), 187-202. <https://doi.org/10.1177/194008291100400207>
107. South Africa, Department of Environmental Affairs (2019). *Biodiversity Economy-Game Meat*. Brochure. Department of Environmental Affairs, Government of South Africa. Pretoria, South Africa. https://www.environment.gov.za/sites/default/files/docs/publications/biodiversityeconomy_gamemeat.pdf
108. International Institute for Environment and Development (1995). *The Hidden Harvest – The value of wild resources in agricultural systems: a project summary*. London. <https://pubs.iied.org/pdfs/6135IIED.pdf>
109. Hoffman, L.C. and Cawthorn, D.M. (2012). What is the role and contribution of meat from wildlife in providing high quality protein for consumption? *Animal Frontiers*, 2(4), 40-53. <https://doi.org/10.2527/af.2012-0061>
110. Lindsey, P. (2011). An analysis of game meat production and wildlife-based land uses on freehold land in Namibia: Links with food security. *TRAFFIC East/Southern Africa*, Harare, Zimbabwe. <https://www.traffic.org/publications/reports/an-analysis-of-game-meat-production-and-wildlife-based-land-uses-on-freehold-land-in-namibia-links-with-food-security/>
111. White, P.A. and Belant, J.L. (2015). Provisioning of game meat to rural communities as a benefit of sport hunting in Zambia. *PLoS ONE*, 10(2): e0117237. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117237>
112. TRAFFIC (2020). *Wildlife Trade, COVID 19, and zoonotic disease risks*. Cambridge, UK. <https://www.traffic.org/site/assets/files/12764/covid-19-briefing-vfinal.pdf>
113. Johnson, C.K., Hitchens, P.L., Evans, T.S., Goldstein, T., Thomas, K., Clements, A. et al. (2015). Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports*, 5, 14830. <https://doi.org/10.1038/srep14830>
114. Subramanian, M. (2012). Zoonotic disease risk and the bushmeat trade: Assessing awareness among hunters and traders in Sierra Leone. *EcoHealth*, 9, 471-482. <https://doi.org/10.1007/s10393-012-0807-1>
115. LeBreton, M., Prosser, A. T., Tamoufe, U., Sateren, W., Mpoudi-Ngole, E., Diffo, J.L. et al. (2006) Patterns of bushmeat hunting and perceptions of disease risk among central African communities. *Animal Conservation*. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2006.00030.x>
116. Wolfe, N.D., Heneine, W., Carr, J.K., Garcia, A.D., Shanmugam, V., Tamoufe, U. et al. (2005). Emergence of unique primate T-lymphotropic viruses among central African bushmeat hunters. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(22), 7994-7999. <https://doi.org/10.1073/pnas.0501734102>
117. Wolfe, N.D., Switzer, W.M., Carr, J.K., Bhullar, V.B., Shanmugam, V., Tamoufe, U. et al. (2004). Naturally acquired simian retrovirus infections in central African hunters. *The Lancet*, 363(9413), 932-937. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(04\)15787-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(04)15787-5)
118. Aghokeng, A.F., Ayouba, A., Mpoudi-Ngole, E., Loul, S., Liegeois, F., Delaporte, E. and Peeters, M. (2010). Extensive survey on the prevalence and genetic diversity of SIVs in primate bushmeat provides insights into risks for potential new cross-species transmissions. *Infection, Genetics and Evolution*, 10(3), 386-396. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.04.014>
119. Leendertz, S.A.J., Gogarten, J.F., Düx, A., Calvignac-Spencer, S. and Leendertz, F.H. (2016). Assessing the evidence supporting fruit bats as the primary reservoirs for ebola viruses. *EcoHealth*, 13(1), 18-25. <https://doi.org/10.1007/s10393-015-1053-0>
120. Can, Ö.E., D’Cruze, N. and Macdonald, D.W. (2019). Dealing in deadly pathogens: Taking stock of the legal trade in live wildlife and potential risks to human health. *Global Ecology and Conservation*, 17, e00515. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2018.e00515>
121. Katani, R., Schilling, M.A., Lyimo, B., Tonui, T., Cattadori, I.M., Eblate, E. et al. (2019). Microbial diversity in bushmeat samples recovered from the Serengeti ecosystem in Tanzania. *Scientific Reports*, 9(1), 18086. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53969-7>
122. Greatorex, Z. F., Olson, S. H., Singhalath, S., Silithammavong, S., Khamvavong, K., Fine, A.E. et al. (2016). Wildlife trade and human health in Lao PDR: An assessment of the zoonotic disease risk in markets. *PLoS ONE*, 11(3): e0150666. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0150666>
123. Pavlin, B.I., Schloegel, L.M. and Daszak, P. (2009). Risk of importing zoonotic diseases through wildlife trade, United States. *Emerging Infectious Diseases*, 15(11), 1721-1726. <https://dx.doi.org/10.3201/eid1511.090467>
124. Bernard, S.M. and Anderson, S.A. (2006). Qualitative assessment of risk for monkeypox associated with domestic trade in certain animal species, United States. *Emerging Infectious Diseases*, 12(12), 1827-1833. <https://doi.org/10.3201/eid1212.060454>
125. United States of America, Centers for Disease Control and Prevention (2018). Multistate Outbreak of *Salmonella* Agbeni Infections Linked to Pet Turtles, 2017. Accessed 18 May 2020. <https://www.cdc.gov/salmonella/agbeni-08-17/index.html>
126. PREDICT (2016). *UC Davis School of Veterinary Medicine*. Yellow Fever In Bolivian Howler Monkeys. [online] Available at: <<https://ccah.vetmed.ucdavis.edu/areas-study/genetics/information-impacts>> [Accessed 19 May 2020].
127. Grace, D. (2014). The business case for one health. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 81(2). <https://doi.org/10.4102/ojvr.v8i12.725>
128. Harrison, S., Kivuti-Bitok, L., Macmillan, A. and Priest, P. (2019). EcoHealth and One Health: A theory-focused review in response to calls for convergence. *Environment International*, 132, 105058. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.105058>
129. Lerner, H. and Berg, C.A. (2017). Comparison of Three Holistic Approaches to Health: One Health, EcoHealth, and Planetary Health. *Frontiers in Veterinary Science*, 4, 163. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00163>
130. Zinsstag, J. (2012). Convergence of ecohealth and one health. *EcoHealth*, 9, 371-373. <https://doi.org/10.1007/s10393-013-0812-z>
131. World Organization for Animal Health. (2008). *A Strategic Framework for Reducing Risks of Infectious Diseases at the Animal-Human-Ecosystems Interface*. OIE, Paris. <https://www.oie.int/doc/ged/D5720.PDF>
132. FAO-OIE-WHO Collaboration (2010). *Sharing Responsibilities and Coordinating global activities to address health risks at the animal-human-ecosystems interfaces: A Tripartite Concept Note*. World Health Organisation. https://www.who.int/influenza/resources/documents/tripartite_concept_note_hanoi/en/
133. Convention on Biological Diversity (2018). Decision adopted by the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity: 14/4. Health and biodiversity. CBD/COP/DEC/14/4, 30 November 2018. <https://www.cbd.int/doc/decisions/cop-14/cop-14-dec-04-en.pdf>
134. Musoke, D., Ndejjo, R., Atusingwize, E. and Halage, A. A. (2016). The role of environmental health in One Health: A Uganda perspective. *One Health*, 2, 157-160. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2016.10.003>
135. Cork, S., Hall, D. and Liljebjelke, K. (2016) *One Health case studies: Addressing complex problems in a changing world*. Sheffield: SM Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1111/avj.12699>
136. Alexander, K.A., Sanderson, C.E., Marathe, M., Lewis, B.L., Rivers, C.M., Shaman, J. et al. (2015). What factors might have led to the emergence of ebola in West Africa? *PLoS Neglected Tropical Diseases*, e0003652. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003652>
137. Grace, D. (2020). Animal disease research: Key issues. *Engineering*, 6(1), 8-9. <https://doi.org/10.1016/j.eng.2019.11.005>
138. Amuguni, H.J., Mazan, M. and Kibuuka, R. (2017). Producing Interdisciplinary competent professionals: Integrating One Health core competencies into the veterinary curriculum at the University of Rwanda. *Journal of Veterinary Medical Education*, 44(4), 649-659. <https://doi.org/10.3138/jvme.0815-133R>
139. Friedson-Ridenour, S., Dutcher, T.V., Calderon, C., Brown, L.D. and Olsen, C.W. (2019). Gender Analysis for One Health: Theoretical Perspectives and Recommendations for Practice. *EcoHealth*, 16(2), 306-316. <https://doi.org/10.1007/s10393-019-01410-w>
140. Baum, S.E., Machalaba, C., Daszak, P., Salerno, R.H. and Karesh, W.B. (2017). Evaluating one health: Are we demonstrating effectiveness? *One Health*, 3, 5-10. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2016.10.004>

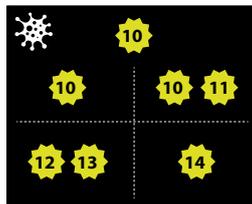
141. Grace, D. and McDermott, J. (2011). Livestock epidemics. In *Routledge Handbook of Hazards and Disaster Risk Reduction*. Wisner, B., Gaillard, J., and Kelman, I. (eds). London: Routledge. Chapter 31, 372–383.
142. Kavle, J. A., El-Zanaty, F., Landry, M. and Galloway, R. (2015). The rise in stunting in relation to avian influenza and food consumption patterns in Lower Egypt in comparison to Upper Egypt: Results from 2005 and 2008 Demographic and Health Surveys. *BMC Public Health*, 15(1), 285. <https://doi.org/10.1186/s12889-015-1627-3>
143. Weber, D.S., Mandler, T., Dyck, M., De Groot, P.J.V.C., Lee, D.S. *et al.* (2015). Unexpected and undesired conservation outcomes of wildlife trade bans—An emerging problem for stakeholders?. *Global Ecology and Conservation*, 3, 389-400. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2015.01.006>
144. Falzon, L.C., Alumasa, L., Amana, F., Kangethe, E.K., Kariuki, S., Momanyi, K. *et al.* (2019). One Health in action: Operational aspects of an integrated surveillance system for zoonoses in western Kenya. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 252. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00252>
145. Anderson, T., Capua, I., Dauphin, G., Donis, R., Fouchier, R., Mumford, E. *et al.* (2010). FAO-OIE-WHO Joint Technical Consultation on Avian Influenza in the Human-Animal Interface. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, 4(Suppl 1), 1-29. <https://doi.org/10.1111/j.1750-2659.2009.00114.x>
146. Wilcox, B.A. and Gubler, D.J. (2005). Disease ecology and the global emergence of zoonotic pathogens. *Environmental Health and Preventive Medicine*, 10(5), 263-272. <https://doi.org/10.1007/BF02897701>
147. Bett, B. 2019. Co-infection with Rift Valley fever virus, *Brucella* spp. and *Coxiella burnetii* in humans and animals in Kenya: Disease burden and ecological factors. Presented at the inaugural workshop of a bio-surveillance project on Rift Valley fever, brucellosis and Q fever, Nairobi, Kenya, 3 September 2019. Nairobi, Kenya: ILRI. <https://www.ilri.org/research/projects/co-infection-rift-valley-fever-virus-brucella-spp-and-coxiella-burnetii-humans-and>
148. HLPE (2016). *Sustainable agricultural development for food security and nutrition: what roles for livestock?* A report by the High Level Panel of Experts on Food Security and Nutrition of the Committee on World Food Security. Rome. <http://www.fao.org/3/a-i5795e.pdf>
149. Kluser, S. and Peduzzi, P. (2007). Global pollinator decline: A Literature Review. *UNEP/GRID-Europe*. https://unepgrid.ch/storage/app/media/legacy/37/Global_pollinator_decline_literature_review_2007.pdf
150. The Great Apes Survival Partnership [GRASP] (2016). *Ebola and Great Apes*. United Nations Educational, Scientific & Cultural Organization and United Nations Environment Programme: Paris and Nairobi. <https://www.un-grasp.org/wp-content/uploads/2018/07/GRASPEbolaGreatApes-eng-min.pdf>
151. Rimi, N. A., Sultana, R., Ishtiaq-Ahmed, K., Rahman, M. Z., Hasin, M., Islam, M.S. *et al.* (2016). Understanding the failure of a behavior change intervention to reduce risk behaviors for avian influenza transmission among backyard poultry raisers in rural Bangladesh: A focused ethnography. *BMC Public Health*, 16(1), 858 <https://doi.org/10.1186/s12889-016-3543-6>
152. Mutua, E.N., Bukachi, S.A., Bett, B.K., Estambale, B.A. and Nyamongo, I.K. (2017). “We do not bury dead livestock like human beings”: Community behaviors and risk of Rift Valley Fever virus infection in Baringo County, Kenya. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 11(5), e0005582. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005582>
153. Ouma, E., Dione, M., Birungi, R., Lule, P., Mayega, L. and Dizyee, K. (2018). African swine fever control and market integration in Ugandan peri-urban smallholder pig value chains: an ex-ante impact assessment of interventions and their interaction. *Preventive Veterinary Medicine*, 151, 29-39. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2017.12.010>
154. Furmanski, M. (2014). *Threatened pandemics and laboratory escapes: Self-fulfilling prophecies*. Bulletin of the Atomic Scientists, 31 March 2014. <https://thebulletin.org/2014/03/threatened-pandemics-and-laboratory-escapes-self-fulfilling-prophecies/#>
155. Siengsan-Lamont, J. and Blacksell, S.D. (2018). A Review of Laboratory-Acquired Infections in the Asia-Pacific: Understanding Risk and the Need for Improved Biosafety for Veterinary and Zoonotic Diseases. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 3(2), 36. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed3020036>
156. Welburn, S.C., Beange, I., Ducrotoy, M.J. and Okello, A.L. (2015). The neglected zoonoses—the case for integrated control and advocacy. *Clinical Microbiology and Infection*, 21(5), 433-443. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.04.011>
157. Bett, B., Lindahl, J. and Delia, G. (2019). Climate change and infectious livestock diseases: The case of Rift Valley fever and tick-borne diseases. In *The Climate-Smart Agriculture Papers*. Rosenstock T., Nowak A., Girvetz E. (eds). Springer, Cham. 29-37. https://doi.org/10.1007/978-3-319-92798-5_3
158. Pike, B.L., Saylor, K.E., Fair, J.N., LeBreton, M., Tamoufe, U. *et al.* (2010). The origin and prevention of pandemics. *Clinical Infectious Diseases*, 50(12), 1636-1640. <https://doi.org/10.1086/652860>
159. World Health Organisation [WHO] (2016). *The International Health Regulations (2005) Third edition*. International Organizations Law Review. Geneva, Switzerland: WHO Press. <https://www.who.int/ihr/publications/9789241580496/en/>
160. Liverani, M., Waage, J., Barnett, T., Pfeiffer, D.U., Rushton, J., Rudge, J.W. *et al.* (2013). Understanding and managing zoonotic risk in the new livestock industries. *Environmental Health Perspectives*, 121(8), 873-877. <https://doi.org/10.1289/ehp.1206001>
161. Wicander, S. and Coad, L. (2015). *Learning our lessons: a review of alternative livelihood projects in Central Africa*. Gland: IUCN. <https://doi.org/10.13140/2.1.2993.7287>
162. Wright, J.H., Hill, N.A., Roe, D., Rowcliffe, J.M., Kumpel, N.F., Day, M. *et al.* (2016). Reframing the concept of alternative livelihoods. *Conservation Biology*, 30(1), 7-13. <https://doi.org/10.1111/cobi.12607>
163. Zinsstag, J., Schelling, E., Roth, F., Bonfio, B., De Savigny, D. and Tanner, M. (2007). Human benefits of animal interventions for zoonosis control. *Emerging Infectious Diseases*, 13(4), 527. <https://doi.org/10.3201%2Feid1304.060381>
164. Meyer, A., Holt, H.R., Selby, R. and Guitian, J. (2016). Past and ongoing tsetse and animal trypanosomiasis control operations in five African countries: a systematic review. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(12), e0005247. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005247>
165. Molyneux, D., Hallaj, Z., Keusch, G.T., McManus, D.P., Ngowi, H., Cleaveland, S. *et al.* (2011). Zoonoses and marginalised infectious diseases of poverty: where do we stand? *Parasites & Vectors*, 4(1), 106. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-4-106>
166. Berthe, F.C.J., Bouley, T., Karesh, W.B., Legall, F.G., Machalaba, C.C., Plante, C.A. and Seifman, R.M. (2018). *Operational framework for strengthening human, animal and environmental public health systems at their interfaces*. Washington DC: World Bank Group. <http://documents.worldbank.org/curated/en/703711517234402168/Operational-framework-for-strengthening-human-animal-and-environmental-public-health-systems-at-their-interface>
167. Karesh, W.B., Dobson, A., Lloyd-Smith, J.O., Lubroth, J., Dixon, M.A., Bennett, M. *et al.* (2012). Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories. *The Lancet*, 380(9857), 1936–1945. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(12\)61678-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(12)61678-X)



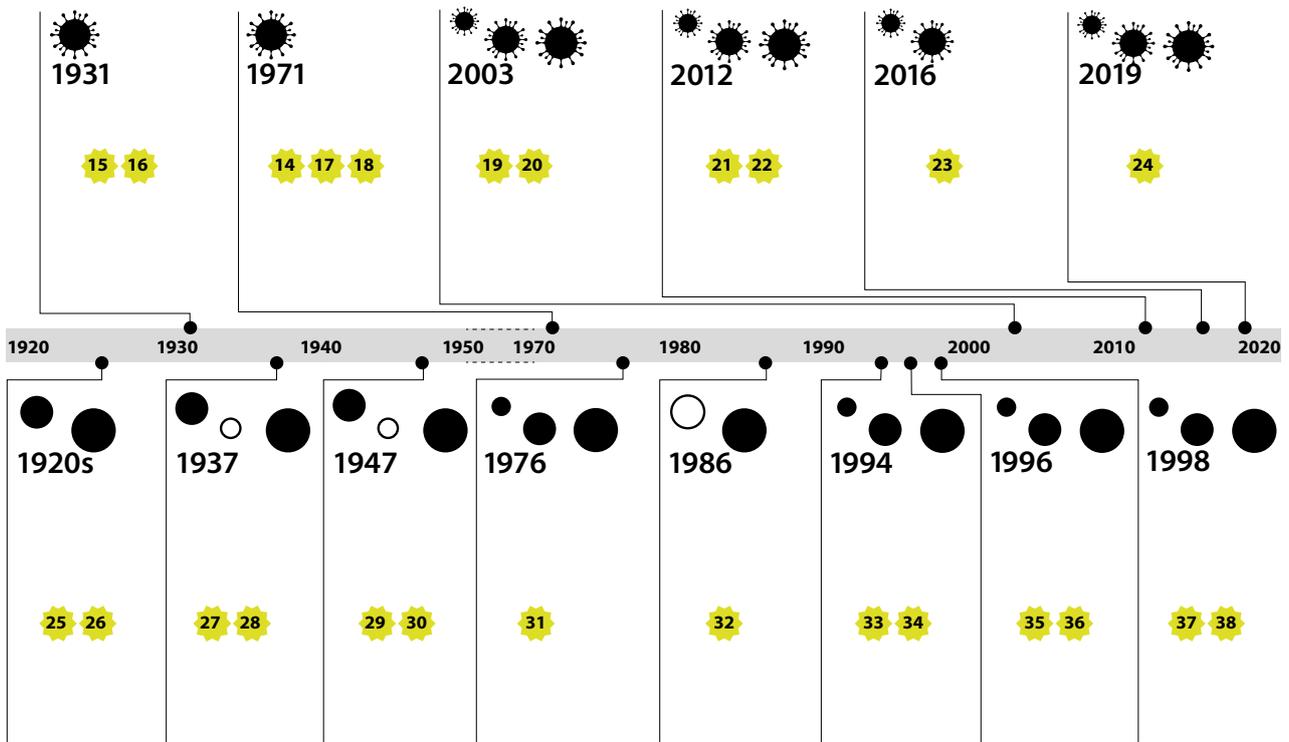
图片参考文献



1. Van Bortel, T., Basnayake, A., Wurie, F., Jambai, M., Koroma, A.S., Muana, A.T. *et al.* (2016). Psychosocial effects of an Ebola outbreak at individual, community and international levels. *Bulletin of the World Health Organization*, 94(3), 210. <https://doi.org/10.2471/BLT.15.158543>
2. The World Bank (2016). *2014-2015 West Africa Ebola crisis: Impact update*. The World Bank, Washington DC. <http://pubdocs.worldbank.org/en/297531463677588074/Ebola-Economic-Impact-and-Lessons-Paper-short-version.pdf>
3. Rice, M.E., Galang, R.R., Roth, N.M., Ellington, S.R., Moore, C.A., Valencia-Prado, M. *et al.* (2018). Vital Signs: Zika-Associated Birth Defects and Neurodevelopmental Abnormalities Possibly Associated with Congenital Zika Virus Infection — U.S. Territories and Freely Associated States, 2018. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 67(31), 858-867. <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm6731e1>
4. United Nations Development Programme (2017). *A Socio-economic Impact Assessment of the Zika Virus in Latin America and the Caribbean: with a focus on Brazil, Colombia and Suriname*. UNDP, New York. <https://www.ifrc.org/Global/Photos/Secretariat/201702/UNDP-Zika-04-03-2017-English-WEB.pdf>
5. Anyamba, A., Chretien, J., Britch, S.C., Soebiyanto, R.P., Small, J.L., Jepsen, R. *et al.* (2019). Global Disease Outbreaks Associated with the 2015–2016 El Niño Event. *Scientific Report*, 9(1930). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-38034-z>
6. Hueffer, K., Drown, D., Romanovsky, V. and Hennessy, T. (2020). Factors contributing to anthrax outbreaks in the Circumpolar North. *EcoHealth*, 17, 174–180. <https://doi.org/10.1007/s10393-020-01474-z>
7. Walsh, M.G., de Smalen, A.D. and Mor, S.M. (2018). Climatic influence on anthrax suitability in warming northern latitudes. *Scientific Reports*, 8, 9269. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-27604-w>
8. World Health Organization (2017). 10 facts about neurocysticercosis. April 2017. Accessed 3 June 2020. <https://www.who.int/features/factfiles/neurocysticercosis/en/>
9. World Health Organization (2020). Neglected tropical diseases. Accessed 3 June 2020. https://www.who.int/neglected_diseases/diseases/zoonoses_figures/en/



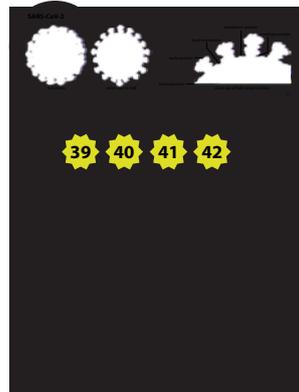
10. Cui, J., Li, F. and Shi, Z.L. (2019). Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nature Reviews Microbiology*, 17(3), 181-192. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>
11. Hu, B., Ge, X., Wang, L. and Shi, Z. (2015). Bat origin of human coronaviruses. *Virology Journal*, 12, 221. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0422-1>
12. Woo, P.C., Lau, S.K., Lam, C.S., Tsang, A.K., Hui, S-W., Fan, R.Y. *et al.* (2013). Discovery of a Novel Bottlenose Dolphin Coronavirus Reveals a Distinct Species of Marine Mammal Coronavirus in Gammacoronavirus. *Journal of Virology*, 88(2), 1318-1331. <https://doi.org/10.1128/JVI.02351-13>
13. Franzo, G., Massi, P., Tucciarone, C.M., Barbieri, I., Tosi, G., Fiorentini, L. *et al.* (2017). Think globally, act locally: Phylogenetic reconstruction of infectious bronchitis virus (IBV) QX genotype (GI-19 lineage) reveals different population dynamics and spreading patterns when evaluated on different epidemiological scales. *PLoS ONE*, 12(9): e0184401. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184401>
14. Wang, Q., Vlasova, A.N., Kenney, S.P. and Saif, L.J. (2019). Emerging and re-emerging coronaviruses in pigs. *Current Opinion in Virology*, 34, 39–49. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2018.12.001>



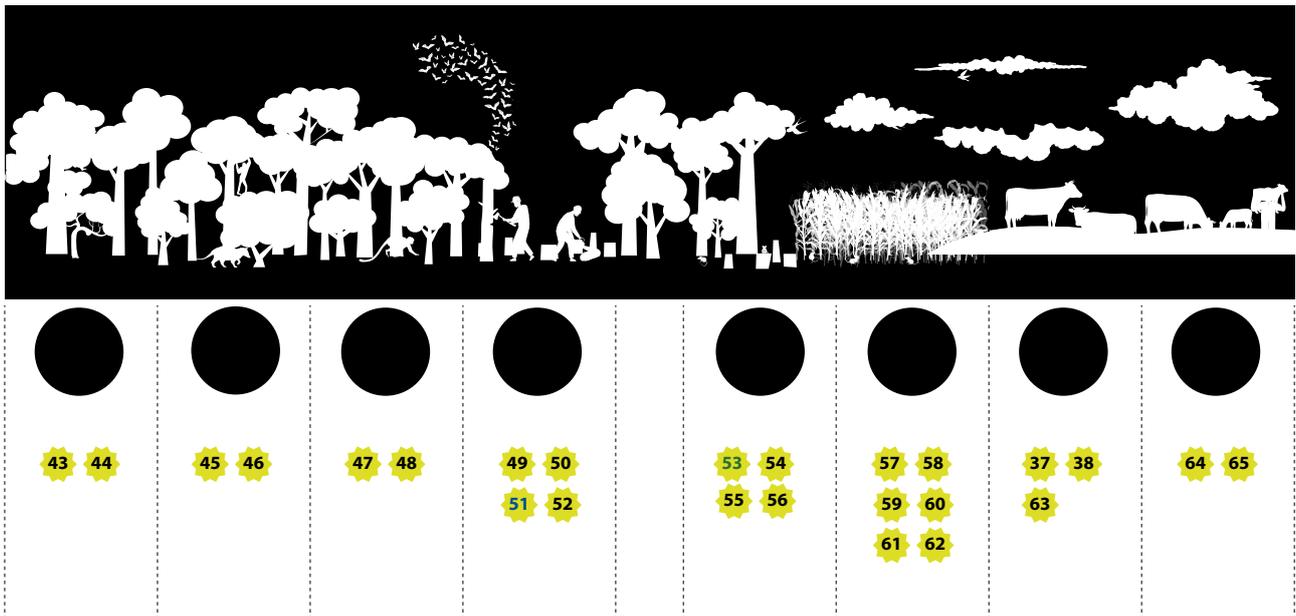
15. Cook, J.K.A., Jackwood, M. and Jones, R.C. (2012). The long view: 40 years of infectious bronchitis research. *Avian Pathology*, 41(3), 239-250. <https://doi.org/10.1080/03079457.2012.680432>
16. Jackwood, M.W. (2012). Review of infectious bronchitis virus around the world. *Avian Diseases*, 56(4), 634-641. <https://doi.org/10.1637/10227-043012-Review.1>
17. World Organisation for Animal Health (2014). Infection with porcine epidemic diarrhoea virus. OIE Technical Factsheet, September 2014. https://www.oie.int/fileadmin/Home/fr/Media_Center/docs/pdf/factsheet_PEDV.pdf
18. Lee, C. (2015). Porcine epidemic diarrhea virus: An emerging and re-emerging epizootic swine virus. *Virology Journal*, 12, 193. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0421-2>
19. Lau, S.K., Woo, P.C., Li, K.S., Huang, Y., Tsoi, H.W., Wong, B.H. et al. (2005). Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102, 14040-14045. <https://doi.org/10.1073/pnas.0506735102>
20. Li, W., Shi, Z., Yu, M., Ren, W., Smith, C., Epstein, J.H. et al. (2005). Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*, 310, 676-679. <https://doi.org/10.1126/science.1118391>
21. El-Kafrawy, S.A., Corman, V.M., Tolah, A.M., Al Masaudi, S.B., Hassan, A.M., Müller, M.A. et al. (2019). Enzootic patterns of Middle East respiratory syndrome coronavirus in imported African and local Arabian dromedary camels: a prospective genomic study. *The Lancet*, 3(12), E521-E528. [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(19\)30243-8](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(19)30243-8)
22. Reusken, C.B., Raj, V.S., Koopmans, M.P. and Haagmans, B.L. (2016). Cross host transmission in the emergence of MERS coronavirus. *Current Opinion in Virology*, 16, 55-62. <http://dx.doi.org/10.1016/j.coviro.2016.01.004>
23. Zhou, P., Fan, H., Lan, T., Yang, X-L., Shi, W-F., Zhang, W. et al. (2018). Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature*, 556, 255-258. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0010-9>
24. Zhou, P., Yang, X. Lou, Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W. et al. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270-273. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>
25. Sharp, P. M. and Hahn, B. H. (2010). The evolution of HIV-1 and the origin of AIDS. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365: 2487-2494. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0031>
26. Faria, N.R., Rambaut, A., Suchard, M.A., Baele, G., Bedford, T., Ward, M.J. et al. (2014). HIV epidemiology. The early spread and epidemic ignition of HIV-1 in human populations. *Science*, 346(6205), 56-61. <https://doi.org/10.1126/science.1256739>
27. McLean, R.G., Ubico, S.R., Docherty, D.E., Hansen, W.R., Sileo, L. and McNamara, T.S. (2001). West Nile virus transmission and ecology in birds. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 951(1), 54-57. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2001.tb02684.x>
28. Colpitts, T.M., Conway, M.J., Montgomery, R.R. and Fikrig, E. (2012). West Nile virus: Biology, transmission, and human infection. *Clinical Microbiology Reviews*, 25(4), 635-648. <https://doi.org/10.1128/CMR.00045-12>
29. Gubler, D.J., Vasilakis, N. and Musso, D. (2017). History and emergence of Zika virus. *The Journal of Infectious Diseases*, 216(Suppl 10), S860-S867. <https://doi.org/10.1093/infdis/jix451>



30. World Health Organization (2020). The history of Zika virus. Accessed 3 June 2020. <https://www.who.int/emergencies/zika-virus/timeline/en/>
31. World Health Organization (2020). Ebola virus disease. Accessed 3 June 2020. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease>
32. World Organisation for Animal Health (2018). Bovine spongiform encephalopathy (BSE). Accessed 3 June 2020. <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/animal-diseases/Bovine-spongiform-encephalopathy/>
33. Walsh, M.G., Wiethoelter, A. and 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, 8226. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-08065-z>
34. Boardman, W.S., Baker, M.L., Boyd, V., Crameri, G., Peck, G.R., Reardon, T. et al. (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. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232339>
35. Webster, R.G., Peiris, M., Chen, H. and Guan, Y. (2006). H5N1 Outbreaks and Enzootic Influenza. *Emerging Infectious Diseases*, 12(1), 3–8. <https://doi.org/10.3201/eid1201.051024>
36. Sonnberg, S., Webby, R.J. and Webster, R.G. (2013). Natural History of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1. *Virus Research*, 178(1), 63-77. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2013.05.009>
37. Daszak, P., Plowright, R., Epstein, J.H., Pulliam, J., Abdul Rahman, S., Field, H.E. et al. (2006). The emergence of Nipah and Hendra virus: pathogen dynamics across a wildlife-livestock-human continuum. In *Disease ecology: community structure and pathogen dynamics*, Collinge, S. and Ray, S. (eds), 186–201. Oxford (UK): Oxford University Press. <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780198567080.001.0001>
38. Epstein, J.H., Field, H.E., Luby, S., Pulliam, J.R. and Daszak, P. (2006). Nipah virus: Impact, origins, and causes of emergence. *Current Infectious Disease Reports*, 8(1), 59-65. <https://doi.org/10.1007/s11908-006-0036-2>



39. Cyranoski, D. (2020). Profile of a killer: the complex biology powering the coronavirus pandemic, 4 May. <https://www.nature.com/articles/d41586-020-01315-7>
40. Hoffmann, M., Kleine-Weber, H., Schroeder, S., Krüger, N., Herrler, T. and Erichsen, S. et al. (2020). SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. *Cell*, 181(2), 271-280.e8. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.052>
41. UK Research and Innovation (2020). Getting to know the new coronavirus. Accessed 3 June 2020. <https://coronavirusexplained.ukri.org/en/article/cad0010/>
42. Zimmer, K. (2020). Why Some COVID-19 Cases Are Worse than Others, 24 February. <https://www.the-scientist.com/news-opinion/why-some-covid-19-cases-are-worse-than-others-67160>
43. Olivero, J., Fa, J. E., Real, R., Márquez, A. L., Farfán, M. A., Vargas, J.M. et al. (2017). Recent loss of closed forests is associated with Ebola virus disease outbreaks. *Scientific Reports*, 7, 14291. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14727-9>
44. Rulli, M.C., Santini, M., Hayman, D.T.S. and D'Odorico, P. (2017). The nexus between forest fragmentation in Africa and Ebola virus disease outbreaks. *Scientific Reports*, 7, 41613. <https://doi.org/10.1038/srep41613>
45. Vaz, V.C., D'Andrea, P.S. and Jansen, A.M. (2007). Effects of habitat fragmentation on wild mammal infection by *Trypanosoma cruzi*. *Parasitology*, 134(12), 1785–1793. <https://doi.org/10.1017/S003118200700323X>
46. Xavier, S.C.d.C., Roque, A.L., Lima, V.d.S., Monteiro, K.J., Otaviano, J.C. et al. (2012). Lower richness of small wild mammal species and Chagas disease risk. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(5), e1647. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001647>
47. Goldberg TL, Gillespie TR, Rwego IB, Estoff EL, Chapman CA (2008). Forest fragmentation as cause of bacterial transmission among nonhuman primates, humans, and livestock, Uganda. *Emerging Infectious Diseases*, 14(9), 1375–1382. <https://doi.org/10.3201/eid1409.071196>
48. Rwego, I.B., Isabiry-Basuta, G., Gillespie, T.R. and Ggoldberg, T.L. (2008). Gastrointestinal bacterial transmission among humans, mountain gorillas, and livestock in Bwindi Impenetrable National Park, Uganda. *Conservation Biology*, 22(6), 1600-1607. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.01018.x>
49. Field, H.E. (2009). Bats and Emerging Zoonoses: Henipaviruses and SARS. *Zoonoses and Public Health*, 56(6-7), 278-284. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2008.01218.x>



50. Pongsiri, M.J., Roman, J., Ezenwa, V.O., Goldberg, T.L., Koren, H.S., Newbold, S.C. *et al.* (2009). Biodiversity loss affects global disease ecology. *BioScience*, 59(11), 945-954. <https://doi.org/10.1525/bio.2009.59.11.6>
51. McFarlane, R.A., Sleigh, A.C. and McMichael, A.J. (2013). Land-use change and emerging infectious disease on an island continent. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10(7), 2699-2719. <https://doi.org/10.3390/ijerph10072699>
52. Walsh, M.G., Wiethoelter, A. and 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(8226). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-08065-z>
53. Young, H.S., Dirzo, R., Helgen, K.M., McCauley, D.J., Billeterd, S.A., Kosoy, M.Y. *et al.* (2014). Declines in large wildlife increase landscape-level prevalence of rodent-borne disease in Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(19), 7036-7041. <https://doi.org/10.1073/pnas.1404958111>
54. Young, H.S., Dirzo, R., Helgen, K.M., McCauley, D.J., Nunn, C.L., Snyder, P. *et al.* (2016). Large wildlife removal drives immune defence increases in rodents. *Functional Ecology*, 30, 799-807. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12542>
55. Titcomb, G., Allan, B.F., Ainsworth, T., Henson, L., Hedlund, T., Pringle, R.M. *et al.* (2017). Interacting effects of wildlife loss and climate on ticks and tick-borne disease. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 284, 20170475. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2017.0475>
56. Mendoza, H., Rubio, A.V., García-Peña, G.E., Suzán, G. and Simonetti, J.A. (2020). Does land-use change increase the abundance of zoonotic reservoirs? Rodents say yes. *European Journal of Wildlife Research*, 66(6). <https://doi.org/10.1007/s10344-019-1344-9>
57. LaDeau, S., Kilpatrick, A. and Marra, P. (2007). West Nile virus emergence and large-scale declines of North American bird populations. *Nature*, 447, 710-713. <https://doi.org/10.1038/nature05829>
58. Allan, B.F., Langerhans, R.B., Ryberg, W.A., Landesman, W.J., Griffin, N.W., Katz, R.S. *et al.* (2009). Ecological correlates of risk and incidence of West Nile virus in the United States. *Oecologia*, 158, 699-708. <https://doi.org/10.1007/s00442-008-1169-9>
59. Keesing, F., Belden, L.K., Daszak, P., Dobson, A., Harvell, C.D., Holt, R.D. *et al.* (2010). Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature*, 468, 647-652. <https://doi.org/10.1038/nature09575>
60. George, R.L., Harrigan, R.J., LaManna, J.A., DeSante, D.F., Saracco, J.F. and Smith, T.B. (2015). Persistent impacts of West Nile virus on North American bird populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112 (46), 14290-14294. <https://doi.org/10.1073/pnas.1507747112>
61. Kilpatrick, A.M. and Wheeler, S.S. (2019). Impact of West Nile virus on bird populations: Limited lasting effects, evidence for recovery, and gaps in our understanding of impacts on ecosystems. *Journal of Medical Entomology*, 56(6), 1491-1497. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz149>
62. Byas, A.D. and Ebel, G.D. (2020). Comparative pathology of West Nile virus in humans and non-human animals. *Pathogens*, 9(48). <https://doi.org/10.3390/pathogens9010048>
63. Loh, E.H., Murray, K.A., Nava, A., Aguirre, A.A. and Daszak, P. (2016). Evaluating the links between biodiversity, land-use change, and infectious disease emergence in tropical fragmented landscapes. In *Tropical Conservation: Perspectives on Local and Global Priorities*. Aguirre, A.A. and Sukumar, R. (eds.). Oxford University Press, New York City.
64. Grace, D. (2015). Food safety in low and middle income countries. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 12, 10490-10507. <https://doi.org/10.3390/ijerph120910490>
65. Rohr, J.R., Barrett, C. B., Civitello, D. J., Craft, M. E., Delius, B., DeLeo, G. *et al.* (2019). Emerging human infectious diseases and the links to global food production. *Nature Sustainability*, 2, 445-456. <https://doi.org/10.1038/s41893-019-0293-3>

术语表

气溶胶传播：传染病通过空气传播的两种途径之一。在气溶胶形式下，病毒微粒在物理和化学力的作用下悬浮在空气中数小时或更长时间。相比之下，在飞沫形式下，病毒微粒在人打喷嚏或咳嗽后只能在空气中停留几秒钟，在引力迫使它们落地之前只能传播很短的距离。☑ STAT新闻

非洲锥虫病：一种出现在牲畜（“非洲动物锥虫病”）和人类（“昏睡病”）中的疾病。这种病是由单细胞锥虫寄生虫（布氏冈比亚锥虫、布氏罗得西亚锥虫和布氏锥虫指名亚种）引起的，这些寄生虫通过感染锥虫的采采蝇（舌蝇属）的叮咬传播给它们的动物和人类宿主，仅流行于非洲。☑ US CDC

农业集约化：每单位投入(如劳动力、土地、时间、化肥、种子、饲料、现金)导致的农业产量增加。这种集约化是人类文明的先决条件。增产对于扩大粮食供应至关重要；有效利用投入的集约化对于维持农业环境的健康至关重要。☑ FAO

炭疽：一种古老的人畜共患疾病，继续导致家畜患严重疾病，对牛和绵羊、山羊等小型反刍动物造成独有的威胁。这种病可以影响包括人类在内的所有温血动物。经过早期诊断可以治疗，但通常没有症状，被感染的动物会迅速死亡。人类通常直接或间接地从被感染的动物身上获得这种疾病，或因职业原因接触被感染或污染的动物产品而感染这种疾病。尽管许多国家都有确诊病例，但这基本上不出现在富裕国家。动物和人类炭疽的发病率往往与冲突有关。☑ FAO

人为的：由人类或人类活动引起的。☑ 剑桥词典

节肢动物：一种无脊椎动物，有外骨骼、分段的身体和成对的分节附肢。节肢动物包括昆虫、蛛形纲动物（如蝗虫和蜘蛛）、多足纲动物和甲壳纲动物。☑ Biologydictionary.net

无症状携带者，也称为“被动”或“健康”的疾病携带者：被病原体感染但没有报告或似乎没有任何疾病症状或体征的个体。☑ US CDC

禽流行性感：一种严重的、通常是致命的流感，影响禽类，特别是家禽，也可传播给人类。民间称为禽流感或鸟流感，风险最大的类型是高致病性禽流感(HPAI)。在三种流感病毒（甲、乙和丙）中，甲型流感病毒是一种人畜共患传染病，其自然宿主几乎都是禽类。禽流感在大多数情况下是指甲型流感病毒。虽然甲型流感可以适应禽类，但它也可以稳定地适应和维持人与人之间的传播。☑ WHO

行为推动：在行为科学中，有人提出正强化和间接建议可以影响群体或个人的行为和决策。“推动”与教育、立法或执法等其他实现合规的方式形成对比。☑ 英国经济与社会研究理事会和维基百科

生物多样性：各种来源的生物体，包括陆地、海洋和其他水生生态系统，以及它们所组成的生态复合体之间的差异性。生物多样性包括物种内部、物种之间和生态系统的多样性。☑ CBD

生物安全性：旨在防止有害生物体的引入和/或传播的一系列措施，以管理对人、动物、植物和环境构成的风险。生物安全涵盖植物害虫、动物病虫害和人畜共患疾病的引入，转基因生物体及其产品的引入和释放，以及外来入侵物种和基因型的引入和管理等问题。新冠肺炎大流行是最新的威胁例子，此类威胁要求所有相关部门采取生物安全政策和监管措施。☑ FAO

生物技术：包括科学和实践学科的混合，并使用活的生物体或这些生物体的一些部分来制造或修改产品，改善植物、动物或开发微生物体用于特定用途的任何技术。生物技术的方法很多，从传统方法（酿造啤酒和做面包）到最先进的方法（转基因动植物、细胞疗法和纳米技术）都有。☑ 世界银行

牛海绵状脑病(BSE)：BSE通常称为“疯牛病”，是一种越来越严重的、致命的牛神经系统疾病，由一种叫做“朊病毒”的异常蛋白质在神经组织中积累引起的。首次发现于1986年，由

于采取了适当的控制措施，世界范围内的经典疯牛病病例有所减少。BSE被认为是人畜共患疾病，因为假定它与人类出现变异型克雅氏病有关。☑ OIE

牛结核病：人畜共患结核病是一种由牛分枝杆菌引起的人类结核病，属于结核分枝杆菌复合体。它经常影响肺部以外的部位，但在许多病例中，临床上与结核分枝杆菌引起的结核病难以区分。在动物种群中，牛分枝杆菌是牛结核病的病原体。它主要影响牛，而牛是其最重要的动物宿主，并且它可以在野生动物中生存。该疾病导致重大的经济损失和贸易壁垒，会对贫困和边缘化社区的生计产生重大影响。☑ WHO-OIE-FAO

布鲁氏菌病：一种从动物传染给人的细菌感染。最常见的是，人们因食用生的或未经巴氏消毒的乳制品而感染。有时，引起布鲁氏菌病的细菌可以在空气中传播或通过与被感染动物的直接接触传播。感染通常可以用抗生素治疗，但治疗需要几个星期到几个月，而且感染可能会复发。布鲁氏菌病影响着全世界成千上万的人和动物。☑ 梅约诊所

弯曲杆菌：腹泻的四个主要全球病因之一，被认为是世界上人类胃肠炎最常见的细菌病因。弯曲杆菌主要是螺旋形、S形或弯曲、杆状的细菌。弯曲杆菌感染通常是轻微的，但在幼儿、老年人和免疫力低下人群中可能是致命的。在发展中国家，2岁以下儿童的弯曲杆菌感染特别频繁，有时会导致死亡。可通过加热和彻底煮熟食物来杀死弯曲杆菌菌种。☑ WHO

查加斯病，又称美洲锥虫病：一种可能危及生命的被忽视的热带疾病，由原生动物寄生虫克氏锥虫引起。主要出现在拉美国家，这些国家大多是通过病媒传播，通常由“接吻虫”传播，估计全世界有800万人感染，其中大部分在拉丁美洲。如果在早期开始治疗，查加斯病是可以在临床上治愈的。这种疾病在上个世纪已经蔓延到其他大陆，主要是由于旅行增加导致的。据估计，每年有1万多人死于查加斯病的临床症状，2500多万人面临感染查加斯病的风险。☑ WHO

并发症：指在同一个体中两种或两种以上的疾病/病况同时存在。描述并发症的其他名称是

“共存”或“并发”，以及“多重病症”或“多种慢性病”。☑ US CDC

新冠肺炎：由新型冠状病毒“严重急性呼吸系统综合症冠状病毒2”（SARS-CoV-2）引起的疾病，该疾病是在东亚暴发的呼吸道疾病病例中首次发现的。该疫情于2019年12月31日首次向世界卫生组织报告。2020年1月30日，世界卫生组织宣布新冠肺炎疫情为全球卫生紧急事件，随后在3月宣布为全球大流行，这是自2009年宣布H1N1流感为大流行病以来，世界卫生组织首次宣布此类事件。☑ Medscape

冠状病毒OC43：一种人类冠状病毒（以其表面的冠状突起命名），于20世纪60年代中期首次被发现。七种冠状病毒可以感染人类。其中四种是普通人类冠状病毒，即229E，NL63，OC43和HKU1，它们通常会引发轻度至中度的上呼吸道疾病，例如普通感冒。但是，七种冠状病毒中的三种（MERS-CoV、SARS-CoV和SARS-CoV-2）是新型的致命性冠状病毒，它们起源于动物，在人身上进化后可导致严重疾病和死亡。☑ US CDC

克里米亚-刚果出血热(CCHF)：一种病毒性出血热，通常由蜱虫传播。它也可以通过与某些动物组织接触而感染，病毒在屠宰动物期间和屠宰后立即在这些动物组织处进入血液。该病的暴发可能导致流行病，病死率高（10%-40%），并且难以预防和治疗。该疾病于1944年首次在克里米亚发现，目前在非洲、巴尔干半岛、中东和亚洲流行。☑ WHO

囊尾蚴病：由猪肉绦虫的幼虫囊引起的一种寄生虫组织感染。这些幼虫囊感染大脑、肌肉或其他组织，是大多数低收入国家成年人癫痫发作的主要原因。如果一个人吞下了体内有绦虫的人的粪便中发现的虫卵，就会得囊尾蚴病。人们不会因为食用未煮熟的猪肉而感染囊尾蚴病，但如果猪肉含有幼虫囊，则会导致人体出现肠内绦虫。猪肉因食用感染了绦虫的人粪便中的绦虫卵而感染。绦虫感染（也称为带绦虫病）和囊尾蚴病在全球都有发生。感染率最高的地区是拉丁美洲、亚洲和非洲，这些地区的卫生条件差，并且散养的猪可以接触人的粪便。☑ US CDC

DNA病毒：一种含有遗传物质DNA的病毒，在复制过程中使用依赖于DNA的DNA聚合酶。大多数病毒必须先进入宿主细胞核才能进行复制，因为它们复制病毒基因组时需要宿主细胞的DNA聚合酶。☑ Biology Online

飞沫传播：当一个人与咳嗽或打喷嚏的人密切接触时，呼吸道传染病可通过不同大小的飞沫传播，因此他/她的口鼻或眼睛有可能接触到具有潜在传染性的飞沫。根据现有证据，新冠肺炎病毒主要通过呼吸道飞沫和接触途径在人与人之间传播。在对东亚75,465例新冠肺炎病例的分析中，未报告空气传播。☑ WHO

预警系统：旨在通过系统地提供及时和相关信息来减少自然灾害影响的复杂工具和流程。☑ UNDP

东部马脑炎病毒（EEE病毒）通过蚊子传播，是引起脑部感染（脑炎）的罕见原因。它可以感染马匹，导致发烧、行为改变和其他脑炎症状，并且感染通常对马匹来说是致命的。每年在美国仅报告少数人类病例，大多数在东部或墨西哥湾沿岸州。东部马脑炎患者死亡率大约为30%，许多幸存者有持续的神经问题。☑ US CDC

埃博拉（EVD）：人和非人类灵长类动物中的一种罕见且致命的疾病。导致埃博拉的病毒主要分布在撒哈拉以南非洲地区。人们可以通过直接接触被感染的动物（蝙蝠或非人灵长类动物）或感染埃博拉病毒的病人或死者而感染埃博拉病毒。☑ US CDC

棘球蚴病：一种寄生虫病，在人类中有两种主要形式：囊型棘球蚴病（也称为包虫病）和由绦虫引起的肺泡状棘球蚴病。狗、狐狸和其他食肉动物将成虫藏在肠道内，并将寄生虫卵通过粪便排出体外。如果虫卵被人类摄入，它们就会在几个器官（主要是肝脏和肺）中发育成幼虫。囊型棘球蚴病和肺泡状棘球蚴病都有无症状潜伏期，可以持续多年，直到寄生虫幼虫进化并触发临床症状。这两种疾病都可能导致高发病率和死亡，往往难以治愈。棘球蚴病发生在世界大多数地区，目前影响约100万人。可以通过治疗可能携带疾病的狗和为羊接种疫苗预防囊型棘球蚴病。☑ WHO

生态健康：一个新兴的领域，研究人、动物和环境之间的复杂关系，以及这些关系如何影响每个领域的健康。“一体化健康”处理生物学问题，重点是人畜共患疾病，从历史上看，它更侧重于健康科学。相比之下，生态健康概念被定义为一种健康的生态系统方法，侧重于环境和社会经济问题，最初是由生物多样性保护领域的疾病生态学家设计的。☑ Roger等人2016；Lisitz和Wolbring 2018

生态系统：一种作为功能单元相互作用的植物、动物和微生物群落及其非生命环境的动态复合体。生态系统可能小而简单，例如一个孤立的池塘，也可能大而复杂，例如特定的热带雨林或热带海洋中的珊瑚礁。☑ IUCN

生态系统退化：生态系统的结构、功能或为人类提供利益的能力长期衰退。☑ IPBES

厄尔尼诺现象：这个术语指的是大规模的海洋-大气气候相互作用，与赤道太平洋中部和中东部海洋表面温度的周期性变暖有关。厄尔尼诺和拉尼娜是所谓的厄尔尼诺-南方涛动（ENSO）周期的两种相反相位。ENSO周期是一个科学术语，描述的是赤道中东部太平洋（大约在国际日期变更线和西经120度之间）海洋与大气之间的温度波动。厄尔尼诺有时被称为ENSO的暖相位，而拉尼娜则被称为ENSO的冷相位。这些偏离正常表面温度的现象不仅会对海洋过程产生巨大影响，而且还会对全球天气和气候产生巨大影响。☑ US NOAA

新型传染病：最近在某一人群中出现的传染病，或其发病率或地理范围迅速增加或在不久的将来有可能增加的传染病。☑ 美国贝勒医学院

地方病：一种疾病或传染病原在一个地理区域内的人群中经常存在和/或普遍流行。☑ US CDC

在发展中世界各地，只要人们与动物生活得很近，就会发现**地方性人畜共患疾病**，这种病影响牲畜的健康，从而不仅影响贫困人口的健康，而且往往还影响他们的生计。与引起发达国家注意的新出现的人畜共患疾病不同，这些地方性人畜共患疾病相对而言被忽视了。这在一定程度上是报告不足的后果，导致低估了它们造成的全球负

担，反过来在管理者和供资机构的眼中人为地降低了其重要性。☑ Maudlin 等人2009

环境：整个自然或整个特定地理区域中的自然世界，尤指受人类活动影响的自然世界☑ 牛津词典

环境健康与环境卫生：“环境健康”指的是环境的健康，在本报告中使用它以区别于“环境卫生”一词，后者是公共卫生的一个分支，涉及影响人类健康的自然环境和构成环境的所有方面。（本报告的作者）

流行病：在一个社区或地区出现明显超过正常预期的病例、与健康有关的特定行为或其他与健康有关的事件。病例发生的社区或地区和时期都被精确地指定。☑ WHO

假阴性：错误地指出缺乏特定条件或属性的测试结果。☑ 牛津词典

假阳性：错误地指出存在特定条件或属性的测试结果。☑ 牛津词典

联合国粮农组织、世界动物卫生组织和世界卫生组织三方联盟：联合国粮食及农业组织（FAO）、世界动物卫生组织（OIE）和世界卫生组织（WHO）之间的合作，旨在应对人-动物-生态系统交叉区域现有和正在出现的人畜共患疾病风险和其他公共卫生威胁，并提供指导以减少这些风险。这三家组织合作多年，以预防、检测、控制和消除直接或间接源自动物的对人类健康的威胁。这三家组织于2010年建立了一个正式联盟，承认它们各自在防治对健康和经济造成严重影响的疾病，特别是人畜共患疾病方面的责任，从而推动将“一体化健康”愿景付诸实践。☑ FAO; OIE; WHO

物媒传播是指传染病通过物体媒介传播。当受传染性病原体污染或暴露于传染性病原体（如致病性细菌、病毒或真菌）的无生命物体充当转移到新宿主的机制时，就会发生这种情况。☑ Verywell Health

食品价值链由参与生产食品所需的协调生产和增值活动的所有利益相关者组成。☑ FAO

类人猿：类人猿传统上由六个物种组成：黑猩猩、倭黑猩猩、苏门答腊猩猩、婆罗洲猩猩、东部大猩猩和西部低地大猩猩。2017年，科学家发现了第三种猩猩：打巴奴里猩猩（学名：Pongo tapanuliensis），这种猩猩只生活在印度尼西亚苏门答腊岛的南打巴奴里，已被列入极危物种名录。☑ 联合国类人猿生存合作组织；Nater 等人2017

类人猿分布区国家：赤道非洲的21个国家和东南亚的2个国家，这些国家是大型猿类（黑猩猩、倭黑猩猩、大猩猩和红毛猩猩）居住、觅食、繁殖和迁徙的地方。☑ WWF

海鸟粪：海鸟和蝙蝠的粪便，用作肥料。☑ 牛津词典

栖息地：动植物或其他生物体的自然居所或环境。☑ 牛津词典

栖息地破碎化：一个通用术语，描述一组过程，通过这些过程，栖息地丧失，将连续的栖息地分为更多的较小区块，但总面积更小，并通过不同的栖息地矩阵相互隔离。栖息地破碎化可能由自然过程（如森林和草原火灾、洪水）和人类活动（林业、农业、城市化）造成。栖息地的丧失和破碎化一直被认为是世界范围内生物多样性丧失和生态系统退化的主要原因。栖息地破碎化通常是指将连续的栖息地缩小为面积更小、各不相连的残留区块。尽管有些栖息地在非生物和生物条件方面呈现自然区块化，但人类活动已经使世界各地的地貌发生深刻破碎化，改变了栖息地的质量和连续性。☑ IPBES; Wilson 等人2015

高致病性禽流感 (HPAI)：一种由病毒引起的高度传染性疾病，主要在鸟类中发生，并且可能致命，尤其是在家禽中。自2003年以来，亚洲高致病性H5N1病毒已导致亚洲、中东、欧洲和非洲家禽和野鸟的高死亡率，并已在一些国家流行。☑ US CDC

宿主：一种被寄生或致病性生物体（例如病毒、线虫、真菌）感染或以其为食的生物体。滋养和供养寄生虫的动植物；宿主并没有从中受益，反而经常因这种关联而受到伤害。☑ Biology Online

宿主适应性：病毒感染多种宿主（如蝙蝠、啮齿动物和灵长类动物）的能力。☑ 加州大学戴维斯分校一体化健康研究所

人类嗜T淋巴细胞病毒(HTLV)：HTLV是一种逆转录病毒，可感染一种叫做T淋巴细胞的白细胞。HTLV可导致癌症。感染旧大陆猴的猿猴T细胞白血病病毒（STLV）是HTLV的猿猴对应物，这些病毒统称为灵长类T细胞白血病病毒（PTLV）。HTLV 1型和STLV 1型之间的密切关系表明，HTLV 1型起源于猿猴，是灵长类动物和人类以及不同灵长类物种之间多种物种间传播的结果。☑ Courgnaud 等人2004

传染性：在流行病学中，传染性是指病原体进入宿主体内、存活和繁殖并最终导致感染的能力。病原体的传染性与传播性有微妙但重要的区别，传播性是指病原体从一个生物体传播到另一个生物体的能力。☑ 加州大学洛杉矶分校菲尔丁公共卫生学院；维基百科

炎症性肠病(IBD)：涉及消化道慢性炎症的两种疾病的统称：克罗恩氏病和溃疡性结肠炎，这两种疾病会导致胃肠道出现慢性炎症，使胃肠道受损。☑ US CDC

流行性乙型脑炎病毒 (JEV)：一种与登革热、黄热病和西尼罗河病毒有关并由蚊子传播的黄病毒。该病主要见于亚洲和西太平洋，是亚洲许多国家病毒性脑炎的主要病因，估计每年有68,000例临床病例。这种病无药可治。☑ WHO

拉尼娜现象：拉尼娜现象是指赤道中东部太平洋海面温度低于平均水平的时期。在拉尼娜年，东南部的冬季温度高于正常水平，而西北太平洋的冬季温度低于正常水平。拉尼娜对全球气候的影响往往与厄尔尼诺的影响相反。另见厄尔尼诺现象。☑ US NOAA

利什曼病：一种由利什曼原虫引起的疾病，通过受感染的白蛉的叮咬传播。利什曼病主要有三种形式：内脏利什曼病（也称为黑热病，如果不治疗通常会致命）、皮肤利什曼病（最常见）和黏膜利什曼病。这种疾病影响着地球上一些最贫穷的人，并与营养不良、人口流离失所、住房条件

差和免疫系统薄弱有关。利什曼病与森林砍伐、水坝建设、灌溉计划和城市化等环境变化有关。估计每年有70万至100万新发病例。☑ WHO

钩端螺旋体病：一种由钩端螺旋体属细菌引起的影响人和动物的细菌疾病。在人身上，它可以引起多种症状，如发烧、头痛、腹泻、肌肉疼痛。如果不进行治疗，钩端螺旋体病会导致肾脏损害、脑膜炎（大脑和脊髓周围膜的炎症）、肝功能衰竭、呼吸困难，甚至死亡。导致钩端螺旋体病的细菌通过被感染动物的尿液传播，这些细菌可以进入水或土壤，并在那里存活数周至数月。许多不同种类的野生和家养动物都携带这种细菌。☑ US CDC

李斯特菌病：由单核细胞增生李斯特菌引起的食源性李斯特菌病，是最严重的食源性疾病之一。这是一种相对罕见的疾病，但与这种感染相关的高死亡率使其成为一个重大的公共卫生问题。单核细胞增生李斯特菌在自然界广泛分布。它们存在于土壤、水、植被和一些动物的粪便中，并能污染食物。蔬菜可能因土壤或使用粪肥而受到污染。即食品在加工过程中也会受到污染，在配送和储存过程中细菌会大量繁殖，达到危险水平。与许多其他引起常见食源性疾病的细菌不同，单核细胞增生李斯特氏菌可以在冰箱中常规的低温下存活并繁殖。☑ WHO

封锁：作为一种安全措施而实施的隔离或限制出入的状态。☑ 牛津词典

中东呼吸综合征 (MERS)：由新型冠状病毒（中东呼吸综合征冠状病毒，简称MERS-CoV）引起的病毒性呼吸系统疾病，于2012年在沙特阿拉伯首次发现。典型的MERS症状包括发烧、咳嗽和呼吸急促。报告的MERS患者死亡率大约为35%。这种病毒似乎不容易在人与人之间传播，大多数MERS人的病例都是在医疗保健机构发生人际感染。沙特阿拉伯、阿拉伯联合酋长国和韩国的疫情规模最大。目前的科学证据表明，单峰骆驼是MERS-CoV的主要宿主，也是人类感染MERS的动物来源。☑ WHO

中东呼吸综合征冠状病毒(MERS-CoV)：引发中东呼吸综合征(MERS)的冠状病毒。☑ WHO

分子流行病学：利用分子或遗传标记来追踪一种疾病在人群中的发展，并了解传播、人群结构和细菌病原体进化过程的一门学科。

☒ ScienceDirect

多学科：在解决某个主题或问题的方法中结合或涉及多个学科或专业。☒ 牛津词典

自然环境：在某一特定地区自然存在的所有生物和非生物，人类在该地区的影响被控制在一定的有限水平。☒ Biology Online

被忽视的人畜共患疾病包括炭疽、布鲁氏菌病、食源性吸虫病、人类非洲锥虫病、利什曼病、钩端螺旋体病、非疟疾发热性疾病、血吸虫病、狂犬病和带绦虫病/囊虫病。这些被忽视的人畜共患疾病出现在世界各地资源匮乏的社区，对人们的健康和他们所依赖的牲畜的健康造成双重负担。管理被忽视的人畜共患疾病需要人类和动物卫生系统的协作和跨部门努力，以及采取考虑到人和动物共存的生态系统复杂性的多学科方法。在可行的情况下，预防和减轻此类疾病在人群中的发生，就需要在其动物宿主中消除它们。各国政府正在越来越多地实施控制方案，以解决这些负担。这些举措得到了联合国粮食及农业组织、世界动物卫生组织和世界卫生组织三方联盟的大力支持，并得到了国际社会的财政支持，包括比尔及梅琳达·盖茨基金会、英国国际发展部、欧盟、国际发展研究中心和国际农业研究磋商组织 (CGIAR)。☒ WHO

非随机和随机抽样：在随机数据收集中，每一个个体的观察结果被选为样本的概率是相等的，在抽取样本时不应该有模式。尽管随机抽样通常是首选的调查方法，但由于成本高昂，很少有人使用。该方法要求对调查总体中的每个成员进行编号，而非随机抽样则是每隔n个成员抽选一个样本。结果表明，只要所采样的属性在总体中随机分布，两种方法得到的结果基本相同。如果属性不是随机分布的，那么这两种方法就会给出完全不同的结果。在有些情况下，非随机抽样能对总体做出更好的推论；在其他情况下，它的推论要糟糕得多。☒ 兰德公司；Statistics Solutions

一体化健康：认识到人、动物、植物及其共享环境之间的相互联系，以协作、多部门、跨学科的

方法，在地方、区域、国家和全球层面开展工作，以实现最佳的健康和福祉成果。☒ 一体化健康委员会

大流行病：一种新疾病的全球传播。当一种新的流感病毒出现并在世界各地传播，而大多数人没有免疫力时，就会出现流感大流行。☒ WHO

病原体：任何能够在宿主生物体中引起疾病的微生物。☒ 英国免疫学会

致病性：传染性病原体对宿主造成疾病/损害的绝对能力——传染性病原体要么致病，要么不致病。☒ ScienceDirect

半家养野生：与居住在人类居住地内或居住地周边有关。老鼠是一种半家养野生动物。☒ WordSense词典

永久冻土：一种厚厚的地下土壤，常年保持冰冻状态，主要发生在极地地区。☒ 牛津词典

系统发育分析：系统发育是指地球上所有由同一祖先进化而来的生物体之间的关系，无论它们是已经灭绝还是现存。系统发育学是研究生物群体之间进化相关性的科学，系统发育树用以图形方式表示与目标物种相关的这种进化关系。☒ ScienceDirect

行星健康的定义是“通过对政治、经济和社会等人类系统的审慎关注，在全球范围内实现可达到的最高标准的健康、福祉和公平——从而塑造人类和地球自然系统的未来，确定人类可以繁荣发展的安全环境限度。简单地说，行星健康就是人类文明的健康及其所依赖的自然系统的状态”。2014年，洛克菲勒基金会和《柳叶刀》杂志联合成立了行星健康委员会，审查将人类健康与地球自然系统的潜在完整性联系起来科学依据。☒ 洛克菲勒基金会-柳叶刀行星健康委员会

猪流行性腹泻(PED)：一种由冠状病毒引起的猪的非人畜共患病毒性疾病，常见症状为水样腹泻和体重减轻。该疾病在1971年首次被发现和报告，影响所有年龄的猪，但受影响最严重的是新生仔猪，发病率和死亡率高达100%，死亡率随着猪年龄的增长而下降。它是一种主要通过粪口

途径传播的传染性疾病。预防和管理控制的重点是严格的生物安全和早期发现。这种疾病没有明确的治疗方法。☑ WHO

原始区域：原始的意思是仍然处于原来的状态，比如没有被人类砍伐或破坏的森林。☑ YourDictionary

Q热病：一种由贝纳氏立克次体细菌引起的疾病。这种细菌自然感染一些动物，例如山羊，绵羊和牛。这些细菌存在于被感染动物的出生产物（如胎盘、羊水）、尿液、粪便和奶中。人们可能会通过吸入遭到被感染动物的粪便、尿液、奶和出生产物污染的尘土，或者食用受污染的未经巴氏消毒的乳制品而感染这种疾病。有些人永远不会生病：这些人通常会出现类似流感的症状。在少数人中，感染可在数年后再次出现。这种更致命的Q热病会损害心脏、肝脏、大脑和肺。☑ US CDC

R_0 是基本繁殖数（也称为“基本繁殖率”）。它指的是在易感人群中，一个人在其整个感染期间发生二次感染的预期数量。这一概念是流行病学和宿主内病原体动力学研究的基础。最重要的是， R_0 常用作预测感染是否会扩散的阈值参数。☑ Heffernan 等人2005

狂犬病：一种可以通过疫苗预防的人畜共患病毒性疾病。一旦出现临床症状，狂犬病几乎是100%致命的。如果被患狂犬病的动物咬伤或抓伤，它会传染给人和宠物。在高达99%的病例中，家养狗是狂犬病病毒向人传播的原因，但它可以影响家养和野生动物。这种病毒会导致脑部疾病，最终导致死亡。除南极洲外，其他所有大陆都存在狂犬病，95%以上的人类死亡发生在亚洲和非洲。狂犬病是被忽视的热带病之一，主要影响生活在偏远农村地区的贫困和脆弱人群。虽然存在针对狂犬病的有效的人类疫苗和免疫球蛋白，但对有需要的人来说，疫苗并不容易获得。☑ WHO

重组DNA：将不同生物体的DNA分子结合在一起，并将其插入宿主生物体内，以产生对科学、医学、农业和工业有价值的新的基因组合。用于构建重组DNA分子的DNA序列可以来自任何物种。例如，植物的DNA可以和细菌的DNA结合，

或者人类的DNA可以和真菌的DNA结合此外，自然界中任何地方都不会出现的DNA序列可能通过化学合成DNA产生并合并到重组分子中。利用重组DNA和合成DNA技术，任何DNA序列都可以被创造并引入到各种各样的生物体中。☑ 大英百科全书；Biology Online；维基百科

病毒库：致病原通常生活、生长和繁殖的栖息地。病毒库包括人、动物和环境。病毒库可能是也可能不是转移到宿主体内的致病原的来源。☑ US CDC

原生宿主：携带病原体但无不良影响并作为感染源的主要宿主。一旦发现，自然宿主可以阐明传染病的整个生命周期，从而能够提供有效的预防和控制。☑ Biology Online

裂谷热(RVF)：一种由蚊子传播的病毒性人畜共患疾病，影响绵羊、山羊、牛和骆驼，从而造成毁灭性的损失，特别是在以牲畜为生计的畜牧社区。该疾病在降雨量高于正常水平和持续降雨之后暴发。被蚊子咬伤或与严重感染的动物或其组织密切接触后，人们可能会感染裂谷热。在人群中，该疾病80%以上的病例表现为轻度流感综合征，少数病例表现为严重疾病，包括出血热、脑炎或视网膜炎。由于该病的偶发性和好发于偏远牧区，预防和控制措施的部署如果延迟，往往会加剧该病的影响。给牲畜接种疫苗，被视为控制该病的最可靠方法。☑ ILRI

RNA病毒是指含有遗传物质RNA的病毒。RNA可以是单链或双链的。RNA病毒的例子包括呼肠孤病毒、小核糖核酸病毒、囊膜病毒、正粘病毒、弹状病毒等。含有遗传物质RNA的一种病毒。RNA可以是单链或双链的。RNA病毒的例子包括呼肠孤病毒、小核糖核酸病毒、囊膜病毒、正粘病毒以及弹状病毒。大多数RNA病毒在宿主细胞的细胞质中复制。由RNA病毒引起的人类疾病包括严重急性呼吸综合征（SARS）、流感和丙型肝炎。☑ Biology Online

沙门氏菌可引起食源性疾病，通常称为食物中毒，症状包括腹泻、发烧和胃痉挛。据估计，沙门氏菌每年在美国造成100万例食源性疾病。在过去的几年里，沙门氏菌疾病的暴发与受污染的

黄瓜、切好的甜瓜、鸡肉、鸡蛋、开心果、生金枪鱼、豆芽和许多其他食物有关。☑ US CDC

严重急性呼吸综合征(SARS): 由冠状病毒，即 SARS 相关冠状病毒 (SARS-CoV) 引起的一种病毒性呼吸道疾病。2003 年，SARS 首次在亚洲被报道，在 2003 年 SARS 全球暴发得到控制之前，该疾病蔓延到北美、南美、欧洲和亚洲的二十多个国家。自 2004 年以来，世界各地已知没有 SARS 的病例报告。☑ US CDC

严重急性呼吸综合征冠状病毒 2 (SARS-CoV-2): 导致 2019 - 2020 年新冠肺炎 (COVID-19) 大流行的新型冠状病毒。2020 年 2 月 11 日，世卫组织将这种新病毒命名为 SARS-CoV-2，因为这种病毒的基因与导致 2003 年 SARS 暴发的冠状病毒有关。虽然有关联，但这两种病毒是不同的。根据此前与世界动物卫生组织 (OIE) 和联合国粮食及农业组织 (FAO) 共同制定的指导方针，世卫组织于同日宣布这一新疾病的名称为“COVID-19”。☑ WHO

社交距离，也称为“物理距离”，指的是与您家庭以外的其他人之间保持六英尺（两米）的距离，不要成群聚集，远离拥挤的场所，避免大规模聚会。☑ US CDC

猿的: 与类人猿或猴子有关、类似或影响类人猿或猴子的。☑ 牛津词典

乌白眉猴: 又称白冠或白领白眉猴 (*Cercocebus atys*)，主要是一种陆生的旧大陆猴子。它的分布范围曾经从塞内加尔的卡萨芒斯河到萨桑德拉/恩佐河系统。如今，这一物种的保护状况为“近危物种”，其活动范围现在仅限于非洲西海岸的塞拉利昂、利比里亚和科特迪瓦西部，在那里可以发现这些觅食的猴子在森林地面上行走，采集水果和种子。在塞内加尔、几内亚比绍和几内亚部分地区，乌白眉猴被认为已经基本灭绝。☑ 新英格兰灵长类动物保护区

可持续农业集约化: 这一概念对全球农业（作物、牲畜、森林、渔业）提出了挑战，要在维持我们居住环境的同时实现世界粮食产量翻番。粮食生产效率需要提高一倍，以便在保护我们的生

活环境和保护自然和农业生物多样性的同时，仅利用现有土地养活日益增长的全球人口。可持续的农业集约化为利用有限的可用资源实现这一目标提供了手段。可持续发展目标强调了这一雄心。用于提高粮食产量的资源不会增加，因此必须提高利用这些资源的效率，以确保维持生态系统服务。可持续性还要求确保可持续农业集约化带来的生产和环境效益方面的社会公平性，否则，贫穷农业人口和女农民可能因推广集约化而被抛下或流离失所。☑ NRI

病媒: 将病原体或致病生物体从病毒库传播到宿主的生物体或载体。人们通常认为，充当病媒的是咬人的昆虫或虱子，但也可以是动物或无生命的物体。许多活的病媒是吸血昆虫和虱子，它们在吸食被感染的宿主（人类或动物）的血液时摄入致病微生物，然后在病原体复制后将其传播给新的宿主。通常，一旦病媒具有传染性，它们就能够在以后的每一次叮咬/吸血过程中传播病原体。☑ Biology Online; WHO

病媒传播的疾病: 由病媒传播的寄生虫、病毒和细菌引起的人类疾病。病媒传播的疾病占有所有传染病的 17% 以上，每年造成 70 多万人死亡。☑ WHO

害虫: 被认为对庄稼、家畜、猎物有害或携带疾病的野生动物，如啮齿动物。☑ 牛津词典

病毒微粒: 一个完整的病毒微粒，由称为衣壳的蛋白质外壳和核酸 (RNA 或 DNA) 的内核组成。内核使病毒具有感染性，而衣壳使病毒具有特异性。☑ 大英百科全书

病毒性: 病原性生物体在宿主体内引起疾病的程度。病毒性衡量的是致病性，即病原体引起疾病的能力。病毒性大的病原体更有可能在宿主体内引起疾病。病原体的病毒性通常与所谓的病毒性因子有关，病毒性因子使生物体侵入宿主并引起疾病。☑ Biology Online; LibreTexts

病毒: 一种体积小、组成简单的传染病原，只能在动物、植物或细菌的活细胞中繁殖。该名称来自拉丁语，意思是“粘液”或“毒药”。☑ 大英百科全书

西尼罗河病毒(WNV)：属于黄病毒科黄病毒属，是流行性乙型脑炎抗原复合体。这种病毒通常出现在非洲、欧洲、中东、北美和西亚，在自然界中以鸟类和蚊子之间传播的循环形式存在。马和其他哺乳动物可能与人类一起感染，并导致人的神经系统疾病和死亡。☑ WHO

传统市场，又称公共市场、非正式市场和集贸市场。一些人认为“传统市场”一词带有贬义，因此本报告使用“非正式市场”一词。所有这些术语都指销售鲜肉、鱼、农产品和其他易腐商品的市场，区别于销售耐用品（如织物和电子产品）的“商贸市场”。并非所有的传统市场都出售活的动物，但这个术语有时用来表示活体农贸市场，卖主在顾客购买后屠宰动物。传统市场在世界许多地方都很常见，包括各种各样的市场，如农贸市场、鱼市和野生动物市场。由于价格、食物的新鲜度、社交互动和当地文化等因素，它们往往在城市食品安全中发挥关键作用。大多数传统市场并不买卖野生或外来动物，但一直与人畜共患疾病的暴发有关联。一个传统市场被认为在新冠肺炎大流行中发挥了作用，尽管截至2020年4月，对病毒是否来自非市场来源的调查仍在进行中。☑ BBC；维基百科

野生肉，通常被称为“丛林肉”（在本报告中，我们更喜欢使用“野生肉”一词）。野生动物为全世界许多人的粮食安全做出了重要贡献。据估计，仅在刚果盆地，每年的丛林肉消费量就超过400万吨。对许多人来说，丛林肉可能是肉类的主要种类，是食物多样性的重要组成部分，或有助于文化认同的食物。野生肉类是一种天然的健康食品，尽管使用野生肉类（与家养的牲畜一

样）可能会带来与人畜共患疾病（通过处理或食用动物而传播给人类的疾病）有关的健康风险。由于过度捕猎或其他原因，无论是直接原因（如栖息地退化）还是间接原因（如治理不力或气候变化），野生动物数量的减少会严重影响许多人的粮食安全和营养健康。此外，由于对肉类和药品的商业需求增加，越来越多的脊椎动物物种被猎杀到只剩下很少一部分，极其危险，其中许多物种现在濒临灭绝。☑ FAO

寨卡病毒：一种由蚊子传播的黄病毒，于1947年在乌干达的猴子身上首次被发现。寨卡病毒疾病主要由伊蚊传播的病毒引起的，这种蚊子在白天叮咬。大多数感染寨卡病毒的人不会出现症状，有症状的人会在2-7天内出现轻微症状（发烧、皮疹、结膜炎、肌肉和关节疼痛、不适或头痛）。怀孕期间感染寨卡病毒会导致婴儿出生时出现小头畸形和其他先天畸形，即所谓的先天性寨卡综合征，并与其他妊娠并发症相关，包括早产和流产。非洲、亚洲和美洲已报告寨卡病毒病暴发。☑ WHO

人畜共患疾病：可以在动物和人之间传播的疾病，从野生动物和驯养动物传播给人类，也可从人类传播给动物。每年有近6万人死于狂犬病，禽流感、埃博拉和裂谷热等其他人畜共患疾病构成了额外的威胁。这些疾病不仅影响人类健康，而且还影响动物健康和福利，因为它们会导致生产力下降（例如牛奶或鸡蛋的质量和安全性）或死亡，对农民的生计和国民经济造成重大损失。当前的新冠肺炎大流行病就是一种人畜共患疾病。☑ FAO; WHO



新冠肺炎
响应行动

