
预测人畜共患病风险，新研究称“不准”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13599.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

预测人畜共患病风险，新研究称“不准”。因为观察到导致人类疾病的病毒大多来自其他动物，一些研究人员试图通过人畜共患病风险预测来猜测接下来哪种病毒将袭击人类。

然而，澳大利亚悉尼大学的Michelle Wille联合Jemma Geoghegan和Edward Holmes，在《公共图书馆—生物学》发表的一篇文章中提出，这些人畜共患病风险预测值有限，不会告诉人们下一次大流行将由哪种病毒引起。相反，人们应该针对人类与动物的接口进行病毒密集监测。

所谓的人畜共患病在人类中引起流行病已有几个世纪了。这也正是今天发生在新冠肺炎疫情大流行中的情况：导致这种疾病的新型冠状病毒SARS-CoV-2来自动物，尽管是哪些物种还不确定。

因此，关键问题是人们能否预测哪一种动物或哪个病毒群最可能导致下一次大流行？这使得研究人员尝试人畜共患病风险预测。在预测中，他们试图确定哪些病毒家族和宿主群体最可能携带潜在的人畜共患和/或大流行病毒。

Wille及其同事却发现了这种人畜共患病风险预测尝试中的几个关键问题。

首先，这类预测尝试基于微小的数据集。虽说已经进行几十年的工作，但人们可能只确定了所有病毒中不到0.001%，甚至哺乳动物物种中也可能出现下一种大流行病毒。

其次，这些数据也高度偏向于那些感染人或农业动物的病毒，或者已经知道的人畜共患病的病毒。现实情况是，大多数动物都没有接受病毒检测，而且病毒进化如此迅速，任何此类检测都将很快过时，因此价值有限。

相反，作者认为，需要一种新的方法，对人和动物相互作用之处，也就是接口进行广泛取样。这将使新病毒在人群出现并形成流行病之前立即被检测到。这种加强的监视可能有助于防止类似新冠肺炎疫情这样的事情再次发生。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001135>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：Wille 来源：《公共图书馆—生物学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发