中国科学: 生命科学 2026 年 第 56 卷 第 9 期: 2244 ~ 2246
SCIENTIA SINICA Vitae lifecn.scichina.com
《中国科学》杂志社 SCIENCE CHINA PRESS

亮 点

城市适应哺乳动物病毒多样性及其跨宿主传播风险

周思琪[1,2], 刘建英[2,3*], 程功[1,3*]

1. 清华大学-北京大学生命科学联合中心, 清华大学基础医学院, 北京 100084
2. 湖北医药学院基础医学院, 十堰 442000
3. 深圳湾实验室传染病研究所, 深圳 518107
* 联系人, E-mail: liujy@szbl.ac.cn; gongcheng@mail.tsinghua.edu.cn

收稿日期: 2026-04-21; 接受日期: 2026-05-26; 网络版发表日期: 2026-06-10
深圳市医学研究专项(批准号: B2404002, B2402011)和国家自然科学基金(批准号: 82372254)资助

人畜共患病的发生与传播, 与土地利用变化及其所驱动的野生动物与人类接触增加密切相关[1~3]. 在全球范围内, 新发传染病中相当比例来源于野生动物宿主, 其溢出风险受宿主生态特征与人类活动共同影响[1,2]. 随着城市化持续推进, 一部分哺乳动物逐渐适应城市环境, 并利用人类活动提供的资源形成稳定种群. 这类“城市适应”物种活动范围与人类生活空间高度重叠, 与家畜的接触也更为频繁, 因此在多宿主病原传播过程中具有重要意义[4,5]. 既往研究表明, 城市适应哺乳动物往往携带较多已知病原体[5], 但关于其病毒多样性、城市生境对病毒暴露的影响, 以及其在野生动物-家畜-人类之间的传播关系, 仍缺乏系统性的全球评估.

近期, Wei等人[6]在*Nature Microbiology*发表研究, 在全球尺度上对7种城市适应哺乳动物的病毒多样性及其潜在溢出风险进行了全景式解析. 该研究整合了来自116个国家的分布与病毒资料, 涵盖162.5万条地理记录、18668条病毒记录及14356条病毒序列. 结果显示, 这7种宿主共关联286种病毒, 分属24目38科, 其中98种曾在人类中有记录, 14种属于世界卫生组织列出的优先病原体或潜在“病原体X”(图1). 不同宿主之间存在明显差异. 赤狐关联病毒种类较多, 浣熊携带的高风险病毒数量相对较高, 且其病毒群落与人类更为接近. 这些结果与既往关于城市适应物种病原多样性较高的认识一致, 同时也显示出明显的宿主差异[5].

他们进一步比较了城市与自然生境中的病毒阳性差异. 城市样点记录到的病毒丰富度较高, 但这一结果也与相关研究发表数量密切相关. 相比之下, 不同宿主在城市化背景下的病毒阳性率变化呈现出不一致的模式: 在人相关病毒方面, 貉在城市生境中的阳性率高于自然生境, 而浣熊和野猪则相对较低, 赤狐未见显著差异; 对于总病毒, 部分宿主在城市中呈升高趋势, 但统计支持有限. 这些结果表明, 城市环境对病毒风险的影响并非一致增强, 不同物种的变化方向存在差异. 这种差异可能与物种利用城市资源的方式、活动范围以及与人类接触频率有关, 但具体机制仍有待进一步研究.

该研究还从跨物种传播角度, 对病毒在不同宿主之间的关系进行了分析. 系统发育结果显示, 部分在城市适应哺乳动物中检出的病毒与人源或家畜源毒株亲缘关系较近, 提示可能存在跨宿主传播以及人向野生动物的回溢[6,7]. 近年来, 人源病原体向野生动物扩散的现象逐渐受到关注, 例如鹿群中的SARS-CoV-2传播[8], 表明回溢在一定条件下可能发生并维持. Wei等人的分析进一步表明, 在城市适应物种中, 这一过程可能同样存在. 例如, 果子狸中的GII.17诺如病毒与中国人源毒株聚为一支, 更倾向于反映人源病毒向野生动

引用格式: 周思琪, 刘建英, 程功. 城市适应哺乳动物病毒多样性及其跨宿主传播风险. 中国科学: 生命科学, 2026, 56: 2244–2246
Zhou S Q, Liu J Y, Cheng G. Viral diversity and cross-species transmission risk in urban-adapted mammals (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2026, 56: 2244–2246, doi: 10.1360/SSV-2026-0096

© 2026《中国科学》杂志社 www.scichina.com
https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2026-0096

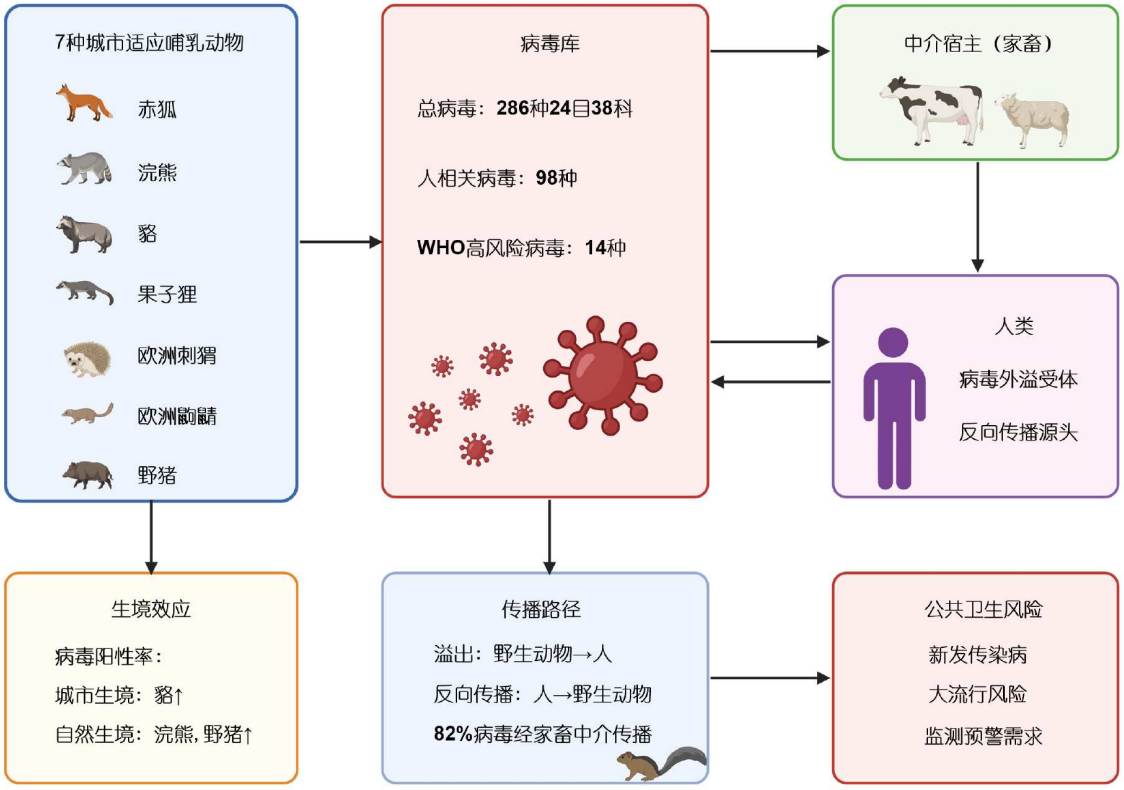


图 1　城市适应哺乳动物的病毒多样性及其传播关系示意图. 以7种城市适应哺乳动物为对象, 概括其病毒多样性、与人类相关病毒及高风险病毒数量, 并示意野生动物、家畜与人之间可能存在的传播联系. 图中同时总结了不同宿主在城市与自然生境中的病毒阳性差异

Figure 1　Viral diversity and transmission relationships in urban-adapted mammals. A schematic summary of viral diversity in seven urban-adapted mammals, including the numbers of human-associated viruses and WHO-designated high-risk viruses, together with potential transmission relationships among wildlife, domestic animals, and humans. Differences in virus positivity between urban and natural habitats are also indicated

物的传播. 病毒共享网络分析进一步显示, 多数共享病毒关系与家畜节点相连, 野猪和浣熊与家畜共享的病毒较多, 绵羊和牛在网络中的连接度较高[6]. 这些结果提示, 家畜可能在城市适应野生动物与人类之间发挥重要连接作用, 这也与“One Health”框架下对跨界面传播的认识一致[3].

该研究整合多源数据, 并结合系统发育与网络分析, 对不同宿主间的病毒共享关系进行了统一描述. 这一处理方式使得跨区域、跨宿主的数据可以在同一框架下进行比较, 有助于识别不同宿主之间的差异模式. 这些分析基于既有资料整合完成, 城市与自然生境的划分也采用了相对简化的方式. 因此, 现有结果更适合用于概括病毒暴露的总体特征, 并为后续长期监测研究提供参考.

整体来看, 这项研究将分散的数据整合在同一分析框架下, 展示了不同宿主在城市环境中的差异, 并将家畜纳入传播关系的讨论之中. 这一处理方式使得野生动物-家畜-人类之间的联系更加清晰, 也为后续研究提供了方向. 如何结合长期监测数据, 对不同宿主在城市环境中的传播潜力进行验证, 将是下一步需要解决的问题.

许一菲团队[9,10]近年来围绕野生动物疫病跨物种传播及预警问题开展了系统研究, 在食虫类动物及其相关微生物多样性方面积累了较为系统的数据基础. 相关工作显示, 部分小型哺乳动物在微生物网络中具有较高的连通性, 可能在跨种传播过程中发挥重要作用[10]. 研究将刺猬、鼹鼠这类长期被忽视的疫源动物类群带入疫病生态学视野, 提示我们在开展疫源疫病研究、构建传染病主动监测体系时, 不仅要关注传统疫源动物, 更需将目光投向这些游

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2026-0096

离于主流监测视野之外动物类群, 以弥补、消除疫病监测的短板、盲区. 在此基础上, 该团队逐步将研究范围由特定类群拓展至不同生态类型的哺乳动物宿主, 对其病毒多样性及潜在传播关系开展比较分析. 本研究将分析对象扩展至城市适应哺乳动物, 并通过全球尺度的数据整合, 对城市环境中的人畜共患病风险进行了系统评估, 论证城市适应哺乳动物是潜藏病毒库, 是疫病预警体系中不可缺失的节点. 这一研究路径将不同宿主类群纳入统一分析框架, 有助于从整体上理解多宿主体系中的病毒传播模式, 也为在复杂生态背景下识别潜在高风险疫源动物类群提供了基础.

参考文献

1 Jones K E, Patel N G, Levy M A, et al. Global trends in emerging infectious diseases. Nature, 2008, 451: 990–993
2 Olival K J, Hosseini P R, Zambrana-Torrelio C, et al. Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. Nature, 2017, 546: 646–650
3 Plowright R K, Reaser J K, Locke H, et al. Land use-induced spillover: a call to action to safeguard environmental, animal, and human health. Lancet Planet Health, 2021, 5: e237–e245
4 Santini L, González-Suárez M, Russo D, et al. One strategy does not fit all: determinants of urban adaptation in mammals. Ecol Lett, 2019, 22: 365–376
5 Albery G F, Carlson C J, Cohen L E, et al. Urban-adapted mammal species have more known pathogens. Nat Ecol Evol, 2022, 6: 794–801
6 Wei X, Li H, Huang Z Y X, et al. A global-scale assessment of zoonotic virus diversity and spillover potential in urban-adapted mammal species. Nat Microbiol, 2026, 11: 1410–1423
7 Fagre A C, Cohen L E, Eskew E A, et al. Assessing the risk of human-to-wildlife pathogen transmission for conservation and public health. Ecol Lett, 2022, 25: 1534–1549
8 Pickering B, Lung O, Maguire F, et al. Divergent SARS-CoV-2 variant emerges in white-tailed deer with deer-to-human transmission. Nat Microbiol, 2022, 7: 2011–2024
9 Li H, Huang Z Y X, Lan J, et al. Insectivores exhibit superior microbial network connectivity and elevated zoonotic risk by 2035 relative to rodents and bats. Sci China Life Sci, 2026, doi: 10.1007/s11427-025-3257-7
10 Li H, Huang Z Y X, Lan J, et al. Diversity and transmission and zoonotic potential of microbes in true insectivores. Nat Commun, 2025, 16: 6709

Viral diversity and cross-species transmission risk in urban-adapted mammals

ZHOU SiQi[1,2], LIU JianYing[2,3*] & CHENG Gong[1,3*]

[1] *School of Basic Medical Sciences, Tsinghua University, Joint Center for Life Sciences, Tsinghua University-Peking University, Beijing 100084, China*
[2] *School of Basic Medical Sciences, Hubei University of Medicine, Shiyan 442000, China*
[3] *Institute of Infectious Diseases, Shenzhen Bay Laboratory, Shenzhen 518107, China*
* *Corresponding authors, E-mail: liujy@szbl.ac.cn; gongcheng@mail.tsinghua.edu.cn*

doi: 10.1360/SSV-2026-0096

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2026-0096