

新发和烈性传染病的 防控与生物安全^{*}



关武祥 陈新文^{**}

中国科学院武汉病毒研究所 武汉 430071

摘要 近几十年来，SARS 冠状病毒、埃博拉病毒、高致病性禽流感 H7N9 等新发和烈性传染病接连出现，严重影响人类健康。新发和烈性传染病病原由于没有有效的疫苗和药物，具有传染性强、传播速度快、传播范围广等特点，现代生物学技术的发展使得这些病原有可能作为生物武器，威胁我国生物安全。文章分析国内外新发和烈性传染病流行现状，阐述新发和烈性传染病与生物安全的关系以及可能带来的生物恐怖威胁，探讨新发和烈性传染病防控研究的前沿技术，提出了我国新发和烈性传染病防控中存在的问题，同时针对武汉国家生物安全实验室的落成对新发和烈性传染病的防控和生物安全的防护进行了展望。

关键词 新发和烈性传染病，防控，生物安全

DOI 10.16418/j.issn.1000-3045.2016.04.006

新发和烈性传染病指的是新的、刚出现的或呈现抗药性的传染病，其在人群中的发生过去 20 年中不断增加或者有迹象表明在将来其发病有增加的可能性，发病率和致死率比较高，一般没有有效的疫苗和药物。2003 年世界卫生组织（WHO）提出新发传染病是指由新种或新型病原微生物引起的传染病，以及近年来导致区域性或者国际性公共卫生问题的传染病。近年来，新发和烈性传染病如严重急性呼吸综合征（Severe Acute Respiratory Syndrome, SARS）、高致病性禽流感（H5N1、H7N9）、甲型流感（H1N1）、中东呼吸综合征（MERS）、埃博拉（EBOV）和寨卡热等的出现，不仅对人类社会安全造成严重危害，同时也考验着世界各国公共卫生系统应对新发和烈性传染病的防控能力。

1 新发和烈性传染病与生物安全

生物安全是国家安全的重要组成部分，主要指与生物有关的人为或非人为因素对社会、经济、人民健康及生态环境所产生的真实危害或潜在风险，及对这些危害或风险进行预防和控制战略性、综合性措施^[1]。新发和烈性传染病传播速度快，传播范围广，无有效的疫苗

^{*}资助项目：中科院“百人计划”（Y402012YC1）

^{**} 通讯作者

修改稿收到日期：2016 年 2 月 29 日

和药物，致死率高，容易导致社会恐慌，影响社会稳定和经济发展。潜在的生物恐怖使用影响国家安全，引起高度关注，是生物安全体系建设中的核心内容。

《中华人民共和国传染病防治法》规定的传染病分为甲类、乙类和丙类，共39种^[2]。根据病原微生物的传染性、感染后对个体或者群体的危害程度，将病原微生物分为四类：第一类病原微生物，是指能够引起人类或者动物非常严重疾病的微生物，以及我国尚未发现或者已经宣布消灭的微生物。如口蹄疫病毒、高致病性禽流感病毒、EBOV、MERS、SARS（图1）等。第二类病原微生物，是指能够引起人类或者动物严重疾病，比较容易直接或者间接在人与人、动物与人、动物与动物间传播的微生物。如猪瘟病毒、鸡新城疫病毒、狂犬病病毒等。第一类、第二类病原微生物统称为高致病性病原微生物。第三类病原微生物，是指能够引起人类或者动物疾病，但一般情况下对人、动物或者环境不构成严重危害，传播风险有限，并且具备有效治疗和预防措施的微生物。如伪狂犬病病毒、猪繁殖与呼吸综合症病毒、猪细小病毒等。第四类病原微生物，是指在通常情况下不会引起人类或者动物疾病的微生物。如杆状病毒，各类昆虫病毒等。

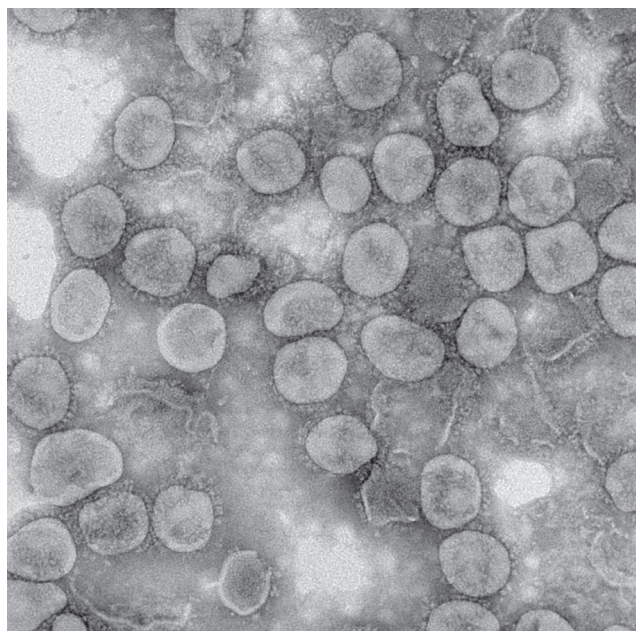


图1 SARS-L 病毒（中科院武汉病毒所石正丽提供）

新发和烈性传染病具有传染性强，传播速度快，传播范围广的特点，近些年呈现明显的上升趋势^[3]。由于新发和烈性传染病大多为人畜共患，病毒在自然宿主内变异快，人群对新发和烈性病毒普遍缺乏免疫力；社会和环境的日益改变也给新发和烈性病毒的传播和流行创造了条件；现代生物学技术的发展使得这些新发和烈性病毒有可能成为致命的生物武器，因此新发和烈性传染病的防控是国家生物安全防控的重要组成部分。

2 新发和烈性传染病流行现状

1940 年以来，全球新发传染病种类不断出现，在20世纪80年代达到高峰^[4]。20世纪70年代中期以来，全球除少数年份未有报道外，大都以每年一种或以上的速度出现，如近10年以来出现的SARS、H5N1高致病性禽流感、血小板减少伴发热综合征（SFTS）（图2）、埃博拉出血热和寨卡热等。综合全球既往新发传染病来看，疾病高危地区多在拉丁美洲、热带非洲和澳洲。新发传染性疾病的分布有地域差异，在北纬30°—60°和南纬30°—40°的区域内，新发传染性疾病的发生比较集中，最“热门”地区为美国东北部、欧洲西部、日本和澳洲东南部。

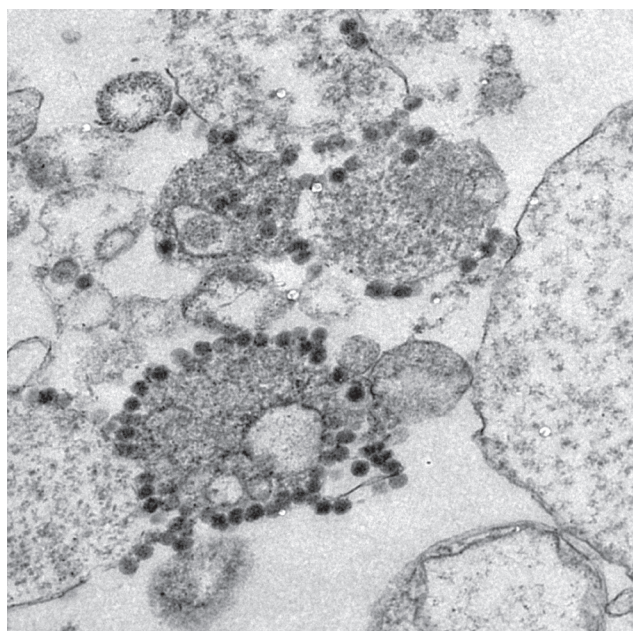


图2 SFTS 病毒（中科院武汉病毒所邓菲提供）

东亚、印度次大陆、尼日尔三角洲、非洲主要大湖地区以及拉美部分地区特别容易受到来自野生动物中所出现疾病的攻击^[5]。新发和烈性传染病具有如下特征。

2.1 新发和烈性传染病发生呈现明显上升态势

1940—2015年间，全球共发现335种感染性疾病^[5]。每年全球至少有1 700万人死于感染性疾病，东南亚地区占41%，约700万人。自20世纪70年代以来，全球共出现新发传染病40多种，并以约每年新发1种的态势发展，中国共发现20多种新发传染病^[6]。

2003年SARS疫情在中国大规模暴发，中国大陆共确诊5 327例，死亡349人。随后波及32个国家和地区，世界范围内共发病8 422例，造成919人死亡，病死率11%^[7]。2005年我国湖南、安徽等17个省区市及香港特区陆续出现H5N1禽流感病例^[8]。2013年初，中国暴发了H7N9高致病性禽流感，据WHO统计，截至2015年2月23日，世界范围内共有571人实验室确认感染H7N9病毒，212例死亡，中国感染人数为568人^[9]。暴发于2009年3—7月的SFTS病毒病，共造成约2 500人感染，死亡率为7.3%，给我国的社会稳定和经济发展造成极大的影响^[10]。

2.2 新发和烈性传染病病原多为人畜共患

研究发现，在近1 000种脊椎动物病毒中，有近300种对人类致病。其中至少204种跨过物种界限从动物传到人，比例高达70%。此外这些脊椎动物病毒中任何一种均有可能成为人类的潜在危害，一旦发生跨种传播，由于个体和人群缺乏免疫力，通常会出现新发传染病并暴发流行。我国地域辽阔、地理环境复杂、动植物分布广泛，为传染病的自然循环提供了宿主、媒介和生态环境（表1）。自1972年以来共出现近50种新发传染病，其中50%以上为病毒病（表2），而大多数病毒病，包括新发病毒病，均为跨种传播后自然疫源性疾病，如SARS、SFTS、H5N1和H7N9等，其病死率均在30%以上，不仅影响了公共健康卫生，而且极大影响了农业和畜牧业的发展^[11, 12]。

表1 近年出现的人兽共患新发和烈性传染病及其媒介动物

疾病名称	病原体	媒介动物
艾滋病	人免疫缺陷病毒	灵长类动物
SARS	冠状病毒	蝙蝠或者果子狸
禽流感	禽流感病毒	禽类
登革热	登革热病毒	蚊子
埃博拉出血热	埃博拉病毒	灵长类动物
尼帕病	尼帕病毒	狐蝠
莱姆病	伯氏疏螺旋体	蜱
基孔肯亚热	基孔肯亚病毒	蚊子
肾综合征出血热	汉坦病毒	鼠类
寨卡热	寨卡病毒	蚊子
中东呼吸系统综合征	新型冠状病毒	骆驼

2.3 新发和烈性传染病感染呈现全球性

由于发达的全球贸易和交通，人口及物品快速流动，社会经济生活迅猛发展，使得人与人之间、人与动物之间的接触机率和频率明显增加，导致新发和烈性病原体传播速度快，波及范围广，易造成全球流行。如2014年在西非出现的EBOV疫情最大且最复杂，出现的病例和死亡数字超过了其往次疫情的总和，不仅在非洲地区跨国界流行，而且通过旅行传播至世界各地^[13]。

我国已相继发生基孔肯亚病毒、MERS、H1N1和寨卡病毒输入性传播。基孔肯亚热主要流行于非洲和东南亚地区，2008年3月4日，在广州确诊一例病人为中国内地首例输入性基孔肯亚热病例^[14]。2009年5月11日四川成都首现输入性H1N1病例，2009年5月29—11月13日，我国内地31个省区市累计报告65 927例确诊病例，死亡43例^[15]。2012年MERS病毒跨越种属限制，从骆驼致人感染，迄今已经在26个国家发现该病毒感染，共造成1 621例实验室确认感染，584名患者死亡，死亡率达36%，2015年我国出现一例MERS输入病例^[16, 17]。2015年底寨卡病毒在南美洲流行，迄今大约20个拉丁美洲和加勒比海地区国家出现寨卡病毒感染病例，2016年2月我国大陆已经确诊5例输入性寨卡病毒感染病例。

表2 近几十年全球出现的重要病毒性新发和烈性传染病

疾病名称	病原体	首次发现年份
寨卡热	寨卡病毒	1947
基孔肯亚热	基孔肯亚病毒	1952
香港流感	甲型H2N3流感病毒	1958
阿根廷出血热	鸠宁病毒	1958
猴痘	猴痘病毒	1958
玻利维亚出血热	马秋博病毒	1958
马尔堡出血热	马尔堡病毒	1967
拉沙热	拉沙病毒	1969
婴幼儿腹泻	轮状病毒	1973
传染性红斑和急性关节病	细小病毒B19	1975
埃博拉出血热	埃博拉病毒	1976
丁型肝炎	丁型肝炎病毒	1977
肾综合征出血热	汉坦病毒	1977
成人T淋巴细胞白血病	人类T淋巴细胞白血病病毒I型	1980
毛细胞白血病	人类T淋巴细胞白血病病毒I型	1982
新型克雅氏病	朊病毒	1982
艾滋病 (AIDS)	人免疫缺陷病毒HIV	1983
婴幼儿急疹	人疱疹病毒6型	1986
巴西出血热	萨比亚病毒	1994
高致病性禽流感	禽流感病毒H5N1	1997
脑膜炎或呼吸系统感染	尼帕病毒	1998
病毒性脑炎	西尼罗病毒	1999
重症急性呼吸综合征(SARS)	新型冠状病毒SARS virus	2003
甲型H1N1 流感	新甲型H1N1 流感病毒	2009
发热伴血小板减少综合征	新型布尼亚病毒	2010
重症肺炎	中东呼吸综合征冠状病毒 MERS-CoV	2012
流感, 重症肺炎	人感染H7N9 禽流感病毒	2013

2.4 人类社会活动对新发和烈性传染病发生的影响

新发和烈性传染病的暴发和流行不仅与微生物自身进化有关,而且受社会因素和环境因素影响。我国正处于社会经济快速发展阶段,伴随着经济的发展和对外环境的开发与利用,人和动物、自然界的接触机会增多,感染病毒的机会也在增加,给传染病的发生流行创

造了有利的条件^[18]。如2003年SARS从其自然宿主传播到人群,H5N1和H7N9从禽类传播到人群,引起疾病的流行。

研究人员从事病毒研究活动过程中,操作不慎也可能导致新发和烈性传染病的流行。2004年中国疾病预防控制中心研究人员在研究中灭活病毒不彻底,导致实验室研究人员感染,然后通过人群传播,导致多人感染,1人死亡,而且给当地旅游业造成约100亿人民币的损失^[18]。由此可见,实验室的生物安全防护也必不可少。

3 新发和烈性传染病与生物恐怖

现代分子生物学的发展,通过合成生物学、反向遗传技术使得一些高致病性病毒得以在体外重组拯救。目前多种烈性病毒已经在体外拯救出重组病毒,如EBOV、马尔堡病毒、尼帕病毒和高致病性流感病毒等。这些技术的发展一方面为病毒学基础研究提供了良好的工具;另一方面,如果使用不当,则会给人类健康、环境带来灾害,并可带来生物恐怖的风险。2001年美国发生“炭疽信件”事件,造成5人死亡,多人感染,在全国范围内引起恐慌,给全世界的生物安全敲响了警钟^[19]。因此,生物恐怖的风险不可忽视,生物恐怖的应对已成为新时期国家安全的重要组成部分,直接关系到经济发展、社会稳定、人类健康和国家安全。

4 新发和烈性传染病防控研究的前沿

新发和烈性传染病的防控是生物安全研究领域的主要内容之一,也是目前传染病研究领域的重点,其主要研究前沿包括四个方面的内容。

4.1 反向遗传学研究

利用病毒的基因组,在培养细胞或易感宿主中重新拯救出活病毒的病毒反向遗传学是现代病毒学的前沿技术。在缺乏病毒资源的情况下,人工合成病毒复制子、建立假病毒和感染性克隆体系,通过荧光报告系统进行疫苗和药物评价。定向修饰病毒的基因组序列,检测被

拯救的人工改造病毒的表型，可以在体内有效地研究病毒基因结构、功能和病毒-宿主相互作用。通过对关键基因的改造，还可能得到减毒毒株，开发新型的疫苗。自1978年第一例RNA病毒Q β 噬菌体的成功拯救以来，多种RNA病毒如EBOV、马尔堡病毒和流感病毒等的反向遗传系统已经被建立^[20-25]。

4.2 基础病原学研究

病毒的基础病原学研究如跨种传播机制、病毒的受体、病毒复制机制、病毒与宿主相互作用、病毒感染与免疫系统之间的关系等都是病毒学领域研究的热点。我国由于缺乏高等级生物安全实验室，在新发和烈性病毒的病原学研究方面一直比较落后。2003年SARS暴发之后，研究人员开展了大量高致病性病毒的研究工作。如中科院的科学家在SARS冠状病毒的跨种传播与受体方面取得了良好的进展，揭示了蝙蝠是SARS冠状病毒的天然宿主，获得了国际同行的认可^[26,27]。这些基础病原学的研究，不仅揭示了病毒感染过程中的机理，也为疫苗和药物的设计提供了新的思路。

4.3 检测技术

传统病毒学诊断方法如抗原抗体检测、荧光定量PCR、病毒的分离与鉴定等，面对自然界中存在的众多可能的病原体，在检测上都具有通量和时间上的明显限制。自然界存在的动物病毒，对人类是否致病永远是未知的和动态的，如果想迅速准确的确定临床不明原因传染病相关病原体，无论是新发、突发或发热等不明原因疾病，都需要不断的研究和改进新的方法、技术和设备。基因组学及生物信息学的发展，使得研究人员可以在短时间内获得同一样本的所有基因序列信息，寻找感染的可能病原体，相关方法目前成为病毒本底调查和检测技术的一个手段。高灵敏度、高特异性、重复性好、高通量检测病原体的仪器和设备是病原体早期诊断的重要研究方向和内容。

4.4 疫苗和药物

疫苗和药物是应对新发和烈性传染病流行的有效手

段，针对传染病的疫苗有灭活疫苗、减毒活疫苗、基因工程疫苗等不同类型，药物主要有小分子化合物、抗体和抗血清等。由于新发和烈性传染病在暴发早期具有不可预见性，大多数新发和烈性传染病并没有有效的疫苗和药物储备，因此在应对疾病流行时非常被动。开发疫苗和药物不仅是新发和烈性传染病领域中最迫切需要解决的问题，也是生物安全领域中应对生物恐怖的重要手段。

5 我国新发和烈性传染病与生物安全方面存在的问题

建国以来，我国已经初步建立了生物安全防范体系，在对鼠疫、炭疽、疟疾等在人类历史上已经存在并且造成重大危害的传染病防护上取得了显著的成绩。但是在防范由高致病性病毒如SARS、高致病性禽流感、SFTS、MERS引发的新发和烈性传染病这一领域与发达国家相比，还比较薄弱。在最近10年抗击高致病性病毒流行的过程中暴露出我国在高致病性病毒资源储备、检测技术、监测与预警能力建设、疫苗的研发、药物筛选等方面均存在严重的不足。由于缺乏高等级生物安全实验室，高致病性病原体菌毒种分离筛选、引进和保藏无法开展，导致我国新发和烈性传染病研究基础落后，在生物安全防控、疫苗和药物储备等方面严重不足。因此，针对未来可能的生物安全威胁，依托高等级生物安全实验室平台，应根据我国生物安全领域的发展状况和特点，逐步完善和提升我国的生物安全防范体系，充分保障我国的国家安全。

5.1 病毒资源储备和基础研究不足

病原材料是进行传染病防治、科学研究、疫苗开发和药物评价等工作的重要基础和支撑条件，是国家重要的生物资源，也是保障国家安全、经济安全和生物安全的重要战略资源。国外非常重视对病毒资源的收集和保存，并把对病毒资源的占有和对其研究的深度看作一个国家可持续发展能力和综合国力的象征之一。早在1946年，美国就建立了国家植物种质系统。我国病毒

资源收集保存始于20世纪80年代,近年来随着对科研投入的增加,我国对病毒资源的物种收集保存数量虽然在短期内取得较快的进展,然而,病毒资源的收集保存标准规范、质量控制、全球视野、区域布局、优先物种以及技术支撑建设仍有待进一步加强和完善。

新发和烈性传染病病原体变异规律、致病机制、机体防御机理等多学科的系统研究不仅体现了一个国家传染病理论研究水平,而且是传染病预防与控制水平的提升基础。欧美等国家利用高等级生物安全实验室长期对高致病性病毒如EBOV等进行基础研究并取得了良好的进展,在应对EBOV疫情中体现了强大的生物安全防御能力。我国在SARS、高致病性禽流感感和SFTS等新发和烈性传染病肆虐之后开始了相关病毒的基础研究,但相对落后,而且对一些潜在引发烈性传染病的病毒缺乏超前布局。

5.2 检测技术落后

目前针对新发和烈性传染病普遍缺乏有效的预防和治疗手段,因此隔离治疗前的及时、准确诊断,是控制这些传染病最为有效的手段之一。快速、准确、灵敏、操作简便的现场检测技术的开发和应用,对病原体实行特异性强、敏感度高、操作简便的实时检测,对于及时采取措施、防控疫情蔓延至关重要。我国在“十一五”和“十二五”期间利用重大传染病专项布局传染病防控的能力建设,在传染病早期快速诊断方面的能力有了显著提高,但是应对这些高致病性病毒的检测技术和设备还需要在高等级生物安全实验室中进行检验。

5.3 疫苗和药物研发滞后

疫苗和药物是控制高致病性病毒性传染病流行的有效手段。预防接种不但可以保护个体免受传染病病原体的侵袭,而且也在群体中限制了病原微生物的传播。目前尚无疫苗或特异药物治疗的高致病性病毒病原包括EBOV、SARS冠状病毒、马尔堡病毒、蜱传脑炎病毒、CCHFV、NiV、高致病性禽流感病毒、基孔肯亚病毒、MERS和寨卡病毒等。因此急需研制出安全的新型疫苗和

抗病毒药物,并籍此建立和完善一套新型疫苗和药物筛选的通用研发体系,以便随时应付将来可能出现的生物安全紧急状况。

5.4 预警能力不足

应对高致病性病毒导致的新发传染病和突发疫情,预防的关键是及早侦察病原体、控制传染源,早期预测其传播风险,切断传播途径。由于生物安全威胁突发事件的表征可能多种多样,需要多角度、多层面的信息平台支撑,形成生物威胁突发事件信息综合分析的中心,整合各方面的信息,并将分析结果、预警和提示信息及时地通知有关部门,以便能作出有效的应对。因此建立及早识别生物威胁事件的情报信息预警系统,并作出迅速有效的响应是国家生物防御能力建设的重要内容。有效的预警可以及时发现爆发和流行的可能性,以便尽早采取有效的防控措施,降低发病率和死亡率。

6 建议与举措

针对目前我国在新发和烈性传染病防治方面存在的各种问题,在总结借鉴其他国家管理体系建设经验的基础上,提出我国应对新发和烈性传染病的建议与举措。

(1) **改革应急管理体制。**我国需要建立一个更具权威的组织机构将新发和烈性传染病防控宏观决策方面的工作统筹起来,实现一体化的防疫体系,实现应急管理从事后被动性到事前主动性的积极转变。

(2) **健全应急管理体制机制。**加快有关突发公共事件应急处置的单项法律规范的立法,将重大疫情融入自然灾害、生物恐怖袭击等紧急事件的管理规范中。建立政府部门、行业组织和社会公众三方监督机制,以此推动立法、执法和守法三个目标的高度统一。

(3) **创新应急管理运行机制,实现网络治理,启动社会联动机制。**健全信息收集和报告体系,进一步完善国家动物疫病测报网络,搭建全国统一的监测与疫情信息平台。

(4) **加强财政保障,完善预案编制与管理。**做好各

病种应急预案的制定和完善工作,加大对应急演练工作的支持力度。

(5) **推进应急资源储备系统建设。**加强病毒资源储备,提前布局检测技术研发与改进、疫苗和药物研发等工作。建立应急预算制度和基金,保证科学配比资金投入,加大预防性投入。

(6) **加强病毒学基础研究。**增加国家基础研究经费投入比例以及对基础研究的扶持。争取在疾病流行早期做到早发现、早诊断、早治疗,提高我国应对新发和烈性传染病的能力。

7 展望

2015年,WHO在“预防传染病研发行动蓝图”计划中公布了8种最致命的几种病毒,包括EBOV、马尔堡病毒、SARS病毒、MERS病毒、拉沙热病毒、尼帕病毒、裂谷热和克里米亚刚果出血热病毒。比较重要的第二类病毒包括基孔肯亚病毒、SFTS病毒和寨卡病毒。在我国这些病毒很多都未受到相关研究资助或得到应有的重视。在中科院的支持下,武汉病毒所依托国家高等级生物安全实验室,组织科学家提前布局了这11种病毒的基础和应用研究,主要包括这些烈性病毒的资源储备、病原学研究、检测技术和设备的研发等工作;同时也布局了针对自然界中不同动物中流行病毒本底水平的长期监测;研究高等级生物安全相关的法律法规,这些工作为我国生物安全奠定了一定的基础。武汉病毒所研究人员力争通过5—10年的努力在新发和烈性病毒的资源储备、基础研究、检测技术和设备研发、预警能力、疫苗评价和开发等方面形成突破;加入WHO的网络参考实验室;促进人才培养和储备,提升我国应对新发和烈性传染病及生物安全防御能力,为我国的生物安全构筑坚实的防线。

参考文献

- 张谨. 生物安全问题及我们的对策. 社会科学, 2004, 9: 64-69.
- 中华人民共和国人民代表大会常务委员会. 中华人民共和国传染病防治法. 北京, 2004.
- 向浩, 雷正龙, 聂绍发. 新发传染病应对策略与措施. 疾病控制杂志, 2006, 2: 183-185.
- 秦川. 动物与新发传染病. 实验动物与比较医学, 2008, 28 (3): 133-137.
- Jones K E, Patel N G, Levy M A, et al. Global trends in emerging infectious diseases. Nature, 2008, 451 (7181): 990-993.
- 张斯钰, 罗普泉, 高立冬. 中国重点新发传染病的流行现状与应对策略. 中华疾病控制杂志, 2012, 16 (10): 892-896.
- 张洪君, 穆念河. 14种新发传染病流行特征及控制对策. 中国初级卫生保健, 2005, 19 (4): 39-41.
- 向妮娟, 周蕾, 怀扬, 等. 2005—2009年中国人禽流感(H5N1)病例流行病学特征分析. 实用预防医学, 2010, 17 (6): 1070-1073.
- 张建中. 中国新发传染病研究的开拓者们——《微生物学通报》创刊40周年纪念. 微生物学通报, 2014, 41 (3): 511-519.
- Liu Q, He B, Huang S Y, et al. Severe fever with thrombocytopenia syndrome, an emerging tick-borne zoonosis. Lancet Infect Dis, 2014, 14 (8): 763-72.
- 朱科伦, 朱邨炯, 曾文铤, 等. 从甲型H1N1流感的流行认识新发传染病的特点. 广州医药, 2009, 40 (6): 1-2.
- Real L A, Biek R. Infectious disease modeling and the dynamics of transmission. Curr Top Microbiol Immunol, 2007, 315: 33-49.
- Baize S. Ebola virus in West Africa: new conquered territories and new risks-or how I learned to stop worrying and (not) love Ebola virus. Curr. Opin. Virol., 2015, (10): 70-76.
- 何展, 吴文锋, 杨适乡, 等. 广东省茂名市首起输入性基孔肯雅热疫情调查. 疾病监测, 2009, 24 (3): 228-229.
- 李铁钢, 王玉林, 范建文, 等. 我国首例重症甲型H1N1流感病例流行病学调查分析. 中国预防医学杂志, 2009, 10 (10): 887-889.
- 夏雨. 中东呼吸综合征流行病学特征、临床表现及诊疗措施.

- 海南医学, 2015, 26 (13): 1897.
- 17 李行舟, 周辛波, 钟武. 中东呼吸综合征的临床治疗和小分子治疗药物研究进展. 国际药学研究杂志, 2015, 42 (3): 296-302.
 - 18 赵月娥, 王淑兰, 史套兴. 新发传染病出现的机制和影响因素分析. 解放军预防医学杂志, 2008, 26 (3): 157-159.
 - 19 朱其太, 顾景堂. 炭疽热频袭美国, 认识防范刻不容缓. 畜牧兽医科技信息, 2002, 18 (1): 19.
 - 20 Albarino C G, Uebelhoefer L S, Vincent J P, et al. Development of a reverse genetics system to generate recombinant Marburg virus derived from a bat isolate. *Virology*, 2013, 446 (1-2): 230-237.
 - 21 Albarino C G, Wiggleton Guerrero L, Lo M K, et al. Development of a reverse genetics system to generate a recombinant Ebola virus Makona expressing a green fluorescent protein. *Virology*, 2015, 484: 259-264.
 - 22 Castrucci M R, Kawaoka Y. Reverse genetics system for generation of an influenza A virus mutant containing a deletion of the carboxyl-terminal residue of M2 protein. *J. Virol.*, 1995, 69 (5): 2725-2728.
 - 23 Neumann G, Kawaoka Y. Reverse genetics of influenza virus. *Virology*, 2001, 287 (2): 243-250.
 - 24 Pleschka S, Jaskunas R, Engelhardt O G, et al. A plasmid-based reverse genetics system for influenza A virus. *J. Virol.*, 1996, 70 (6): 4188-4192.
 - 25 Fodor E, Devenish L, Engelhardt O G, et al. Rescue of influenza A virus from recombinant DNA. *J. Virol.*, 1999, 73 (11): 9679-9682.
 - 26 Ge X Y, Li J L, Yang X L, et al. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*, 2013, 503 (7477): 535-538.
 - 27 Li W, Shi Z, Yu M, et al. Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*, 2005, 310 (5748): 676-679.

Prevention and Control of Emerging Viral Infectious Diseases and Biological Security

Guan Wuxiang Chen Xinwen

(Wuhan Institute of Virology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430071, China)

Abstract In the past decades, the emerging and reemerging viral infectious pathogens such as SARS-CoV, Ebola virus, and influenza virus H7N9 that cause serious diseases have been a great threat to human health. No vaccines and drugs are available for those deadly viruses that are highly contagious and fast spreading among different species. With technology of reverse genetics, these viruses could be modified to be fatal biological weapons since most animals and human are susceptible to those viruses, which could be a potential threat to our biological security. With an introduction of the epidemiology of emerging and reemerging viral infectious pathogens in our country as well as all over the world, this study focused on the following aspects: (1) the relationship between emerging infectious pathogens and biological security; (2) the cutting-edge technology for the prevention and control of emerging infectious pathogens; (3) the problems to be solved in the prevention and control of emerging infectious pathogens in our country though numerous advances have been made in recent years; and (4) the perspective of biodefense in our country after the highest level of national biosafety lab was established in Wuhan.

Keywords emerging and reemerging infectious pathogens, prevention and control, biological security

关武祥 中科院武汉病毒所研究员，博士生导师，中科院“百人计划”入选者。2000年和2003年分别获华中科技大学临床医学学士和病原生物学硕士学位，2006年获中国疾病预防控制中心病毒预防控制所分子免疫学博士学位。2007—2012年先后在美国堪萨斯大学医学中心和斯托瓦斯医学研究所从事分子病毒学和分子生物学博士后研究。目前主要从事DNA病毒复制机理、转录后调控以及非编码RNA功能与末端形成机制的研究。近年在*J. Virol.*, *JBC*和*Blood*等病毒学高水平杂志上发表论文10余篇。现主持中科院“百人计划”项目和自然科学基金面上项目。E-mail: guanwx@wh.iov.cn

Guan Wuxiang Ph.D., Professor of Wuhan Institute of Virology (WIV), Chinese Academy of Sciences (CAS). Dr. Guan obtained his BSc of Clinical Medicine in 2000, MSc of Virology in 2003 from Tongji Medical University. His Ph.D. was awarded by Institute of Viral Disease Control and Prevention, Chinese CDC in 2006. Dr. Guan did research in University of Kansas Medical Center (2007–2009), in Stowers Institute of Medical Research (2010–2012) before joining Wuhan Institute of Virology in June 2012. His research interest focuses not only on understanding the mechanism of DNA replication of virus, but also the 3' end biogenesis of RNA with molecular biology and biochemistry methods. In the past 5 years, Dr. Guan has published 5 papers on *J. Virol.* and *JBC* as first author. Dr. Guan's ongoing projects are funded by the "Hundred Talent Program" of CAS, and also by National Natural Science Foundation of China. E-mail: guanwx@wh.iov.cn

陈新文 男，中科院武汉病毒所所长，研究员。1986年毕业于华中师范大学生物学系，1988年于河南工业大学研究生班毕业，2001年获荷兰瓦赫宁根（Wageningen University）病毒学专业博士学位。先后赴美国加利福尼亚大学伯克利分校（University of California, Berkeley）和荷兰瓦赫宁根大学开展合作研究。中科院“百人计划”入选者，国家杰出青年基金获得者。兼任《中国病毒学》主编、《中国生物学文摘》编委。中国微生物学会病原微生物和免疫学专业委员会委员。湖北省微生物学会常务副理事长，湖北生物工程学会常务副理事长。曾获国家技术发明奖二等奖。目前承担多个“973”、国家自然科学基金课题和中科院方向性项目等课题。已发表论文144篇，其中SCI收录82篇。E-mail: chenxw@wh.iov.cn

Chen Xinwen Male, Ph.D., Professor. He obtained his BSc and MSc from the Department of Biology, Central China Normal University in 1986 and Henan University of Technology in 1988, respectively. He obtained his Ph.D. degree from Wageningen University in 2001. He subsequently worked at the University of California at Berkeley and Wageningen University as a visiting scientist. Dr. Chen is one of the scientists in the "Hundred Talent Program" of CAS and one of the awardees of the "National Outstanding Youth Fund". Dr. Chen's current positions include Deputy Director of WIV and Vice Director of the institute's Scientific Advisory Board. He is also a member of WIV's Academic Degree Committee, Dean of the Department of Molecular Virology, and Principal of the Hepatitis Virus Lab. In addition, Dr. Chen is also Editor-in-Chief of *Virologica Sinica* and editor of Chinese Biological Abstracts. He is a permanent member of Chinese Society of Microbiology, a member of the Council of Hubei Society of Microbiology, and a member of the Council of Hubei Society of Biotechnology. Dr. Chen has published 144 papers, 82 of which are indexed by *SCI*. He was also awarded second prize of the "National Innovation Award". E-mail: chenxw@wh.iov.cn