



氣候變遷下 對動物傳染病的 預測與挑戰

李璠¹

一、前言

根據世界動物衛生組織的資料顯示，全球的人類新興傳染病中，至少四分之三來自於動物，也就是所謂的人畜共通傳染病（Zoonosis）。這些與人類健康息息相關的傳染病之中，由節肢動物傳播的人畜共通傳染病（Arthropod-borne Zoonosis），特別受到矚目。從直觀的角度來看，傳播這些疾病的節肢動物病媒在動物體外繁衍，因為它們的生活史受到外在環境因子的影響很大，或許會讓我們認為，只要掌握了外在環境的變動模式，便可以推估這類傳染病

在全球的疾病樣態。然而，事實是否果真如此？

二、從幾個病媒及病原領域擴張的例子說起

節肢動物媒介的人畜共通傳染病，由蚊（Mosquitoes）、蠅（Flies）、蠓（Midges）、蜱（Ticks）、蚤（Fleas）等特定的節肢動物帶著病原微生物在人類與特定的動物宿主之間來來去去，世界衛生組織推估每年全球大約有70萬人因這些傳染病而死亡。傳染病病

註1：行政院農業委員會家畜衛生試驗所。

原的宿主、病媒以及病原微生物之間藉著龐雜繁複的交互作用，讓病媒和病原微生物與宿主構成獨特的依存與平衡關係。單就蚊來說，有3個屬的蚊是傳播疾病最主要的病媒：斑紋屬 (*Aedes*，亦譯為伊蚊屬)、瘧蚊屬 (*Anopheles*，亦譯為按蚊屬)、庫蚊屬 (*Culex*，亦譯為家蚊屬)，其中較為人所知者，如埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*)、白線斑蚊 (*Aedes albopictus*) 傳播登革熱病毒、屈公病病毒 (Chikungunya Virus)、茲卡病毒 (Zika Virus)；甘比亞瘧蚊 (*Anopheles gambiae*) 傳播瘧疾原蟲 (*Plasmodium* spp.) 及絲狀蟲 (*Dirofilaria immitis* 與 *Wuchereria bancrofti*)；尖音家蚊 (*Culex pipiens*)、煤斑蚊 (*Culex tarsalis*)、致倦家蚊 (*Culex quinquefasciatus*)、三斑家蚊 (*Culex tritaeniorhynchus*) 傳播西尼羅病毒 (West Nile Virus)、聖路易腦炎 (Saint Louis Encephalitis Virus)、日本腦炎 (Japanese Encephalitis Virus) 等病原。另一類稱為庫蠓 (Biting Midges；*Culicoides* spp.) 的雙翅目昆蟲，則能傳播藍舌病病毒 (Bluetongue Virus)、地方流行性出血病病毒 (Epizootic Hemorrhagic Disease Virus)、施馬倫貝格病毒 (Schmallenberg Virus) 等動物病原微生物。

蚊與庫蠓這些雙翅目病媒昆蟲，由於通常將卵產在溪畔、泥沼、池塘、積水樹洞等潮濕的環境，幼蟲與蛹也需要這樣的環境生長及羽化，所以降雨量與氣溫就成了左右病媒昆蟲繁衍數量與生活史長短的重要環境因子。豐沛的雨量提供了更多繁殖場所的選擇，較高的氣溫則使昆蟲由卵、幼蟲、蛹至成蟲的時間縮短，讓昆蟲可以在同樣的時間內繁衍更多的世代。以前面提到的蚊來說，埃及斑蚊與白線斑蚊棲地的擴張，把屈公病病毒從非洲和東南亞帶到了亞熱帶與西半球。然而，瘧蚊憑藉的卻是耐旱的特性，在極端氣候下保有生存和傳播瘧疾的能力。致倦家蚊原本分布在熱帶與亞熱帶，尖音家蚊原本是溫帶地區的昆蟲，但這些蚊種在北美洲有逐漸北移的趨勢，也可能將疾病逐漸帶向高緯度地區。北美常見的索諾拉庫蠓 (*Culicoides sonorensis*) (圖1左) 原本主要分布於北美洲緯度較低的地區，近年也被發現北遷至過去未曾發現此種庫蠓的加拿大安大略省南部。藍舌病自1996年起由北非與中東地區入侵西歐，至今在數個歐洲國家仍有病例；施馬倫貝格病毒感染症在歐洲造成牛羊產業重大的經濟損失，也與另一種原本分布於非洲與中東的淺翅庫蠓 (*Culicoides imicola*) (圖1右) 擴展至歐洲有關。這些例子都說明了病原微生物的入侵固然有多種可能的途徑，但是要在一個地區定居下來，非



圖1. (左) 北美地區藍舌病毒的主要傳播媒介索諾拉庫蠅。(右) 藍舌病毒、施馬倫貝格病毒與非洲馬疫病毒在非洲與歐洲的主要傳播媒介淺翅庫蠅。

圖片來源：Global Biodiversity Information Facility 網站。

得仰賴合適的病媒節肢動物，才能在宿主個體之間構成穩定的傳播鏈。

三、蟲媒傳染病流行病學傳播模式的建立

如果蟲媒傳染病的傳播與病媒昆蟲的活動與分布如此密不可分，那麼假使人類能夠掌握環境因子的變動，進而推估病媒昆蟲活動頻度與棲息領域的變化，是不是就可以進一步預測相關傳染病的傳播模式與風險？

關於環境因子的掌握，首先要面對的挑戰就是對氣候預測的準確度。全球氣候模式的建立可以溯及到1960年代，主要奠基於來自大氣與洋流的觀測資訊，在當時稱為「大氣環流模式」(General Circulation Model, GCM)。隨著資訊工具與運

算速度的蓬勃發展，「大氣環流模式」的升級也突飛猛進，從最初只能處理較單純的大氣與洋流變化，演進至能夠納入風、雲層、地表、海洋、冰層等地表現象而進行更複雜的氣候模擬。在21世紀初，相關的研究已經從「大氣環流模式」演進至「地球系統模式」(Earth System Model, ESM)，能夠透過流體力學與熱力學的方程式計算，並分析氣候與生物地理化學因素(如地表植被、海洋生物地理化學)之間的交互作用，甚至加入人類活動的因素(如都市化、人口改變)做更複雜的研究，成為「整合型地球系統模式」(Integrated ESM, IESM)。這些科技進步均有助於在人類族群成長、全球暖化、極端氣候等變因的大環境下，逐步建立疾病發生的模式並探討預測的可能性。

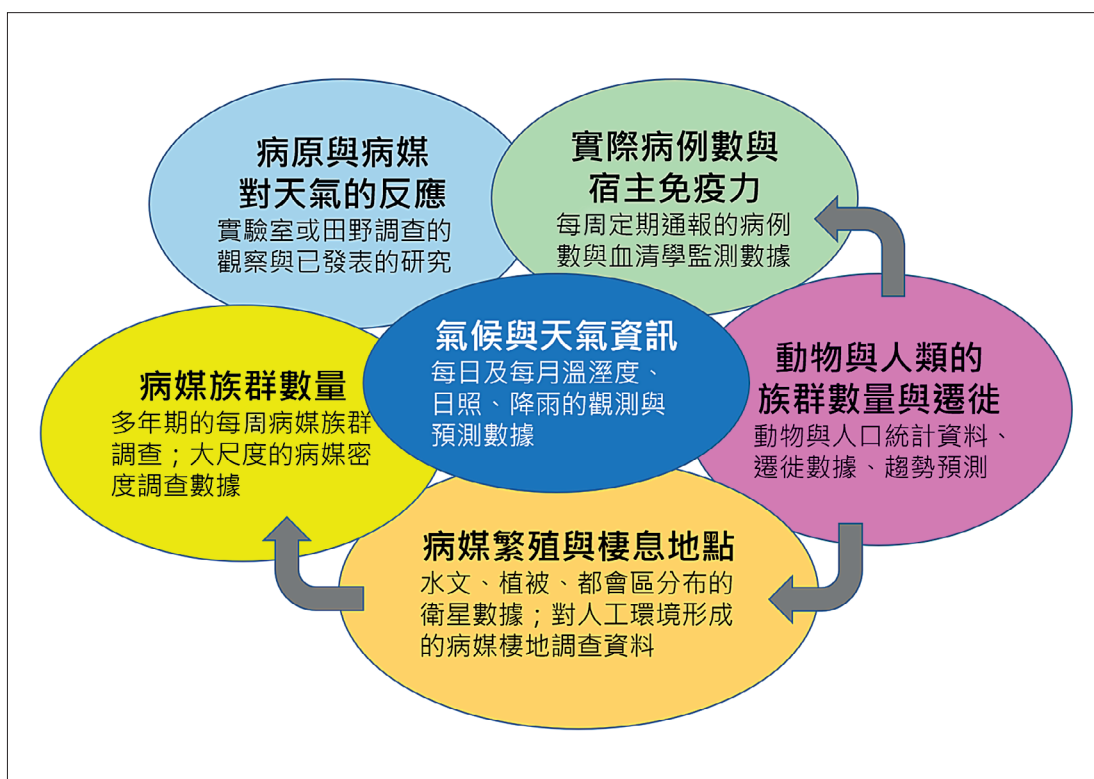


圖2. 氣候數據與流行病學數據的資訊整合。箭頭代表該類別的數據可提供另一類別額外的分析資料。
圖片摘譯自Bartlow等學者於2019年發表的論文。

四、聽起來環境預測技術日趨成熟， 說好的疾病預測呢？

雖然人類對於自然環境預測的掌握度隨著科技進步而大有斬獲，要將自然環境數據與人類活動的數據，諸如人口成長、人口遷徙、都市化程度、溫室氣體排放、熱島效應等天差地遠的不同類型資料對接在一起，依然有相當的難度。依美國羅斯阿拉摩實驗室（美國在二戰期間研製原子彈的機構）Bartlow等學者的見解，無論是長期或短期預測，人類想要對疾病爆發的風險進行大尺度的預測，至

少還有3大挑戰有待克服。

首先，目前尚無系統能有效整合大尺度的水文、植被、溫度、濕度、人類族群密度、人類移動、宿主動物族群與移動等數據，而這些數據關乎病媒昆蟲的棲地、繁殖動態、病原微生物增殖。此外，科學家還需要許多不同類別的基礎數據（Baseline Data）用來建立流行病學與氣候的模式（圖2），而這些數據的累積並不容易。

其次，即便人類族群的密度與移動已能掌握，動物族群數量改變與遷移的數據非常難以獲得，在某些地區甚至根本無法取得。而前面所提的還



只是對家畜、家禽而言，對於更龐大且多樣的野生動物族群，人類能夠獲得的動態資訊更是非常有限。

第三，目前還沒有先進的資訊整合與探勘系統能夠從不同的數據來源攷取出具關鍵性的數據，用來發展與評估大尺度且複雜的疾病預測模式。氣候變化、人類與動物的活動、病媒動態、傳染性病原微生物，每一個體系單獨來看都是非常複雜的系統，想要整合這些系統並且進行資料探勘並找出可用的預測指標，進而進行特定疾病的流行預測及風險地圖的描繪，即便在人工智慧蓬勃發展的今日，依然是個值得期待但卻困難重重的願景。

五、結語：如果疾病預測仍遙不可及，當下能做的是什麼？

由於氣候變遷對傳染病影響的機制錯綜複雜，研究與分析的困難度不在話下。在這樣的複雜性與不確定性下，雖然對特定疾病的預測難上加難，但氣候變遷對疾病版圖與出現頻度的影響已然浮現，也對人類與畜牧

業產生實際的衝擊。在食用的預測模式出現之前，與其漫無邊際、缺乏科學依據的預測，不如著眼於當前可以努力的幾個面向：

- (一) 持續改善灌溉、飲水、運輸等基礎建設，促進畜牧設施生物安全的強化與產業的轉型與升級。這些資源的投入，對動物傳染病甚至人畜共通傳染病的控制能提供最直接的助益。
- (二) 持續監測傳染病的盛行與分布，及時發現問題並尋求對策。縱使人類在大尺度、全球性的疾病預測仍力有未逮，對於有限範圍內的傳染病監控仍然可以盡力做到。
- (三) 透過國際及公私領域的合作，共同處理區域性的動物健康與環境議題。臺灣身處的亞洲地區，自2016年起陸續受到小反芻獸疫、非洲豬瘟、非洲馬疫、牛結節疹等重要動物傳染病幅員擴張的衝擊，區域內國家與國家之間的疫病資訊分享、疫病通報透明化、實驗室互援與合作，對於拒疾病於境外的重要性絕對重要。
- (四) 建立各類即時數據的技術與廣納各類數據並擴充數據來源，持續投入研究資源，仍然有助於人類朝向傳染病預測的美好願景邁進。