专家述评

汉坦病毒感染的全球流行态势与防控挑战

卢永辉,鲁心怡 陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院感染控制科,重庆市教育委员会医院感染监测与控制重点实验室,重庆

[摘要] 汉坦病毒是全球分布最广的人畜共患病原体之一,每年报告病例约1万~10万例,实际感染数可能远超此数。宿主啮齿动物的地理分布决定了病毒的种类与流行区域,旧大陆(亚欧大陆)汉坦病毒(如汉滩病毒、首尔病毒、多布拉伐病毒及普马拉病毒等)引发肾综合征出血热(病死率0.1%~12.0%),新大陆(美洲)病毒(如辛诺柏病毒、安第斯病毒等)引发汉坦病毒心肺综合征(病死率高达40%)。当前全球感染呈上升趋势,汉坦病毒的生态复杂性决定了其将持续构成全球公共健康威胁。防控面临四大核心挑战:鉴别诊断能力不足导致临床漏诊延迟、气候变化加速宿主扩散与接触风险、资源匮乏地区缺乏床旁诊断工具,以及非洲等部分地区仍存在监测空白。单一维度的监测或治疗策略难以应对汉坦病毒的多变演化,必须整合生态监测、实验室能力建设、区域协作与公共卫生基础设施,以构建可持续的防控体系。中国在使用灭活疫苗方面已取得显著成效,但欧美等主要流行区仍缺乏获批疫苗;新型疫苗(DNA疫苗、病毒样颗粒疫苗等)尚处于研发阶段。本文通过系统整合全球汉坦病毒的最新流行病学数据、致病与疾病进程机制等前沿研究进展,全面梳理了病毒-宿主-环境互作网络中的关键节点,为不同流行区制定因地适宜的防控策略提供了全景式参考框架,有助于推动从被动应对转向基于生态预测和早期预警的主动防御模式。

[关键词] 汉坦病毒感染;正汉坦病毒属;肾综合征出血热;汉坦病毒心肺综合征;全球健康;人畜共患病

[中图法分类号] R195.4;R512.8 [文献标志码] A

Global epidemiological trends and challenges of hantavirus infection prevention and control

Lu Yonghui, Lu Xinyi Department of Infection Control, Key Laboratory of Chongqing Municipal Education Commission for Nosocomial Infection Surveillance and Control, Second Affiliated Hospital, Army Medical University (Third Military Medical University), Chongqing, China

[Abstract] Hantaviruses are among the most widely distributed zoonotic pathogens worldwide, with approximately 10 000 to 100 000 cases reported annually, while the actual number of infections may far

[基金项目] 重庆市疾病预防控制局疾控科研项目(2026JKXM047)

[通信作者] 卢永辉,医学博士,副教授,陆军军医大学第二附属医院感染控制科主任,陆军军医大学优秀人才(苗圃人才),重庆市科技专家库专家。主要从事环境有害因素健康危害、医院感染和传染病防控研究。兼任中国老年医学学会感染管理质量控制分会委员,重庆市医师协会公卫医师分会副主任委员,重庆市医院协会传染病专业委员会委员,重庆市医学会临床流行病学和循证医学分会青年委员,重庆市医院感染质控中心专家委员会委员。主持国家自然科学基金、军队科研课题等6项,在国内外期刊发表论文60余篇,以第一或通讯作者在Biomaterials、Acta Pharmacologica Sinica、Journal of Nanobiotechnology等期刊发表SCI论文8篇,副主编教材1部,参编教材5部。E-mail: luyonghui@tmmu.edu.cn

2097-0927/Copyright © 2026, 陆军军医大学(第三军医大学)。这篇开放获取文章遵循 CC BY 许可协议 (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

引用格式:卢永辉,鲁心怡. 汉坦病毒感染的全球流行态势与防控挑战[J]. 陆军军医大学学报,2026,48(19):2693-2703. DOI:10.16016/j.2097-0927.202606102.

Citation:Lu Y H,Lu X Y. Global epidemiological trends and challenges of hantavirus infection prevention and control[J]. J Army Med Univ,2026,48(19):2693-2703. DOI:10.16016/j.2097-0927.202606102.

exceed this figure. The geographic distribution of rodent hosts determines viral species and epidemic regions. Old World (Eurasia) hantaviruses such as Hantaan virus, Seoul virus, Dobrava virus, and Puumala virus cause hemorrhagic fever with renal syndrome (case fatality rate: 0.1% to 12.0%), whereas New World (Americas) viruses such as Sin Nombre virus and Andes virus cause hantavirus cardiopulmonary syndrome (case fatality rate: up to 40%). Currently, global infections are on the rise, and the ecological complexity of hantaviruses ensures that they will continue to pose a global public health threat. Four major challenges confront prevention and control efforts: insufficient capacity for differential diagnosis leading to missed or delayed clinical diagnosis, climate change accelerating host expansion and contact risk, lack of point-of-care diagnostic tools in resource-limited settings, and persistent surveillance gaps in regions such as Africa. Single-dimensional surveillance or therapeutic strategies are inadequate to address the multifaceted evolution of hantaviruses. Instead, it is essential to integrate ecological monitoring, laboratory capacity building, regional collaboration, and public health infrastructure to construct a sustainable prevention and control system. China has achieved remarkable progress with inactivated vaccines, whereas major endemic regions such as Europe and the United States still lack licensed vaccines; novel vaccines (DNA and virus-like particle vaccines) are still under development. By systematically integrating the latest global epidemiological data and cutting-edge research advances on pathogenic mechanisms and disease progression, this review provides a comprehensive framework of the critical nodes within the virus-host-environment interaction network, providing a reference for tailoring region-specific prevention strategies across different endemic areas and facilitating the transition from reactive responses to proactive defense modules based on ecological forecasting and early warning systems.

[**Key words**] hantavirus infections; orthohantavirus; hemorrhagic fever with renal syndrome; hantavirus pulmonary syndrome; global health; zoonosis

Supported by the Disease Control Research Project of Chongqing Bureau of Disease Prevention and Control (2026JKXM047). Corresponding author: Lu Yonghui, E-mail: luyonghui@tmmu.edu.cn

汉坦病毒感染性疾病是世界范围内分布较为广泛的人畜共患病之一。据世界卫生组织(world health organization,WHO)估计,当前每年报告的汉坦病毒感染为10 000~100 000例[1]。然而,全球每年的实际感染病例可能远超这一数字。尽管在多数国家汉坦病毒感染需要上报,但上报数据仅反映住院病例情况,许多感染病例并未被诊断识别。例如,1项在芬兰进行的血清监测研究表明,仅有约15%的汉坦病毒感染者获得确诊并被上报[2]。症状轻微或隐性感染、误诊、漏诊、未就诊或未被纳入监测体系,导致大量感染者未被纳入官方统计,汉坦病毒感染的真实负担在非洲、印度、东南亚、欧洲和北美均被低估[3]。

汉坦病毒具有严格的宿主特异性,其分布与宿主啮齿动物的地理分布高度一致。例如,汉滩病毒(hantaan virus,HTNV)主要由黑线姬鼠携带,在东亚农村地区呈地方性流行[4];安第斯病毒(andes virus,ANDV)是南美洲最主要的致病性汉坦病毒,主要宿主为长尾细齿鼠,在智利和阿根廷安第斯山脉东麓呈地方性流行[5]。汉坦病毒-宿主共进化关系不仅决定了病毒的地理分布格局,也深刻影响着病毒的遗传演化路径与致病表型差异。在旧大陆(亚欧大陆),汉坦病毒分布以HTNV、首尔病毒(seoul virus,SEOV)、多布拉伐病毒(dobrava virus,DOBV)及普马拉病毒(puumala virus,PUUV)为主,其感染主要引起肾综合征出血热(hemorrhagic fever with renal syndrome, HFRS),病死率根据病毒不同约为0.1%~12.0%[6];在新大陆(美洲),汉坦病毒则以辛诺柏病毒(sin nombre virus,SNV)和ANDV为代表,主要引起汉坦病毒心肺综合征(hantavirus cardiopulmonary syndrome,HCPS),其总体病死率可达40%[7]。

当前,汉坦病毒感染在世界范围内呈上升趋势,这可能源于临床认知的提升、高灵敏度检测方法的发展、对病毒宿主的深入研究以及气候变化的影响[8]。然而,汉坦病毒的动态传播机制十分复杂,环境变化、宿主-病原体相互作用与人类感染之间的关联远未明确。气候条件是众多影响啮齿动物种群动态的因素之一,进而影响病毒在啮齿动物宿主体内的感染率以及人类接触病毒的风险[3]。因此,更全面地认识人类、

动物与环境之间的流行病学关联,将有助于更有效地控制疾病暴发。汉坦病毒在相当长的时期内仍将持续构成公共健康威胁,亟需进一步研究汉坦病毒的感染和发病机制,开发新的抗病毒药物和疫苗。

1 汉坦病毒的病原学和生态学

1.1 病原学特征

根据国际病毒分类委员会2026年最新分类,汉坦病毒是隶属布尼亚病毒纲,埃利病毒目,汉坦病毒科的一组病毒[1,9],其中可致人感染发病的汉坦病毒均来源于正汉坦病毒属[10]。目前已鉴定出的正汉坦病毒共有37种,涵盖58种已确认或具有潜在公共卫生意义的毒株,其中有报道可导致人类感染致病的正汉坦病毒分离株已超过30个(表1)。

汉坦病毒通常呈球形至多形性,早期报道其直径约为80~120 nm,最新冷冻电子显微镜及断层扫描技术证据表明,纯化后的病毒直径介于120~154 nm之间,且缺乏多数病毒所具有的二十面体对称性[11]。病毒包膜为厚度约5 nm的脂质双层,表面布满由糖蛋白Gn与Gc组成的刺突复合体(10~12 nm),每个刺突由Gn与Gc异源二聚体进一步组装为四聚体结构。病毒内部核心为核糖核蛋白(ribonucleoprotein,RNP)复合物,由病毒基因组RNA与核衣壳蛋白(N)、RNA依赖性RNA聚合酶(RNA-dependent RNA polymerase,RdRp)紧密结合而成。

汉坦病毒的基因组由3个单链负义RNA片段构成,分别命名为大(L)、中(M)和小(S)片段,总基因组长度约11.8~12.3 kb,其中L片段约6.5~6.6 kb,M片段约3.6~3.7 kb,S片段约1.7~2.1 kb[12]。各片段末端含有高度保守且互补的非翻译区,可通过碱基配对形成"panhandle"茎环结构,对病毒RNA的复制、转录及包装起关键调控作用。L片段编码RdRp(约250×10^3 Da),可通过"抢帽"机制捕获宿主mRNA的5'帽结构启动病毒mRNA合成,并依赖其内切核酸酶活性参与基因组复制。M片段编码糖蛋白前体,经宿主信号肽酶在保守的WAASA基序处共翻译切割生成Gn(约70×10^3 Da)与Gc(约55×10^3 Da)2种包膜糖蛋白。Gn携带主要中和表位,负责识别细胞受体;而Gc属于Ⅱ类融合蛋白,在低pH内体环境中发生构象重排,暴露融合环以介导病毒包膜与细胞膜的融合。S片段编码核衣壳蛋白(N蛋白,约50×10^3 Da),该蛋白不仅包裹病毒RNA形成RNP骨架,还参与病毒组装、调控宿主先天免疫应答,并因其强免疫原性与高度保守性成为血清学诊断的核心靶标[12]。

汉坦病毒在环境中存活时间的数据目前尚不充分且不尽一致。有报道显示,汉坦病毒在4 ℃和-20 ℃条件下可保存超过18 d,在室温下可保存10 d[13]。PUUV在田鼠垫料中可保持传染性长达15 d,在潮湿环境中室温条件下可存活5 d,在干燥环境中则可存活24 h[14]。HTNV在潮湿条件下,4 ℃环境可存活96 d,20 ℃环境可存活8 d,37 ℃环境可存活9 d[15]。尽管如此,现有数据表明汉坦病毒具有极佳的环境稳定性,这一特性不仅为其传播创造了有利条件,更显著放大了其潜在的公共健康威胁。

1.2 病毒和宿主生态学

汉坦病毒是典型的自然疫源性病原体,其生态维持依托于自然贮存宿主的无症状持续感染与排泄物传播[16],可感染人类的病毒主要来自于啮齿目[17-18]。汉坦病毒具有宿主特异性,与宿主间存在密切的协同进化关系,其地理分布与自然宿主分布高度相关[3,19]。基于病毒流行区域分布不同,汉坦病毒被分为旧大陆汉坦病毒(the old-world hantaviruses,OWHVs)和新大陆汉坦病毒(the new-world hantaviruses,NWHVs)2个谱系,分别在亚欧大陆和美洲大陆引起HFRS和HCPS[8,20]。这种病毒谱和疾病谱的地理分布差异源于汉坦病毒保存宿主的地理分布差异及其与病毒长期共进化的结果。不同汉坦病毒的宿主和地理分布见表1。

OWHVs以HTNV、SEOV、DOBV和PUUV等为代表,多以鼠科啮齿类动物为专性贮存宿主,广泛分布于欧亚大陆。PUUV最主要的宿主是欧洲棕背鮃,其分布范围覆盖整个欧洲大陆(地中海地区除外);DOBV主要由黄颈姬鼠携带,主要分布于东南欧和巴尔干地区;HTNV和SEOV则主要分布于东亚,如中国和韩国,其主要宿主分别为黑线姬鼠和褐家鼠[4,6,8,21-22]。NWHVs以仓鼠科啮齿类动物为专性贮存宿主,如SNV和纽约病毒(New York virus,NYV)的宿主为鹿鼠和白足鼠,ANDV的宿主是长尾稻鼠,分别分布于北美和南美的阿根廷、智利[8,23]。然而,部分汉坦病毒可突破传统的"一种病毒一种宿主"格局,如同一宿主可感染多种汉坦病毒[24]或同一疫源地内发生病毒种间传播[25],揭示了其复杂的生态学特征,也为催生新的病毒提供了有利条件。

汉坦病毒在自然宿主种群内属于密度依赖型传播模式,宿主种群丰度与密度决定了病毒的自然流行强度[26]。汉坦病毒也可引起驼鹿、红狐、家猫、家犬等偶然宿主感染,称为"溢出效应"[27]。人类感染汉坦病毒也属于"溢出效应",一般不发生人传人现象。ANDV

表1 正汉坦病毒的种类、致病性、宿主和地理分布

Table 1 Species, pathogenicity, hosts, and distribution of *Orthohantavirus*

Species	Virus (Abbreviation)	Pathogenicity	Host	Distribution
Orthohantavirus caobangense	Cao Bang virus (CBNV)	Unknown	*Anourosorex squamipes*	China, Vietnam
	Liúnghé virus (LHEV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Rattus nitidus*, *Suncus murinus*	China (Yunnan)
Orthohantavirus dobravaense	Dobrava virus (DOBV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Apodemus flavicollis*, *Apodemus ponticus*	The Balkans, Southeastern Europe
	Kurkino virus (KURV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Apodemus agrarius*, *Microtus arvalis*, *Apodemus sylvaticus*	Russia, Europe
	Saaremaa virus (SAAV)	HFRS/NE Hemorrhagic fever with renal syndrome/ Nephropathia Epidemica	*Apodemus agrarius*	Europe
	Sochi virus (SOCV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Sylvaemus ponticus*	Russia
Orthohantavirus hantanense	Hantaan virus (HTNV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Apodemus agrarius*	East Asia
	Amur virus (AMRV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Apodemus agrarius*	China, Korea, Russia
	Soochong virus (SOOV)	Unknown	*Apodemus peninsulae*	Korea
Orthohantavirus lankaense	Lanka virus (LNKV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Mus booduga*	Sri Lanka
Orthohantavirus luxiense	Lúxī virus (LUXV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Eothenomys miletus*	Asia (China)
Orthohantavirus puumalaense	Puumala virus (PUUV)	HFRS/NE Hemorrhagic fever with renal syndrome/ Nephropathia Epidemica	*Myodes glareolus/Clethrionomys glareolus*	Europe, Russia
	Hokkaido virus (HOKV)	HFRS/NE Hemorrhagic fever with renal syndrome/ Nephropathia Epidemica	*Myodes glareolus/Clethrionomys glareolus*	W. Europe, C. Europe, N. Europe, European Russia, Japan
	Muju virus (MUJV)	Unknown	*Myodes regulus*	Korea
Orthohantavirus sangassouense	Sangassou virus (SANGV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Hylomyscus alleni*	Africa (Guinea)
Orthohantavirus seoulense	Seoul virus (SEOV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Rattus norvegicus*	Worldwide
	gōu virus (GOUV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Rattus norvegicus*	Worldwide
Orthohantavirus thailandense	Anjozorobe virus (ANJZV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Bandicota indica*, *Eliurus majori*	Thailand, Sri Lanka
	Serang virus (SERV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Rattus tanezumi*	Indonesia
	Thailand virus (THAIV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Bandicoot indica*	Southeast Asia
Orthohantavirus tulaense	Tula virus (TULV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Microtus arvalis*	Russia, Europe
	Adler virus (ADLV)	HFRS Hemorrhagic fever with renal syndrome	*Microtus arvalis*	Europe
Orthohantavirus andesense	Andes virus (ANDV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys longicaudatus*	Argentina, Chile
	Castelo dos Sonhos virus (CASV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys eliurus*	South America
	Lechiguanas virus (LECV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys flavescens*	Argentina
	Orán virus (ORNV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys longicaudatus*	Argentina
Orthohantavirus bayoui	Bayou virus (BAYV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oryzomys palustris*	North America
	Catacamus virus (CATV)	Unknown	*Oryzomys couesi*	Honduras

续表1 正汉坦病毒的种类、致病性、宿主和地理分布

Table 1(continued) Species, pathogenicity, hosts, and distribution of *Orthohantavirus*

Species	Virus (Abbreviation)	Pathogenicity	Host	Distribution
Orthohantavirus chocloense	Choclo virus (CHOV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys fulvescens*	Panama
Orthohantavirus mamorense	Rio Mamoré virus (RIOMV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Calomys laucha*, *Calomys callosus*	Paraguay, Argentina, Bolivia, Peru
	Laguna Negra virus (LANV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Calomys callosus*	Argentina, Paraguay, Bolivia
	Maripa virus (MARV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys fulvescens*	French Guiana
Orthohantavirus maporalense	Maporal virus (MAPV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Oligoryzomys delicatus*	South America
Orthohantavirus nigrorivense	Black Creek Canal virus (BCCV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Sigmodon hispidus*	North America
Orthohantavirus sinnombreense	Sin Nombre virus (SNV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Peromyscus maniculatus*	United States, Canada
	New York virus (NYV)	HCPS Hantavirus cardiopulmonary syndrome	*Peromyscus maniculatus*	North America
Orthohantavirus artybashense	Artybash virus (ARTV)	Unknown	*Sorex caecutiens*	Russian Far East, Japan
Orthohantavirus asamaense	Asama virus (ASAV)	Unknown	*Ulotrichous talpoides*	Asia (Japan)
Orthohantavirus asikkalaense	Asikkala virus (ASIV)	Unknown	*Sorex araneus*	Northern Europe, Central Europe
Orthohantavirus boweense	Bowé virus (BOWV)	Unknown	*Crocidura douceti*	West Africa (Guinea)
Orthohantavirus brugesense	Bruges virus (BRGV)	Unknown	*Talpa europaea*	Europe (Belgium, Germany, United Kingdom)
Orthohantavirus carrizalense	Carrizal virus (CARV)	Unknown	*Reithrodontomys megalotis*	Canada, United States, Mexico
	Huitzilac virus (HUIV)	Unknown	*Reithrodontomys megalotis*	Mexico
Orthohantavirus dabieshanense	Dàbiéshān virus (DBSV)	Unknown	*Niviventer confucianus*	China
Orthohantavirus delgaditoense	Caño Delgadito virus (CADV)	Unknown	*Sigmodon alstoni*	Venezuela
Orthohantavirus fugongense	Fúgòng virus (FUGV)	Unknown	*Eothenomys eleusis*	China
Orthohantavirus jejuense	Jeju virus (JJUV)	Unknown	*Crocidura shantungensis*	Asia (Korea)
Orthohantavirus kenkemeense	Kenkeme virus (KKMV)	Unknown	*Sorex roboratus*	Russia (Altai), Northeast China
Orthohantavirus khabarovskense	Khabarovsk virus (KHAV)	Unknown	*Microtus fortis*	Russian Far East
	Topografov virus (TOPV)	Unknown	*Lemmus sibericus*	Siberia
Orthohantavirus montanoense	Montaño virus (MTNV)	Unknown	*Peromyscus beatae*	Mexico
Orthohantavirus ozarkense	Ozark virus (OZAV)	Unknown	*Sigmodon hispidus*	United States
Orthohantavirus prospectense	Prospect Hill virus (PHV)	Unknown	*Microtus pennsylvanicus*	United States, Canada
Orthohantavirus rockportense	Rockport virus (RKPV)	Unknown	*Scalopus aquaticus*	North America
Orthohantavirus sagercreekense	Sager Creek virus (SACRV)	Unknown	*Microtus ochrogaster*	United States
Orthohantavirus tatenalense	Tatenale virus (TATV)	Unknown	*Microtus agrestis*	United Kingdom
Orthohantavirus tigrayense	Tigray virus (TIGV)	Unknown	*Stenocephalemys albipes*	Ethiopia

是唯一被报道可人际传播的汉坦病毒,但尚缺乏严谨的研究证据支持[28]。环境和人为驱动因素可影响自然宿主种群动态,进而对病毒传播产生影响。在西欧和中欧地区,夏秋温度较高并增加橡实产量时,欧洲棕背鼩的冬季存活率升高,繁殖时间提前,驱动次年春季宿主种群密度激增,进而引发秋冬季PUUV感染疫情暴发[29]。一项生态位模型分析显示,降水量与汉坦病毒感染风险呈负相关关系,高温干旱区的感染风险最高[30]。人类主导的土地利用变化是最常见的人为驱动因素。在南美洲,甘蔗种植园侵占森林可导致HCPS发病风险增加[8]。在中国中部,土地整改导致9种本地啮齿动物中的8种几乎消失,而黑线姬鼠急剧扩张,导致HTNV在宿主种群中的流行率上升[13]。

2 汉坦病毒致病机制及病原学基础

汉坦病毒的致病机制尚未完全阐明,其核心机制涉及内皮细胞功能障碍、免疫失调及凝血异常共同驱动的复杂病理网络。汉坦病毒侵入主要靶向内皮细胞,其对内皮细胞的感染始于病毒糖蛋白Gn与Gc构成的刺突复合体识别宿主细胞受体。旧大陆与新大陆汉坦病毒对受体的依赖性似乎存在差异,如新旧大陆汉坦病毒均可通过结合β3整合素受体、衰减加速受体(DAF/CD55)附着和侵入细胞,但原钙黏蛋白-1(PCDH1)则只是新大陆病毒侵入细胞的受体[11,31]。而不同器官的微血管内皮细胞被认为在表型上存在差异,基因表达谱也各不相同[32]。不同汉坦病毒进入细胞的方式也有所不同。HTNV可通过网格蛋白依赖性受体介导的内吞或微胞饮作用进入细胞;而ANDV则采用多种机制,包括网格蛋白依赖性和非依赖性途径[11,33]。Gn蛋白介导病毒与细胞的膜融合,其融合活性具有pH依赖性。不同汉坦病毒的Gn蛋白所需pH阈值存在差异:HTNV病毒的pH阈值为6.3、SEOV病毒为6.6~6.8、ANDV病毒则为5.8[11]。这些病毒侵入细胞机制的差异或许可解释新旧大陆汉坦病毒在组织嗜性及临床表现方面的区别。

内皮细胞功能障碍是汉坦病毒病的核心病理特征之一。汉坦病毒通过影响信号通路而非细胞杀伤引起血管通透性改变。病毒Gn/Gc与受体的结合可解耦整合素维持屏障稳定性的信号轴,导致VEGF信号异常活化,联合RhoA介导的应力纤维形成及Src激酶介导的VE-钙黏蛋白磷酸化与内化,破坏细胞间紧密连接,导致内皮屏障完整性失调及毛细血管渗漏加剧[31-32]。值得注意的是,ANDV还能感染包绕内皮细胞的周细胞,通过旁分泌机制进一步加剧血管渗漏。

免疫病理机制在汉坦病毒致病中扮演双重角色。病毒Gn蛋白与N蛋白可抑制干扰素诱导[11]。Gn蛋白(C端区域)能够通过结合肿瘤坏死因子受体相关因子3(tumor necrosis factor-related factor 3 ,TRAF3),抑制TBK1复合物的形成,从而调控由RIG-I驱动的干扰素反应。值得注意的是,不同汉坦病毒调节TRAF3的能力存在差异,如ANDV、SNV和TULV能够结合TRAF3,而PHV则不能。ANDV的N蛋白还可调控RIG-I与黑色素瘤分化相关蛋白5介导的IFN-β诱导。另一方面,过度活化的$CD8^+$ T细胞通过释放TNF-α、IFN-γ、IL-6等促炎细胞因子及直接细胞毒性作用,进一步造成内皮细胞损伤和血管通透性升高[34-35]。

血小板减少与凝血障碍是汉坦病毒病的另一关键病理环节。病毒Gn/Gc通过β3整合素与血小板结合,介导血小板在感染的内皮细胞表面聚集与清除,还可直接感染巨核细胞导致血小板生成减少,以及引起免疫介导的血小板破坏[12]。内皮损伤暴露组织因子,激活凝血酶与纤维蛋白级联反应,引起微血管凝血激活,最终导致血小板和凝血因子水平下降[11,32]。综上所述,汉坦病毒的致病机制深刻体现了病毒蛋白(N、Gn、Gc)与宿主因子(受体、信号分子、免疫效应细胞)之间错综复杂的相互作用,这种相互作用的失衡最终决定了疾病的严重程度与临床表型。

3 汉坦病毒感染的流行病学

3.1 旧大陆汉坦病毒感染

韩国是HFRS的高发区,主要流行病毒为HTNV和SEOV[36],每年报告约400例,病死率为1%~4%[37]。韩国HFRS的发生存在季节性差异,京畿道大多数病例报告于10—12月之间,而延川HFRS病例主要在1—3月之间[38]。自1984年以来,日本官方未再正式报告新的HFRS病例,但日本陆上自卫队成员检测出汉坦病毒抗体阳性[39]。越南、新加坡、泰国、马来西亚等国家均报道了人感染汉坦病毒的血清学证据。斯里兰卡检测到汉坦病毒与钩端螺旋体病可能存在共感染的病例[40]。印度尼西亚通过血清学和分子检测确诊无出血表现和肾综合征症状的SEOV感染病例[41]。印度亦出现HFRS病例报告[42]。

俄罗斯亚洲地区是另一个受汉坦病毒感染影响的地区。1934年,在哈巴罗夫斯克地区报道了首例HFRS病例,研究发现俄罗斯亚洲地区流行的病毒与中国和韩国的毒株高度相似[43]。远东地区的HFRS病例主要由HTNV、阿穆尔病毒(Amur virus,AMRV)引起,较少由SEOV引起。2000—2022年,俄罗斯25个

亚洲行政区共有16个地区共报告2 538例HFRS病例,病死率达3.8%。过去二十年的HFRS发病率分析显示,俄罗斯亚洲地区发病率未呈下降趋势[44]。

欧洲的汉坦病毒感染以轻型HFRS为主,表现为流行性肾病(nephropathia epidemica,NE),每年平均报告超过3 000例,但病死率低于0.5%[6]。近年来感染病例呈现下降趋势,欧洲CDC年度流行病学报告显示,2023年欧洲28个国家共报告1 885例汉坦病毒感染[45]。欧洲棕背鼹携带的PUUV和黄喉姬鼠携带的DOBV在欧洲各地的分布有所不同。PUUV引起的感染在北欧和西欧较为常见,且主要报告在森林地区[46]。大多数HFRS病例由PUUV引起,其他引起不同严重程度人类疾病的汉坦病毒包括DOBV和图拉病毒(tula virus,TULV)等[29]。由DOBV引起的HFRS主要报告于中欧和巴尔干地区、包括斯洛文尼亚、塞尔维亚、克罗地亚、希腊、阿尔巴尼亚、匈牙利和波斯尼亚和黑塞哥维那[47]。DOBV感染的病死率高达12%,是欧洲最具生命威胁的汉坦病毒病[48]。

芬兰是欧洲汉坦病毒感染负担最重的国家[49],报告的PUUV感染平均发生率为每10万人31~39例[50]。PUUV是德国最常引起人类疾病的汉坦病毒型别。自2001年汉坦病毒感染在德国被纳入通报以来,每年报告病例多达3 000例,其中低发年份与暴发年份交替出现——2007、2010、2012和2017年的大规模疫情均由PUUV引起,且多集中于春季或初夏[51-52]。俄罗斯欧洲地区HFRS病例主要由欧洲棕背鼹携带的PUUV引起,较少由西部条纹田鼠亚型携带的Kurkino病毒和黑海田鼠携带的Sochi病毒引起。

3.2 新大陆汉坦病毒感染

在美国,HCPS主要由宿主为鹿鼠的SNV引起,SNV是美国HCPS病例最常见的致病病毒。美国CDC数据显示,1993—2023年,美国累计报告约890例汉坦病毒感染病例,其中HCPS共859例。年均报告15~40例HCPS病例。病例虽属散发,但病死率高达35%,病例主要分布在密西西比河以西的西部各州[53]。加拿大是HCPS的另一重要流行国家,SNV同样是其主要致病病毒。截至2020年,加拿大累计确诊HCPS病例143例,全年均有病例报告,但具有明显的季节性,以春夏季较为多见,并于5、6月达到高峰。这一季节性高峰可能与鹿鼠种群密度的季节性波动有关[23]。

南美洲是HCPS的高发区,ANDV是南美洲最主要的致病汉坦病毒型别,其宿主为长尾侏稻鼠[16]。ANDV是迄今为止唯一被报道具有人际传播能力的汉坦病毒,尽管这种传播仅限于特定条件下,且通常需要长期密切接触[54]。阿根廷卫生部2026年报告显示,自2025年6月以来,阿根廷累计报告101例汉坦病毒感染病例,死亡32例,高于以往水平[55]。既往每年报告的HCPS病例数主要集中于春季和夏季[10],男性、20~49岁农业从业者是主要受影响人群[56]。与阿根廷类似,ANDV是智利HCPS的主要致病原。智利HCPS的年病死率为32%~35%[57],其中一半以上的病例涉及农业和林业等农村和野外活动[58]。

巴西也有HCPS病例散发报告。截至2017年,巴西共报告2 032例HCPS病例[20]。巴西HCPS病例主要分布在南部地区和东南部地区。东南地区大多数病例发生在秋季和冬季,南部地区则在春季。这可能是各区域宿主和病毒基因型分布差异的结果。除了ANDV外,巴西还存在其他多种汉坦病毒型别,包括Araraquara病毒、Juquitiba病毒等[59]。玻利维亚、巴拉圭、乌拉圭、巴拿马等国家也报告过HCPS病例,总病例数相对较少[16]。

3.3 中国汉坦病毒感染

中国是HFRS的高负担国家,感染病例一度占世界的90%[20]。中国范围流行的HFRS病原体主要为HTNV和SEOV。2025年中国全年报告HFRS发病数3 387例,死亡13例,2026年一季度全国共报告发病699例,死亡6例[60]。近年来中国HFRS疫情总体呈现下降趋势[61],且时间序列模型预测显示未来中国HFRS疫情仍将继续下降[62]。

中国HFRS的疫区分布广泛,具有明显的地域聚集性,高发省份主要集中在陕西、黑龙江、吉林、辽宁、山东、河北、浙江等地[62-63]。这些地区的自然环境、农业活动及啮齿动物种群特点共同构成了汉坦病毒疾病传播的生态基础。相比之下,西北干旱区由于自然环境等因素,HFRS发病较为少见[64]。中国HFRS流行曲线呈现季节性双峰特征:10月至次年1月黑线姬鼠疫区出现HFRS病例高发,褐家鼠型疫区HFRS病例在春季3月至5月达到高峰,混合型流行地区HFRS病例在秋冬春季出现双峰[65],死亡人数也出现类似趋势[66]。此外,中国HFRS发病存在8~10年的流行周期,高发期持续2~3年[67]。

4 汉坦病毒感染的预防

感染的啮齿动物可通过尿液、唾液和粪便排出汉坦病毒,人类通常因吸入被病毒污染的气溶胶和灰尘颗粒或接触宿主动物而感染。啮齿动物种群动态,以及气候、土地利用、栖息地变化、社会发展水平和人类行为均会影响宿主-人类相互作用[6]。汉坦病毒感染

的主要风险因素包括居住在森林区域附近,清理房屋或棚屋周边环境,以及从事易导致人与啮齿动物接触的职业性、家庭性及/或娱乐性活动,主要涉及林业工人、农业和军事人员[8,68]。因此,预防汉坦病毒感染性疾病流行的主要措施之一在于啮齿动物控制,包括减少人类居住区附近的啮齿动物栖息地和食物来源、清除住宅内的啮齿动物以及避免接触可能受污染的区域。

在流行地区,有利于啮齿动物繁殖和种群扩散的环境条件可增加该汉坦病毒感染的发病率[28]。研究表明,种群密度可影响汉坦病毒的水平传播,进而增加感染啮齿动物的数量,维持汉坦病毒流行则需达到一定的啮齿动物种群阈值密度[4]。感染宿主数量越多,人类接触并暴露于汉坦病毒的风险就越高。因此,监测啮齿动物种群,明确宿主动物分布、密度消长、带毒率动态变化,同时加强疫情监测与流行病学调查,掌握人群疫情动态变化特征和自然疫源地分布,对于预测和预防汉坦病毒疫情至关重要。

开发有效的疫苗是预防汉坦病毒感染的另一关键措施,特别是对林业、农业人员等高风险人群。1993年,中国首次批准使用灭活型汉坦病毒疫苗,此后陆续有4种针对HTNV和SEOV的灭活疫苗在中国投入使用,并显示出良好的安全性和保护效果[4]。自1990年起开始使用HFRS灭活疫苗,韩国HFRS住院患者从1991年的1 234例急剧下降至1997年的415例[13]。然而,在欧洲、北美和南美等流行地区,汉坦病毒疫苗尚未获批准使用。尽管如此,一些新型疫苗目前正被研究开发,如DNA疫苗、亚单位疫苗和病毒样颗粒疫苗[4],有望为世界范围内的汉坦病毒感染防控提供新的选择。

5 展望

尽管在过去几十年,我们对汉坦病毒的认识取得了长足进步,然而挑战依然严峻。一方面,汉坦病毒种间传播和致病的机制仍不完全清楚,高效抗病毒药物和疫苗研发仍未取得突破性进展。另一方面,面对汉坦病毒可能的人际传播(如ANDV),以及气候变化、人类活动带来的新发疫源地风险,现有监测体系和干预手段显得捉襟见肘。汉坦病毒独特的病原学和生态学特性决定了未来其仍将不断进化出新的遗传谱系[22],使其对全球公共卫生构成持续威胁。持续评估和改进当前针对汉坦病毒传播的应对策略也应引起重视。已有学者指出,邮轮旅行相关的ANDV跨国暴发事件,应促使WHO重新评估和改变其对病毒空气传播风险的默认应对策略[69]。

当前,汉坦病毒对公共健康的挑战还表现为以下几个方面。①鉴别诊断能力的不足造成临床诊断的延迟和遗漏;②气温升高扩大啮齿类宿主密度和地理分布范围,增加人与啮齿动物的接触机会;③在啮齿动物暴露风险最高的农村及资源匮乏地区缺乏广泛可及的床旁诊断检测;④部分地区(如撒哈拉以南地区)对汉坦病毒及其感染的监测仍属空白。因此,未来应重点加强实验室能力、生态监测、区域协作及公共卫生基础设施,以应对汉坦病毒对全球公共卫生带来的挑战。

利益冲突 本文所有作者声明不存在利益冲突

参考文献:

[1] Lang K. Hantavirus: what you need to know[J]. BMJ, 2026, 393: s877. DOI:10.1136/bmj.s877.

[2] Makary P, Kanerva M, Ollgren J, *et al*. Disease burden of Puumala virus infections, 1995-2008[J]. Epidemiol Infect, 2010, 138(10): 1484-1492. DOI: 10.1017/S0950268810000087.

[3] Tian H Y, Stenseth N C. The ecological dynamics of hantavirus diseases: From environmental variability to disease prevention largely based on data from China[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2019, 13(2): e0006901. DOI: 10.1371/journal.pntd.0006901.

[4] Sehgal A, Mehta S, Sahay K, *et al*. Hemorrhagic fever with renal syndrome in Asia: history, pathogenesis, diagnosis, treatment, and prevention[J]. Viruses, 2023, 15(2): 561. DOI:10.3390/v15020561.

[5] Ortiz N, Pinotti J D, Andreo V, *et al*. Orthohantavirus rodent hosts and genotypes in Southern South America: a narrative review[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2025, 19(9): e0013489. DOI:10.1371/journal.pntd.0013489.

[6] Vial P A, Ferrés M, Vial C, *et al*. Hantavirus in humans: a review of clinical aspects and management[J]. Lancet Infect Dis, 2023, 23(9): e371-e382. DOI: 10.1016/S1473-3099(23)00128-7.

[7] Oloris S C S, Neves V F, Iani F C M, *et al*. Orthohantavirus infections in South America: a systematic review and meta-analysis[J]. Arch Virol, 2024, 169(9): 187. DOI:10.1007/s00705-024-06104-5.

[8] Avšič-Županc T, Saksida A, Korva M. Hantavirus infections[J]. Clin Microbiol Infect, 2019, 21(Supplement): e6-e16. DOI:10.1111/1469-0691.12291.

[9] Lefkowitz E, Hendrickson R, International Committee on Taxonomy of Viruses. ICTV master species list (MSL)[DS/OL]. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV), 2026[2026-06-24]. https://zenodo.org/doi/10.5281/

zenodo.19154110.

[10] Jiang H, Zheng X Y, Wang L M, *et al*. Hantavirus infection: a global zoonotic challenge[J]. Virol Sin, 2017, 32(1): 32-43. DOI:10.1007/s12250-016-3899-x.

[11] Taylor S L, Schmaljohn C S, Williams E P, *et al*. Pathogenicity and virulence of rodent-borne orthohantaviruses[J]. Virulence, 2025, 16(1): 2553784. DOI:10.1080/21505594.2025.2553784.

[12] Kamran M, Habib M B, Shahid A, *et al*. Hantavirus: a comprehensive narrative review of virology, epidemiology, pathogenesis, clinical manifestations, diagnostics, and emerging therapeutic strategies[J]. Rev Med Virol, 2026, 36(4): e70190. DOI:10.1002/rmv.70190.

[13] Liu R R, Ma H W, Shu J Y, *et al*. Vaccines and therapeutics against hantaviruses [J]. Front Microbiol, 2020, 10: 2989. DOI:10.3389/fmicb.2019.02989.

[14] Kallio E R, Klingström J, Gustafsson E, *et al*. Prolonged survival of Puumala hantavirus outside the host: evidence for indirect transmission *via* the environment[J]. J Gen Virol, 2006, 87(8): 2127-2134. DOI: 10.1099/vir.0.81643-0.

[15] Hardestam J, Simon M, Hedlund K O, *et al*. *Ex vivo* stability of the rodent-borne Hantaan virus in comparison to that of arthropod-borne members of the Bunyaviridae family [J]. Appl Environ Microbiol, 2007, 73(8): 2547-2551. DOI:10.1128/AEM.02869-06.

[16] Jonsson C B, Figueiredo L T, Vapalahti O. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease[J]. Clin Microbiol Rev, 2010, 23(2): 412-441. DOI:10.1128/CMR.00062-09.

[17] Hönig V, Kamiš J, Maršíková A, *et al*. Orthohantaviruses in reservoir and atypical hosts in the Czech Republic: spillover infection and indication of virus-specific tissue tropism[J]. Microbiol Spectr, 2022, 10(5): e0130622. DOI:10.1128/spectrum.01306-22.

[18] Mir M A. Hantaviruses[J]. Clin Lab Med, 2010, 30(1): 67-91. DOI:10.1016/j.cll.2010.01.004.

[19] Wang Q W, Yue M, Yao P P, *et al*. Epidemic trend and molecular evolution of HV family in the main hantavirus epidemic areas from 2004 to 2016, in P.R. China[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2021, 10: 584814. DOI: 10.3389/fcimb.2020.584814.

[20] Afzal S, Ali L, Batool A, *et al*. Hantavirus: an overview and advancements in therapeutic approaches for infection [J]. Front Microbiol, 2023, 14: 1233433. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1233433.

[21] Romeo M A, Tofani S, Lapa D, *et al*. Orthohantaviruses: an overview of the current status of diagnostics and surveillance[J]. Viruses, 2025, 17(5): 622. DOI:10.3390/v17050622.

[22] Kabwe E, Davidyuk Y, Shamsutdinov A, *et al*. Orthohantaviruses, emerging zoonotic pathogens [J]. Pathogens, 2020, 9(9): 775. DOI: 10.3390/pathogens9090775.

[23] Warner B M, Dowhanik S, Audet J, *et al*. Hantavirus cardiopulmonary syndrome in Canada[J]. Emerg Infect Dis, 2020, 26(12): 3020-3024. DOI:10.3201/eid2612.202808.

[24] Fang L Z, Zhao L, Wen H L, *et al*. Reservoir host expansion of hantavirus, China [J]. Emerg Infect Dis, 2015, 21(1): 170-171. DOI:10.3201/eid2101.140960.

[25] Klingström J, Heyman P, Escutenaire S, *et al*. Rodent host specificity of European hantaviruses: evidence of Puumala virus interspecific spillover[J]. J Med Virol, 2002, 68(4): 581-588. DOI:10.1002/jmv.10232.

[26] Ecke F, Han B A, Hörnfeldt B, *et al*. Population fluctuations and synanthropy explain transmission risk in rodent-borne zoonoses[J]. Nat Commun, 2022, 13(1): 7532. DOI:10.1038/s41467-022-35273-7.

[27] Plyusnin A, Morzunov S P. Virus evolution and genetic diversity of hantaviruses and their rodent hosts[J]. Curr Top Microbiol Immunol, 2001, 256: 47-75. DOI: 10.1007/978-3-642-56753-7_4.

[28] Toledo J, Haby M M, Reveiz L, *et al*. Evidence for human-to-human transmission of hantavirus: a systematic review [J]. J Infect Dis, 2022, 226(8): 1362-1371. DOI:10.1093/infdis/jiab461.

[29] Vapalahti O, Mustonen J, Lundkvist Å, *et al*. Hantavirus infections in Europe[J]. Lancet Infect Dis, 2003, 3(10): 653-661. DOI:10.1016/S1473-3099(03)00774-6.

[30] Gorris M E, Whitesell A, Telford C, *et al*. Hantavirus is associated with open developed areas and arid climates, highlighting increased risk in the western United States[J]. Transbound Emerg Dis, 2025, 2025: 7126411. DOI: 10.1155/tbed/7126411.

[31] De Maria F, Branda F, Ceccarelli G, *et al*. The changing landscape of hantavirus infections: a narrative review of epidemiology, pathogenesis, and countermeasures[J]. Rev Med Virol, 2026, 36(5): e70191. DOI: 10.1002/rmv.70191.

[32] Noack D, Goeijenbier M, Reusken C B E M, *et al*. Orthohantavirus pathogenesis and cell tropism [J]. Front Cell Infect Microbiol, 2020, 10: 399. DOI: 10.3389/fcimb.2020.00399.

[33] Chiang C F, Flint M, Lin J S, *et al*. Endocytic pathways used by *Andes* Virus to enter primary human lung endothelial cells[J]. PLoS One, 2016, 11(10): e0164768.

DOI:10.1371/journal.pone.0164768.

[34] Duque V. Human orthohantavirus infections: a narrative review[J]. Pathogens, 2026, 15(6): 652. DOI: 10.3390/pathogens15060652.

[35] Ramos-Nino M E, Chiem N T, Ramdass P V A K. Hantavirus emergence in a changing world: virology, pathogenesis, surveillance, and one health preparedness [J]. Microorganisms, 2026, 14(6): 1326. DOI: 10.3390/microorganisms14061326.

[36] Noh J Y, Cheong H J, Song J Y, *et al*. Clinical and molecular epidemiological features of hemorrhagic fever with renal syndrome in Korea over a 10-year period[J]. J Clin Virol, 2013, 58(1): 11-17. DOI:10.1016/j.jcv.2013.06.027.

[37] Park K, Kim J, Noh J, *et al*. Epidemiological surveillance and phylogenetic diversity of Orthohantavirus hantanense using high-fidelity nanopore sequencing, Republic of Korea [J]. PLoS Negl Trop Dis, 2025, 19(2): e0012859. DOI: 10.1371/journal.pntd.0012859.

[38] Tariq M, Kim D M. Hemorrhagic fever with renal syndrome: literature review, epidemiology, clinical picture and pathogenesis[J]. Infect Chemother, 2022, 54(1): 1-19. DOI:10.3947/ic.2021.0148.

[39] Kariwa H, Lokugamage K, Lokugamage N, *et al*. A comparative epidemiological study of hantavirus infection in Japan and Far East Russia[J]. Jpn J Vet Res, 2007, 54(4): 145-161.

[40] Ekanayake E, Govinna M, Wakkumbura S, *et al*. Detection of probable hantavirus infections in clinically suspected dengue patients in a tertiary care hospital in Sri Lanka[J]. BMC Infect Dis, 2025, 25(1): 1193. DOI: 10.1186/s12879-025-11617-8.

[41] Lie K C, Aziz M H, Kosasih H, *et al*. Case report: two confirmed cases of human Seoul virus infections in Indonesia [J]. BMC Infect Dis, 2018, 18(1): 578. DOI: 10.1186/s12879-018-3482-1.

[42] Chandy S, Boorugu H, Chrispal A, *et al*. Hantavirus infection: a case report from India[J]. Indian J Med Microbiol, 2009, 27(3): 267-270. DOI: 10.4103/0255-0857.53215.

[43] Onishchenko G G, Ezhlova E B. Epidemiologic surveillance and prophylaxis of hemorrhagic fever with renal syndrome in Russian Federation [J]. Zh Mikrobiol Epidemiol Immunobiol, 2013(4): 23-32.

[44] Tkachenko E, Kurashova S, Balkina A, *et al*. Cases of hemorrhagic fever with renal syndrome in Russia during 2000-2022[J]. Viruses, 2023, 15(7): 1537. DOI:10.3390/v15071537.

[45] Hantavirus infection-Annual Epidemiological Report for 2023[EB/OL]. (2025-03-07)[2026-08-13]. https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/hantavirus-infection-annual-epidemiological-report-2023.

[46] Guo J W, Semenza J C, Ecke F, *et al*. A pan-European assessment of multi-sector drivers of human hantavirus risk: climate, biodiversity, and socio-economic factors as key determinants[J]. Environ Res, 2026, 298: 124282. DOI: 10.1016/j.envres.2026.124282.

[47] Vaheri A, Henttonen H, Voutilainen L, *et al*. Hantavirus infections in Europe and their impact on public health[J]. Rev Med Virol, 2013, 23(1): 35-49. DOI: 10.1002/rmv.1722.

[48] Papa A. Dobrava-Belgrade virus: Phylogeny, epidemiology, disease[J]. Antiviral Res, 2012, 95(2): 104-117. DOI: 10.1016/j.antiviral.2012.05.011.

[49] Heyman P, Ceianu C S, Christova I, *et al*. A five-year perspective on the situation of haemorrhagic fever with renal syndrome and status of the hantavirus reservoirs in Europe, 2005-2010[J]. Euro Surveill, 2011, 16(36): 19961. DOI: 10.2807/ese.16.36.19961-en.

[50] Vaheri A, Henttonen H, Mustonen J. Hantavirus research in Finland: highlights and perspectives[J]. Viruses, 2021, 13(8): 1452. DOI:10.3390/v13081452.

[51] Krüger D H, Ulrich R G, Hofmann J. Hantaviruses as zoonotic pathogens in Germany [J]. Dtsch Arztebl Int, 2013, 110(27-28): 461-467. DOI: 10.3238/arztebl.2013.0461.

[52] Faber M, Krüger D H, Auste B, *et al*. Molecular and epidemiological characteristics of human Puumala and Dobrava-Belgrade hantavirus infections, Germany, 2001 to 2017[J]. Euro Surveill, 2019, 24(32): 1800675. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.32.1800675.

[53] CDC. Reported cases of hantavirus disease[EB/OL]. (2026-05-08)[2026-06-24]. https://www.cdc.gov/hantavirus/data-research/cases/index.html.

[54] Martínez V P, Di Paola N, Alonso D O, *et al*. "Super-spreaders" and person-to-person transmission of *Andes* virus in Argentina[J]. N Engl J Med, 2020, 383(23): 2230-2241. DOI:10.1056/NEJMoa2009040.

[55] Ministerio de Salud de la Nación RA. Boletín epidemiológico nacional N 806 (SE 16). Ministerio de Salud de la Nación; 2026.

[56] Alonso D O, Iglesias A, Coelho R, *et al*. Epidemiological description, case-fatality rate, and trends of Hantavirus Pulmonary Syndrome: 9 years of surveillance in Argentina [J]. J Med Virol, 2019, 91(7): 1173-1181. DOI:10.1002/jmv.25446.

[57] Martinez-Valdebenito C, Calvo M, Vial C, *et al*. Person-to-

person household and nosocomial transmission of *Andes* Hantavirus, Southern Chile, 2011[J]. Emerg Infect Dis, 2014, 20(10): 1629-1636. DOI:10.3201/eid2010.140353.

[58] Figueiredo L T M, de Souza W M, Ferrés M, *et al*. Hantaviruses and cardiopulmonary syndrome in south America[J]. Virus Res, 2014, 187: 43-54. DOI:10.1016/j.virusres.2014.01.015.

[59] Pinto V L, de Sousa A I, de Lemos E R. Regional variations and time trends of hantavirus pulmonary syndrome in Brazil [J]. Epidemiol Infect, 2014, 142(10): 2166-2171. DOI: 10.1017/S0950268813003403.

[60] Reported cases and deaths of national notifiable infectious diseases—China, January 2026[J]. China CDC Wkly, 2026, 8(11): 323-324.DOI:10.46234/ccdcw2026.053

[61] Zhai H R, Li S H, Chen J Y, *et al*. Epidemiological features and spatial-temporal distribution of hemorrhagic fever with renal syndrome-China, 2004—2023 [J]. Zoonoses Public Health, 2026, 73(1): 13-20. DOI: 10.1111/zph.70014.

[62] 邹宏梅, 师悦, 张巾晖, 等. 2010—2024年中国流行性出血热流行特征分析[J]. 疾病监测, 2025, 40(12): 1566-1573. DOI:10.3784/jbjc.202508040536.
Zou H M, Shi Y, Zhang J H, *et al*. Epidemiological characteristics of epidemic hemorrhagic fever in China, 2010-2024[J]. Dis Surveillance, 2025, 40(12): 1566-1573. DOI:10.3784/jbjc.202508040536.

[63] Zou L X, Sun L. Analysis of hemorrhagic fever with renal syndrome using wavelet tools in mainland China, 2004-2019 [J]. Front Public Health, 2020, 8: 571984. DOI:10.3389/fpubh.2020.571984.

[64] Zhang Y Z, Zou Y, Fu Z F, *et al*. Hantavirus infections in humans and animals, China[J]. Emerg Infect Dis, 2010, 16(8): 1195-1203. DOI:10.3201/eid1608.090470.

[65] Cheng C L, Tong M, Hu Y C, *et al*. Regional heterogeneity of spatial-temporal characteristics and meteorological-environmental driving factors of hemorrhagic fever with renal syndrome in China[J]. One Health, 2026, 22: 101454. DOI:10.1016/j.onehlt.2026.101454.

[66] Zou L X, Chen M J, Sun L. Haemorrhagic fever with renal syndrome: literature review and distribution analysis in China[J]. Int J Infect Dis, 2016, 43: 95-100. DOI: 10.1016/j.ijid.2016.01.003.

[67] Yu P B, Tian H Y, Ma C F, *et al*. Hantavirus infection in rodents and haemorrhagic fever with renal syndrome in Shaanxi Province, China, 1984-2012[J]. Epidemiol Infect, 2015, 143(2): 405-411. DOI: 10.1017/S0950268814001009.

[68] Riccò M, Peruzzi S, Ranzieri S, *et al*. Occupational hantavirus infections in agricultural and forestry workers: a systematic review and metanalysis[J]. Viruses, 2021, 13(11): 2150. DOI:10.3390/v13112150.

[69] Milton D K, Greenhalgh T, Fisman D N, *et al*. Hantavirus outbreak should reset WHO's default approach to airborne risk[J]. BMJ, 2026, 393: s919. DOI:10.1136/bmj.s919.

(收稿:2026-06-26;修回:2026-08-14)

(编辑 栾 嘉)