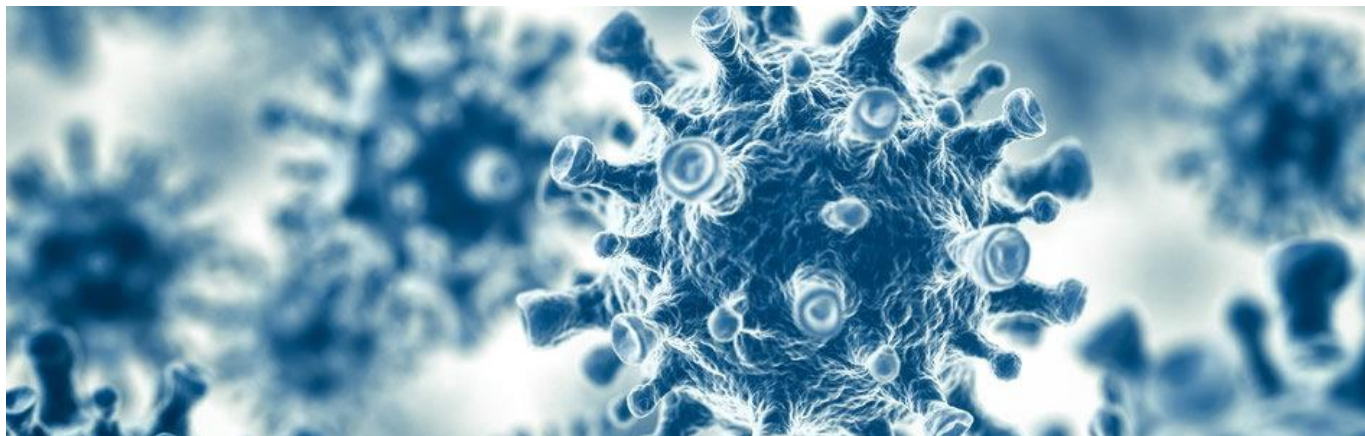




疾病

疾病，这个曾经完美无瑕的造物中的敌人，并不能证明进化，反而显示了罪恶的破坏性和致命性后果。

为什么新疾病层出不穷？

从创造论的角度解释为什么上帝允许出现和再次出现的疾病，例如新冠肺炎和莱姆病，这些疾病会造成严重的精神、经济和健康问题。

新发和再发疾病是令人恐惧和担忧的问题。它们不仅造成经济和情感上的损失，还导致大量人员死亡。新发疾病通常是人畜共患的，且毒性极强。这些疾病是由病原体和寄生虫引起的，后果严重，影响巨大。一位仁慈的造物主为何允许这些新疾病出现？为什么新疾病不断涌现？微生物的变异和原有类型的转移是许多新疾病的成因；然而，答案远比这两个因素复杂得多。人畜共患病是最常见的感染类型，特别是由病毒、细菌和寄生虫引起的感染。一些近期较为引人注目的

新发疾病包括新冠肺炎、莱姆病和贾第虫病。天花就是一个非人畜共患疾病的例子。在某些地区，疟疾感染更多地是从猴子“跳”到人类的。微生物从其原本位于动物体内的位置转移并传播到人类，解释了世界上许多大流行病、瘟疫和传染病的发生。本文旨在阐释置换、变异和“一体化健康”的概念，并试图解开流行病、瘟疫和传染病的谜团。我们将探讨人类、微生物和动物之间的关系，并通过一些实例来探索新发和再发疾病的原理。

介绍

自 2020 年初以来，新冠肺炎疫情席卷全球，一直占据着各大媒体的头条。历史上最严重的两次“瘟疫”（大流行）很可能是西班牙流感（1918-1920 年）和新冠肺炎。没有任何其他“瘟疫”像新冠肺炎一样影响如此庞大的人群（据约翰·霍普金斯大学 2021 年统计，全球约 1.8 亿人）。这两种疾病似乎都与人畜共患（动物）有关。在印度、亚洲以及世界许多地区，可怕的新冠肺炎疫情反复爆发，持续数月之久。

新冠病毒（COVID-19）很可能是一例人畜共患病（即溢出、传播）的例子，病毒可能从蝙蝠（图 1）传播到人类（Gillen 和 Conrad, 2020）。有人认为该病毒可能源于中国某生物实验室的泄漏，并被选作潜在的

生物武器。然而，即便新冠病毒确实源于实验室意外泄漏，他们最初培养的病毒仍然来自野生蝙蝠。由于蝙蝠拥有强大的免疫系统，它们不会受到 SARS-CoV-2 病毒（图 2）的影响；然而，人类却深受这种导致新冠肺炎的新型病毒的侵害。它加入了其他一系列令人恐惧的新疾病的行列，每一种疾病都证实，尽管人类拥有智慧，但仍然“受制于”微生物和寄生虫。事实上，自 20 世纪 80 年代以来，大约出现了 87 种新的或再次出现的疾病（Chess 2021），其中一个主要原因是城市扩张侵占了原先的荒野、[丛林](#)或沙漠环境，这使得病毒、病原体和寄生虫得以扩散。随着这种扩散，人类接触到了携带这些新“病菌”的动物，新的疾病毒株也随之产生。

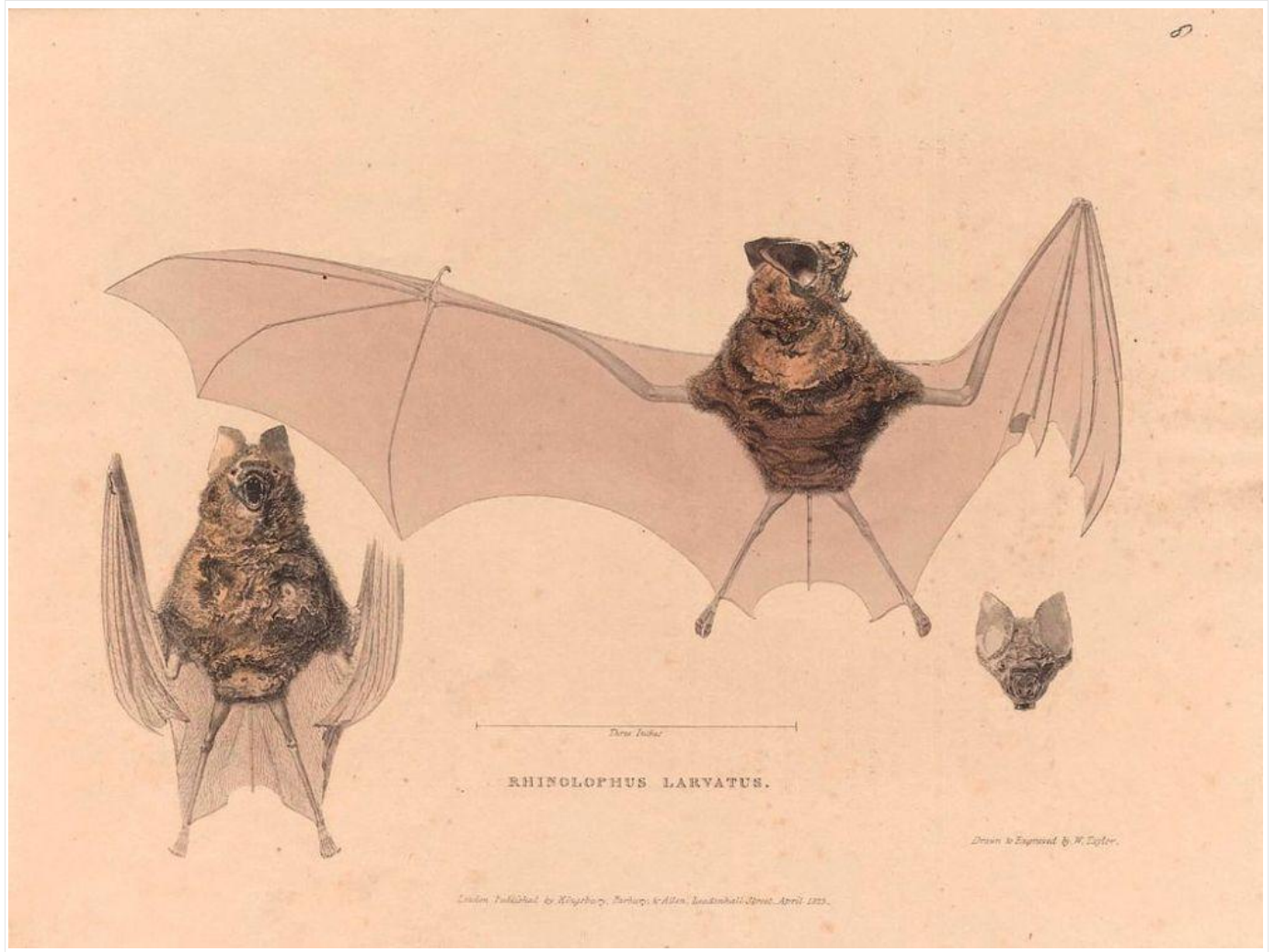
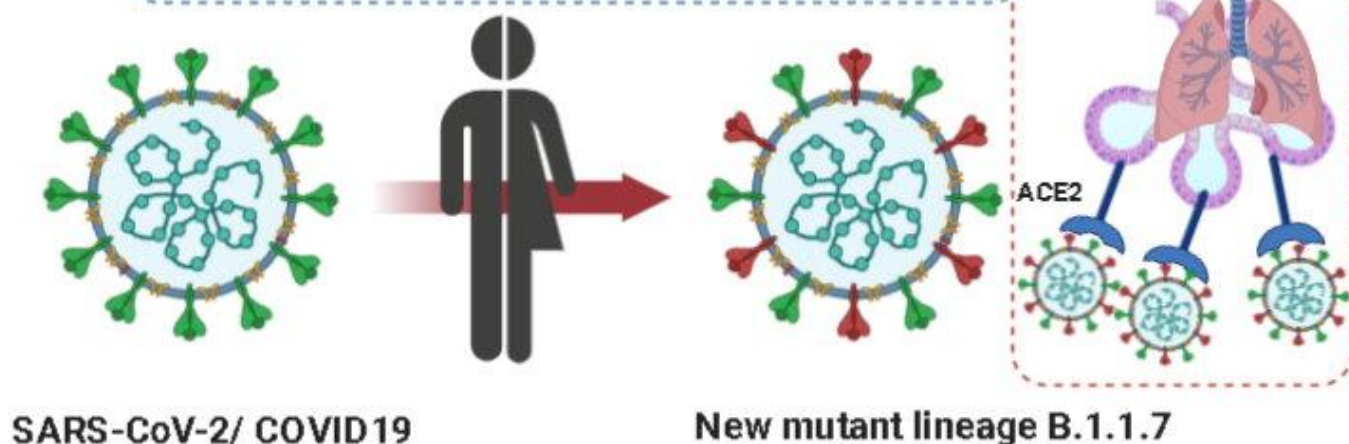


图 1. 蝙蝠 *Rhinolophus larvatus* (霍氏叶鼻蝠) 的三个视图。图片由 John Curtis、William Daniell、Thomas Horsfield、Charles Joseph Hullmandel、A. Pelletier 和 W. Taylor 通过 [Wikimedia](#) 提供。

**New Mutant SARS-CoV-2 / Variant of Concern 202012/01
(VOC-202012/01)**

Key mutations in

1. N501Y -receptor-binding domain (RBD)
2. Spike gene-S1 (Δ H69/ Δ V70) possibly due to loss of two amino acids
3. Spike gene-S2 (P681H, T716I, S982A and D1118H)



Created in BioRender.com bio

图 2. 由于 3 个关键突变, SARS-CoV-2 出现了新的变种。图片来自 [Wikimedia](#) , 由 Chinmayamahapatra 提供。

事实上, 自 20 世纪 80 年代以来, 大约出现了 87 种新的或再次出现的疾病 (Chess 2021), 造成新发疾病和再次出现的疾病的主要原因之一是城市扩张到以前的荒野、丛林或沙漠环境中。

许多病原体的起源仍然是个谜, 但我们知道, 75% 的新发传染病都与动物有关。它们要么是人畜共患病 (动物感染), 要么是媒介传播疾病, 由昆虫或蜱虫携带。丛林 (森林) 毒株与城市毒株相遇并混合, 会带来危险。正如《细菌的起源》(吉伦, 2020) 一书中所指

出的，传染病的起源复杂且涉及多方面。从圣经的世界观来看，传染病及其发病机制是次要的，是罪的结果，并非造物主最初的旨意。在圣经的世界观中，事件的顺序可以看作是：创造、诅咒、堕落、传染和危机。

表 1. 新发疾病概况

- 自 1980 年以来，已经出现了 87 种全新的或再次出现的疾病。
- 世界卫生组织（世卫组织）追踪超过 100 种新发和再发疾病。
- 已知人类传染病中，有百分之六十（或更多）可以通过动物传播。
- 人类新发或新出现的传染病中，四分之三来源于动物。
- 最常见的严重后果病原体包括 SARS-CoV-2、HIV 感染、SARS-CoV-1、MERS CoV、疏螺旋体、大肠杆菌 0157:H7（大肠杆菌）、鼠疫耶尔森氏菌、汉坦病毒、登革热病毒、西尼罗河病毒和寨卡病毒。

“为什么会出现新的疾病？”医学科学家们正在提出并试图解答这些关键问题：

1. 哪些疾病是真正新出现的？
2. 为什么新疾病层出不穷？

3. 这些新出现的疾病起源于哪里？
4. 世俗生物学家与持有圣经世界观的生物学家在解释传染病方面有何不同？

“一体化健康”理念

人类、动物和环境健康错综复杂、密不可分，且皆由造物主精心设计。地球上所有生命都通过造物主的计划联系在一起。世俗科学家（包括美国疾病控制与预防中心的科学家）认识到生物圈内的这种联系，并将其称为“一体化健康”（Cowan 和 Smith, 2021）。其理念是，这三个相互作用的组成部分相互关联，良好的管理应重视它们各自的重要性。其逻辑在于，微生物（和寄生虫）在人类宿主、动物宿主和环境储存库之间循环。环境变化可能导致病原体向动物和人类的新传播。将“一体化健康”（图 3）形象化为三个重叠的球体或许有助于理解。任何一个球体的变化都会持续影响其他球体。不同动物宿主（宿主）和不同环境条件下微生物的混合（置换）可能导致潜在的新病原体和寄生虫的适应性进化。

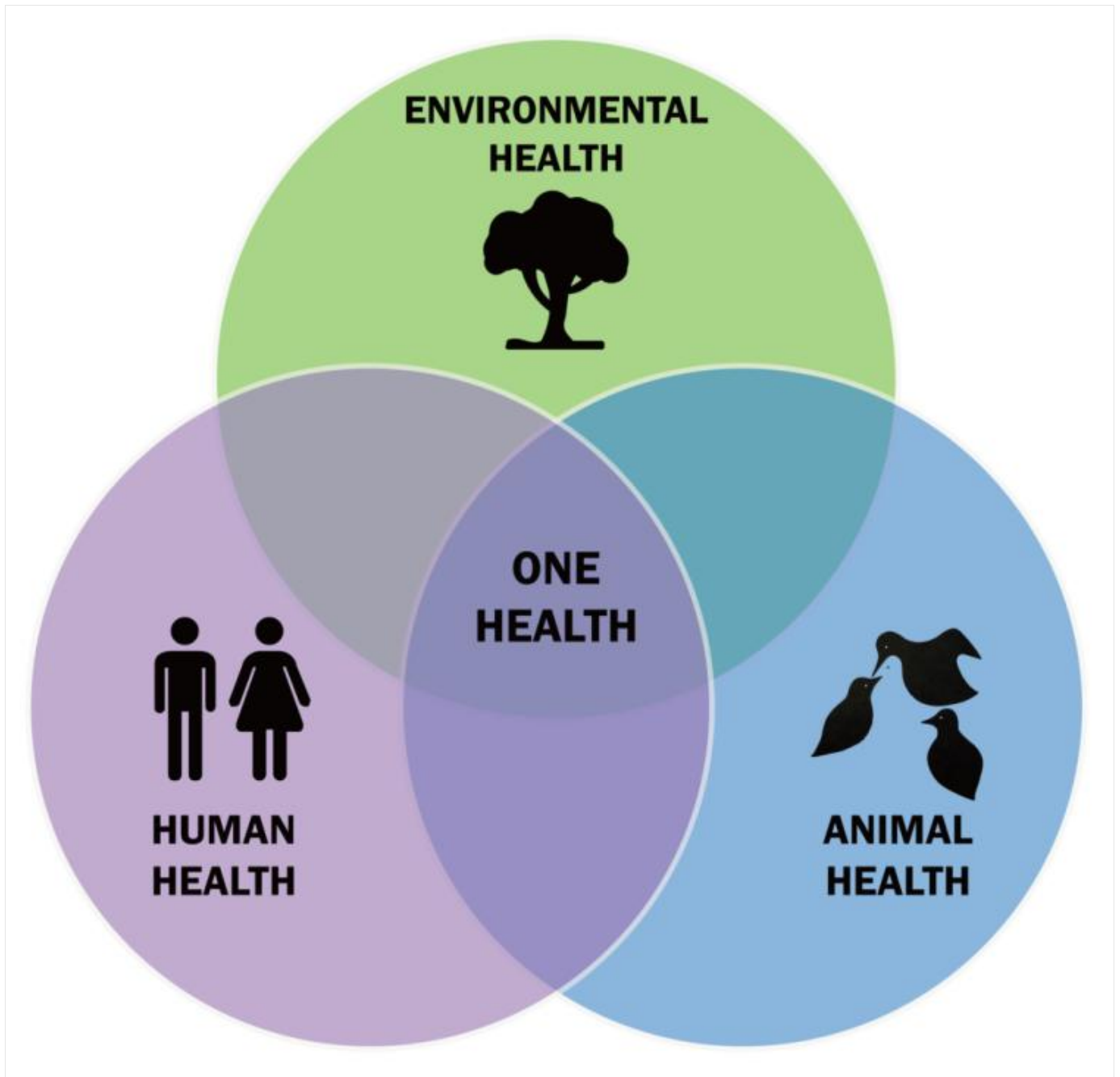


图 3. “一体化健康”理念，包含人类健康、动物健康和环境健康三个方面。图片来自 [Wikimedia](#)，作者 Thddbfk。

人类活动可能促进传染病的出现（例如，通过生态破坏、野生动物栖息地破坏、食用外来动物以及动物（包括家畜）的流动）。近期猪流感和新冠肺炎疫情就体现了这一点。鸟类、猪和人类之间的互动导致了流感

病毒重组毒株的变异。人类食用外来动物可能与 SARS 的爆发有关。

环境变化，例如气温升高、暴雨和干旱，会诱发适应性突变。气温变化会改变携带疾病的节肢动物（跳蚤、蜱虫、蚊子）的栖息地，并导致易感人群发生变化。寨卡病毒和登革热病毒的传播也随着其宿主埃及伊蚊的北迁而北移，即使气温略有升高，埃及伊蚊的分布范围也会不断扩大。有时，环境变化或人类经常接触的动物种类变化会导致微生物宿主特异性的逐渐或突然改变。这种相互关联的结果是，新发疾病的传播速度加快，以及曾经被认为已得到控制的旧疾病（以新的形式）的再次出现。世界卫生组织追踪并认为 100 多种疾病构成最大威胁。自 1980 年以来，已经出现了 70 种全新的（新型）新发疾病（Chess 2021）。

气候变化对新发疾病的影响

虽然有证据表明，气候模式的变化（降雨与干旱）和气温波动正在影响新发和再发疾病，但碳排放导致全球变暖的证据仍存在一些疑问。我们自身的研究发现，海狸的出现和降雨会增加贾第鞭毛虫的浓度并使其向下游扩散。这种现象是由于地表径流后，水体底部颗粒物的浓度升高和重新悬浮所致（Gillén 2021）。在持续降雨一年后，海狸数量增加，贾第鞭毛虫的数量也随之增加。虽然贾第鞭毛虫似乎并未导致海狸患病，

但它似乎已经传播到人类和家畜身上，导致弗吉尼亚州犬猫贾第鞭毛虫病病例增加。这种局部观察到的变化确实符合“同一健康”的概念。动物、人类和环境之间存在着相互联系。然而，控制全球“气候变化”和整个地球的因素可能超出了人类的能力范围。

位移类比

由于基因改变或宿主或环境的变化，微生物/寄生虫被迁移到新的生态位，这使得共生体能够探索新的生态位（无论是否发生基因改变），这也可能在致病性/寄生性中发挥作用。虽然它们最初被创造出来是好的，但《创世记》第三章的诅咒使它们在新的位置或环境中变得致病。一把手术刀在熟练的外科医生手中是有用的，但在杀人犯手中却会造成灾难。病原体和寄生虫出现在不应该出现的地方时就会造成危害。这被称为……

溢出性人畜共患病

大多数溢出事件会导致自限性病例，不会进一步发生人际传播，例如狂犬病和炭疽病（图 4）。其他一些人畜共患病原体可以通过人际传播，产生继发病例，甚至建立有限的传播链。例如埃博拉丝状病毒、SARS-CoV-1、MERS 和 SARS-CoV-2 冠状病毒以及一些禽流感病毒。一些溢出事件会导致病原体适应人类，

成为新的稳定宿主。事实上，动物可能在过去某个时期传播了目前人类独有的绝大多数病原体。随着长期接触，宿主与微生物之间可能建立永久性的关联，导致共同适应，甚至微生物基因组整合到人类基因组中，例如逆向内源性病毒的情况。两种物种在遗传上越接近，微生物就越容易克服生物屏障，成功发生溢出。因此，其他哺乳动物是人类人畜共患病原体的主要来源。

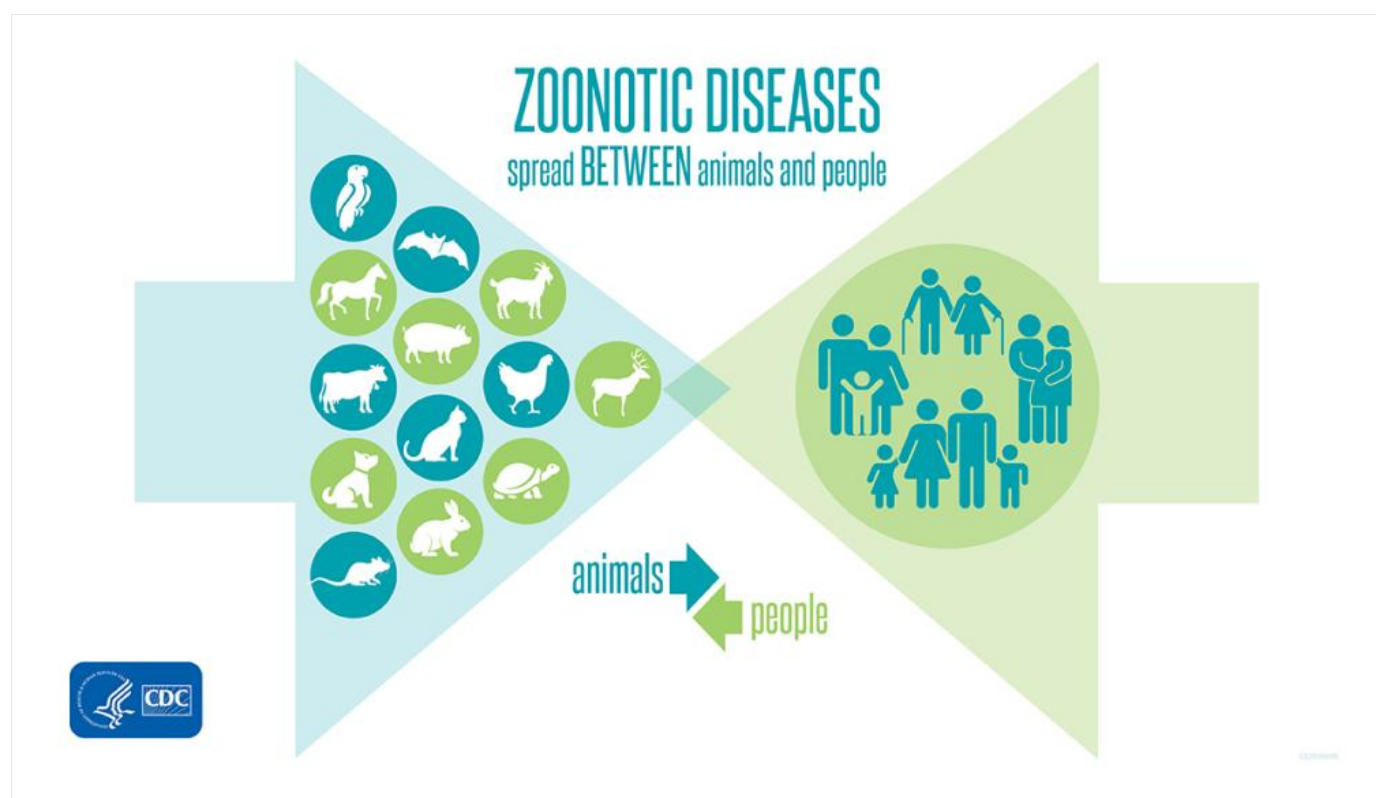


图 4. 大多数人类疾病和感染都源于动物。图片来自[美国疾病控制与预防中心](#)（页面存档于 2021 年）。

过去 50 年间，人畜共患病的溢出效应有所增加，这主要是由于农田受到环境变化的影响，例如森林和丛林的砍伐、野生动物栖息地的改变以及工厂用地的增加。

动物即使携带疾病也可能保持健康，这使得此类疾病在美国乃至世界各地都十分常见。

生命的狂野一面：宿主“货物”的移位

人畜共患病是由病原体从非人类动物（通常是脊椎动物）传播到人类的传染病。动物携带微生物——有些是“有益的”，有些是“有害的”。野生动物传播循环（指病原体出现在野生动物体内或影响野生动物）也称为“野生”传播循环，是病原体或寄生虫自然传播循环的一部分，但病原体生命周期的一部分是在野生动物和传播媒介之间循环的。人类通常是偶然宿主或终末宿主，被传播媒介感染。病毒的转移和变异与野生动物疾病如何演变为城市疾病密切相关。病毒、细菌或寄生虫（“宿主携带物”）会从一个群体“溢出”到另一个群体。

在创造论的微生物学中，微生物（病毒、细菌、真菌和寄生虫）最初被设计在特定的区域，但罪的诅咒之后，它们扩散到其他地方并开始致病。有时，DNA 或 RNA 的突变会导致疾病。有时，遗传信息的丢失、添加或错位也会导致疾病。微生物遗传信息的改变和移位通常会导致其致病性。移位实际上是指基因、病原体和寄生虫在自然界中水平转移到不同的位置，通常发生在森林（或丛林）循环与城市（家养）循环的交汇处。

表 2. 定义（根据美国疾病控制与预防中心 2021 年修订）

人畜共患病是指动物感染并可传染给人类的疾病。

在流行病学中，**疾病媒介**是指携带并将传染性病原体传播给其他生物体的任何媒介；被视为媒介的媒介是生物体，例如中间寄生虫或微生物。

森林型（丛林型）是指病原体在野生动物中出现或影响野生动物。**森林型循环**是指病原体生命周期中在野生动物和传播媒介之间传播的部分。人类通常是偶然宿主或终末宿主，被传播媒介感染。

在“**家养**”或“**城市**”循环中，病原体在媒介和非野生、城市或家养动物之间循环；由于传播效率和环境暴露水平，人类在这些循环中的感染率可能有所不同。

迁移：微生物最初被设计在特定地点发挥有益功能，但亚当堕落后，它们扩散到其他地方并造成了问题。基因的水平转移包括致病岛、转导或“溢出”。病毒、细菌、真菌和/或寄生虫离开了它们最初被创造的地方。此外，动物和人类的免疫系统也存在差异。

溢出感染。微生物和寄生虫有时会从一个物种传播到另一个物种，这种现象被称为溢出事件。这种传播也可以称为溢出感染或病原体溢出，即从野生宿主（森林或丛林）传播到家养（或城市）宿主。

表 3. 新发疾病概况

新发传染病是指近期在某一人群或地理区域内出现，且被认为会迅速蔓延的传染病。其病因包括：

- 先前未知的传染性病原体
- 已扩散到新地点或新人群的已知病原体
- 已知致病因子，但其在疾病中的作用尚未被认识到
- 过去在疾病发生中作用显著下降，但如今又重新出现的病原体（再发传染病）
- 通过初级宿主和次级宿主之间的密切接触进行传播——也需要病原体突破通常会阻止溢出事件发生的屏障，包括克服病原体与其新宿主物种之间固有的不相容性以及战胜新宿主的免疫反应。
- 微生物从一种宿主物种传播到另一种宿主物种后，成功地在新宿主成员中传播（在此过程中，传染性病原体的发病率增加，新宿主的感染率也随之增加）。

疟疾

疟疾主要是一种媒介传播疾病，昆虫将其从一个宿主传播到另一个宿主。如前所述，*疟原虫*在某些鸟类中不会引起疾病，反而会刺激它们的免疫反应（Gillen 和 Sherwin, 2013）。然而，在人类中，疟原虫会导致严重的疾病。大多数人类疟疾是由四种“经典”的疟原虫引起的：恶性疟原虫（*P. falciparum*）、三日疟原虫（*P. malariae*）、卵形疟原虫（*P. ovale*）和间日疟原虫（*P. vivax*）。由于媒介并非宿主，它们与储存宿主属于不同的生态类别；它们感知病原体存在的方式也不同。大多数疟原虫从蚊子传播到人类通常不被认为是溢出效应，而是被认为是媒介传播

（Quammen, 2013）。媒介寻找宿主是因为它们需要资源（例如血液）。储存宿主并不寻求溢出效应。溢出效应是偶然发生的，储存宿主无法从中获益。因此，大多数人类疟疾（四种传统疟原虫）并非人畜共患，因为它们只感染人类。大多数猴疟原虫只感染猴子；大多数鸟疟原虫只影响鸟类。然而，*诺氏疟原虫*、*猴疟原虫*和*猿疟原虫*可能是例外。这些疟疾似乎是人畜共患的，可以从猴子传染给人类（图 5）。

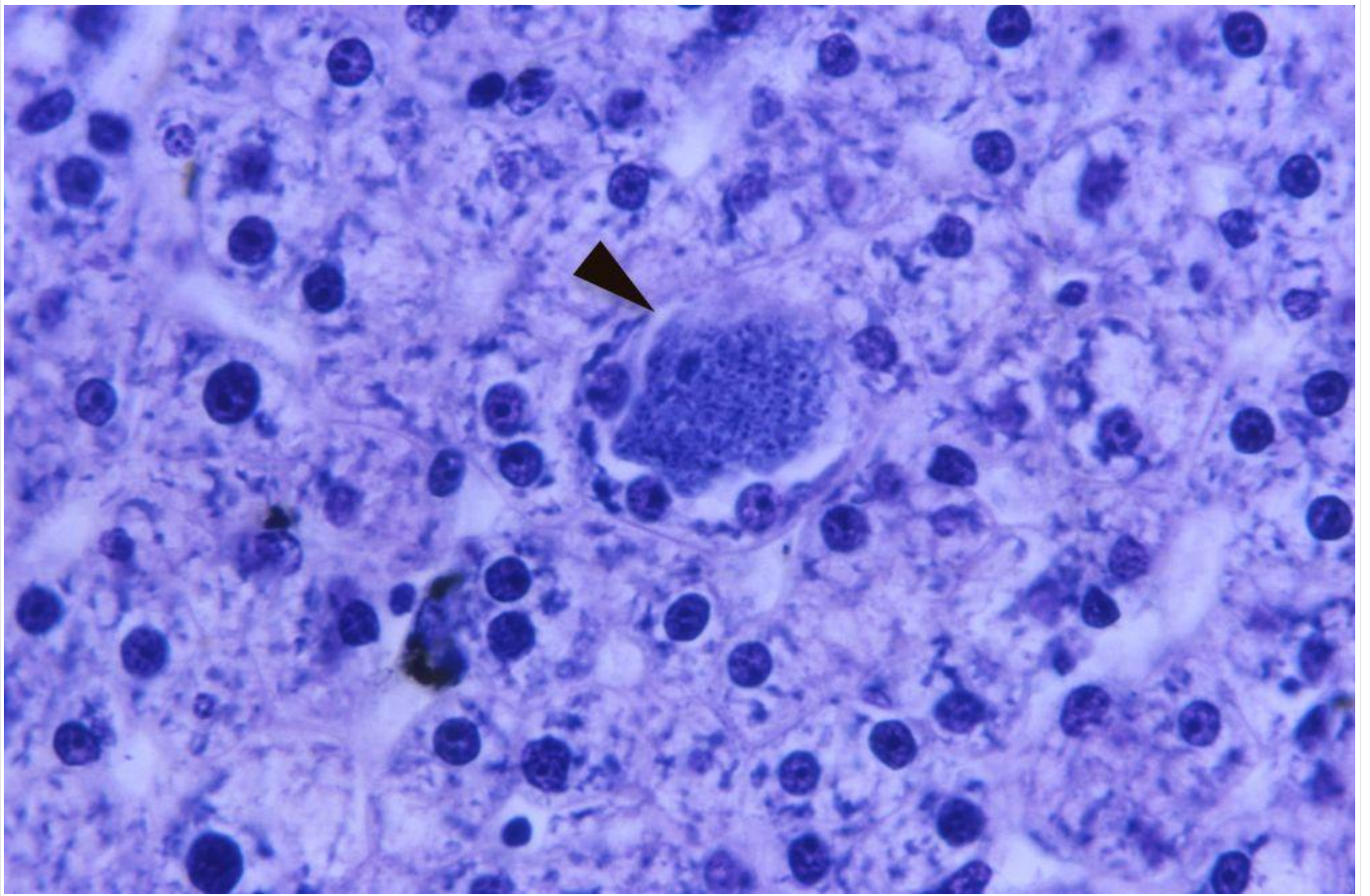


图 5. “猴疟” 现已感染人类。这是在 500 倍放大倍率下拍摄的恒河猴肝组织显微照片，该组织感染了猴疟原虫 (*P. cynomolgi*)。图中可见肿大的肝细胞（箭头所示）内含有大量裂殖子。图片由美国疾病控制与预防中心/克林顿·史密斯提供。

疟疾从猴子到人的变化

长尾猕猴被认为是五种疟原虫的天然宿主：诺氏疟原虫 (*P. knowlesi*)、菲尔德疟原虫 (*P. fieldi*)、科氏疟原虫 (*P. coatneyi*)、食蟹猴疟原虫 (*P. cynomolgi*) 和犬疟原虫 (*P. inui*)。在这些非人灵长类动物疟原虫中，诺氏疟原虫和食蟹猴疟原虫导致人类感染病例增加，而人类感染曾被认为极其罕见。

最早的诺氏疟原虫人类疫情之一发生在 2004 年的婆罗洲。此后，几乎所有东南亚国家都报告了人类感染病例，使诺氏疟原虫成为第五种可导致人类疟疾的疟原虫（Roberts 和 Janovy，2013）。分子技术的最新进展极大地促进了我们对疟原虫分布以及非人灵长类动物疟原虫与人类疟原虫之间密切祖先关系的理解。非人灵长类动物寄生虫向人类群体的传播会造成严重后果，包括可能对根除工作构成挑战。因此，了解某些疟原虫从猴子到人类的传播过程至关重要（图 6）。

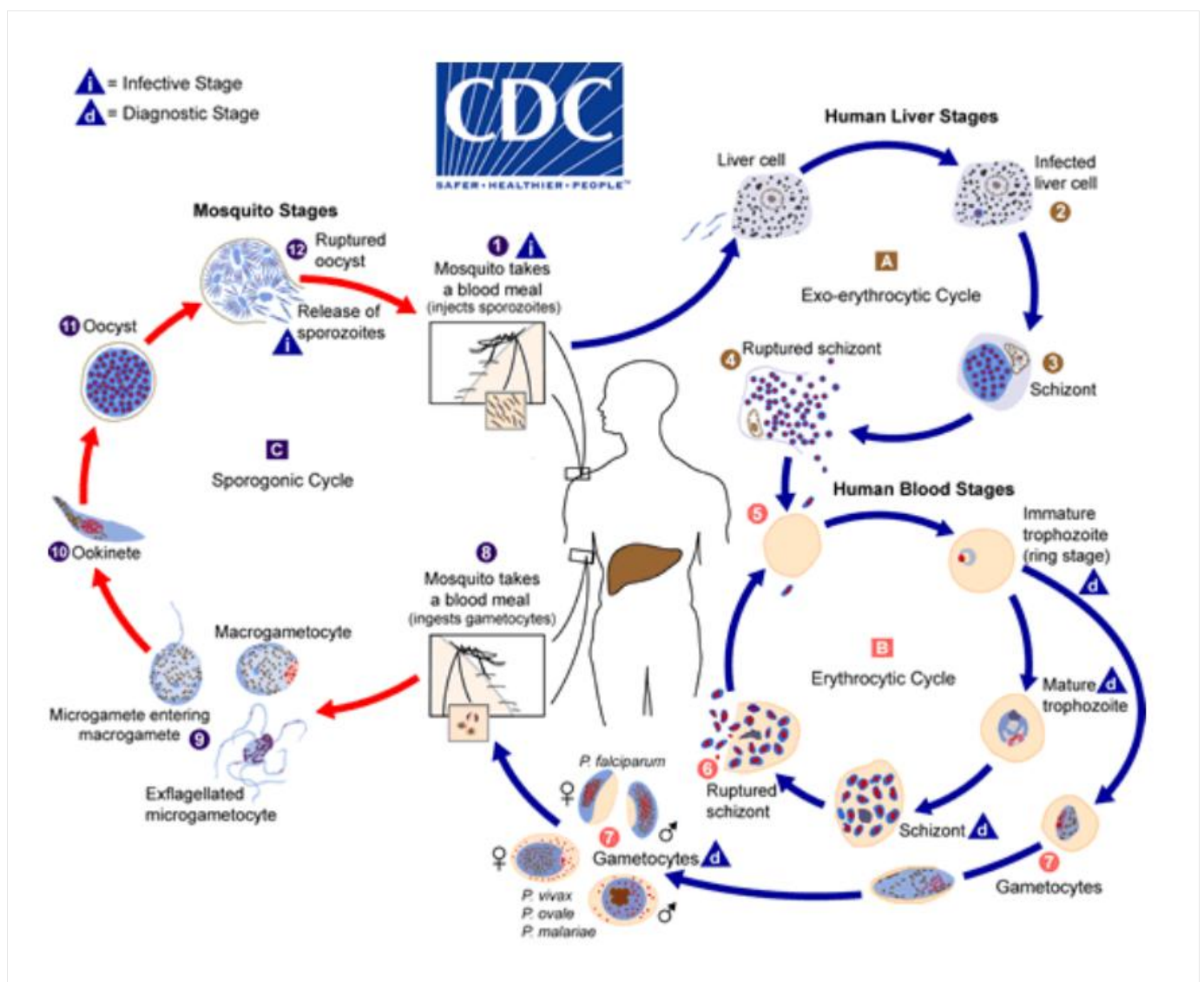


图 6. 疟原虫的生命周期及疟疾的人畜共患病。主要宿主和传播媒介是雌性蚊子。人类和其他脊椎动物是次要宿主。受感染的蚊子将疾病从人传播到人或从脊椎动物传播到脊椎动物，而受感染的人又将寄生虫传播给蚊子。图片来源：美国疾病控制与[预防中心](#)（页面存档于 2021 年）。

Yoshimasa Maeno 等人 (2015) 着重分析了感染狄氏按蚊唾液腺的疟原虫子孢子的种类组成。他们的目标是确定狄氏按蚊作为疟原虫从猴子传播到人类的桥梁媒介的潜在作用。研究人员从越南的森林边缘地区采集了按蚊，并使用PCR技术鉴定了唾液腺中的疟原虫种类。鉴定出的六种疟原虫按流行程度排序分别为：间日疟原虫 (*P. vivax*)、诺氏疟原虫 (*P. knowlesi*)、犬疟原虫 (*P. inui*)、猴疟原虫 (*P. cynomolgi*)、科氏疟原虫 (*P. coatneyi*) 和恶性疟原虫 (*P. falciparum*)。此外，33%的感染蚊子存在多种疟原虫感染，其中大多数是间日疟原虫与一种或多种非人灵长类动物疟原虫的混合感染 (Maeno 2015)。这些结果表明，越南这一地区的居民普遍感染了人源和非人灵长类动物源的疟原虫。这反过来又促进了新型人畜共患疟疾的出现。

贾第虫病

贾第鞭毛虫对海狸和某些动物危害甚微；某些鼠贾第鞭毛虫株（*G. muris*）能够调控其肠道菌群（Gillen 和 Sherwin, 2017）。贾第鞭毛虫如同肠道生态系统工程师，间接调节同一环境中其他物种的资源可用性，并排出可被有益肠道细菌代谢的新型代谢废物，例如脂质或氨基酸（Gillen 和 Sherwin, 2017）。然而，当贾第鞭毛虫感染人类和宠物时，便会引发疾病，正如弗吉尼亚州的情况所示。寄生虫卷土重来的另一个潜在原因是弗吉尼亚州海狸数量众多（图 8）。流域，即汇集雨水汇入溪流、河流的区域，是海狸喜爱的栖息地。因此，弗吉尼亚州的流域数量可能反映了该州海狸的数量。我们观察到詹姆斯河流域（面积最大、长度最长的流域）的河狸和贾第鞭毛虫数量都出现了激增（Gillen 2021）。尽管贾第鞭毛虫在河狸中已十分常见，但我们并未发现河狸出现腹泻症状。这仅仅是其正常微生物群落的一部分。



图 7. 受污染的饮用水中含有来自海狸的 *贾第鞭毛虫*，可导致人类患上贾第虫病。图片由 Bob Greenburg/黄石国家公园通过 [Wikimedia](#) 提供。

*贾第鞭毛虫*主要寄生于多种脊椎动物的上消化道，但在某些动物中，它引起的疾病症状极轻微，甚至完全不发病。尽管 *贾第鞭毛虫*可能致病，但某些菌株在肠道内定植却不会引起疾病。这种寄生虫不具侵袭性，仅影响小肠，并且可能以非寄生性、甚至可能是互利共生的方式发挥作用。*贾第鞭毛虫*可能影响肠道微生物群，增强某些动物的消化功能，并可能改变肠道菌群中厌氧菌和需氧菌的比例（图 7）。*贾第鞭毛虫*可能在宿主代谢中发挥作用，并通过与肠道细菌（如大

肠杆菌)的共生关系来增强营养(Gillen 和 Sherwin, 2017)。

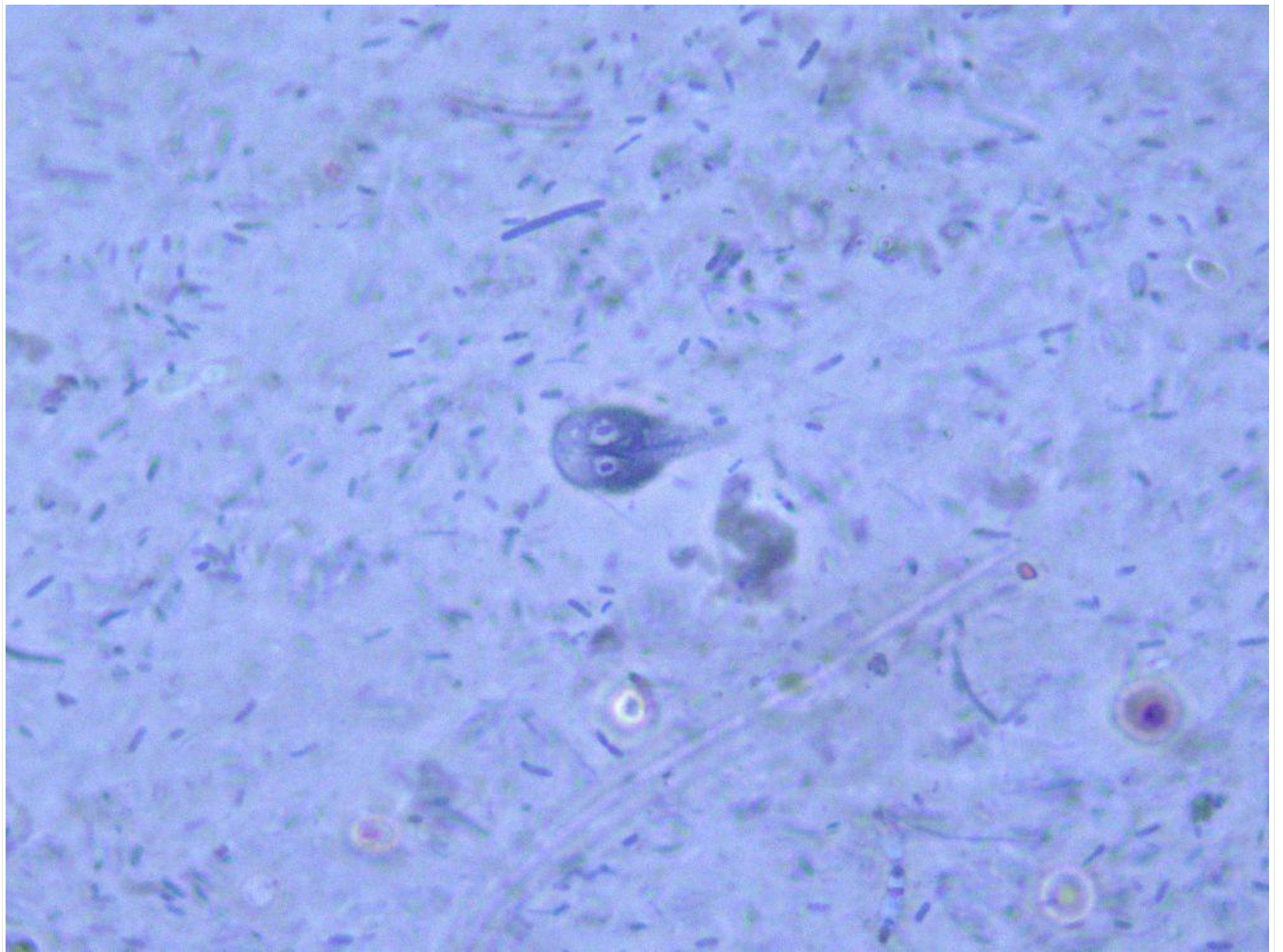


图 8. 使用徕卡相差显微镜在 1000 倍放大倍率下观察到的蓝氏贾第鞭毛虫。图片由 *Alan L. Gillen* 提供。

流离失所的证据

大多数大肠杆菌菌株高度适应人类生活，极少在其他动物体内生存。然而，大肠杆菌 0157:H7 主要寄生于牛、羊和其他家畜体内。大肠杆菌 0157:H7 可能具有产生“毒素”的基因，以某种方式“帮助”其动物宿

主。感染大肠杆菌0157:H7 的羊比未感染该菌株的羊更能抵抗致癌病毒；在牛体内，该菌株可能有助于牛获得一些益处，例如提高维生素 K 水平。无论如何，大肠杆菌0157:H7 似乎不会对这些家畜造成伤害（Gillén 和 Oliver, 2010），但对人类而言，大肠杆菌0157:H7 却是致命的。

大肠杆菌和锥虫是置换和突变现象的两个最佳例证，它们都拥有实验证据。这两种细菌都存在一些变异体，这些变异体在一种宿主中非常有利，但在人类中却非常有害。

路易氏锥虫（*Trypanosoma lewisi*）是世界各地鼠类（*Rattus* 属）和其他啮齿动物的天然血鞭毛虫，对人类的致病性相对较低；然而，在鼠类常见的印度，婴儿感染锥虫的病例屡见不鲜。锥虫病的人类感染病例已有充分的文献记载，考虑到多种锥虫的动物宿主存在于人类周围，尤其是儿童周围，因此需要格外警惕。在发展中国家，其他动物和人群中观察到了关节炎（类风湿性关节炎）和贫血的病例。霍华德大学的 David Lincicome 博士的研究表明，接种锥虫的大鼠的食物摄入量、维生素吸收量和体重变化均显著高于未接种的对照组（Lincicome 和 Sheppersox, 1963）。这项研究支持了创世假说，即锥虫是人类堕落前“正常”微生物群落中的互利共生成员。事实上，研究人

员得出结论，锥虫进行了共同适应，不仅带来了耐受性，还给锥虫和“受感染”的啮齿动物都带来了好处，就像如今哺乳动物胃肠道中的某些*大肠杆菌*菌株一样。

莱姆病

1975 年，人们发现受感染蜱虫注入的细菌会在皮肤上繁殖扩散，然后通过血液循环进入身体组织。免疫反应会造成组织损伤。20 世纪 70 年代，这种疾病被称为莱姆病。

在莱姆病中，白尾鹿是硬蜱（图 10）的“正常”终宿主（因此得名“鹿蜱”）。白足鼠是典型的储存宿主，是人类或其他物种的感染源。但只有当蜱虫叮咬并感染人类后，*伯氏疏螺旋体*才会大量繁殖，导致人类患病。*伯氏疏螺旋体*从其天然宿主中被驱逐，才是造成严重疾病问题的原因（图 9 和图 11）。

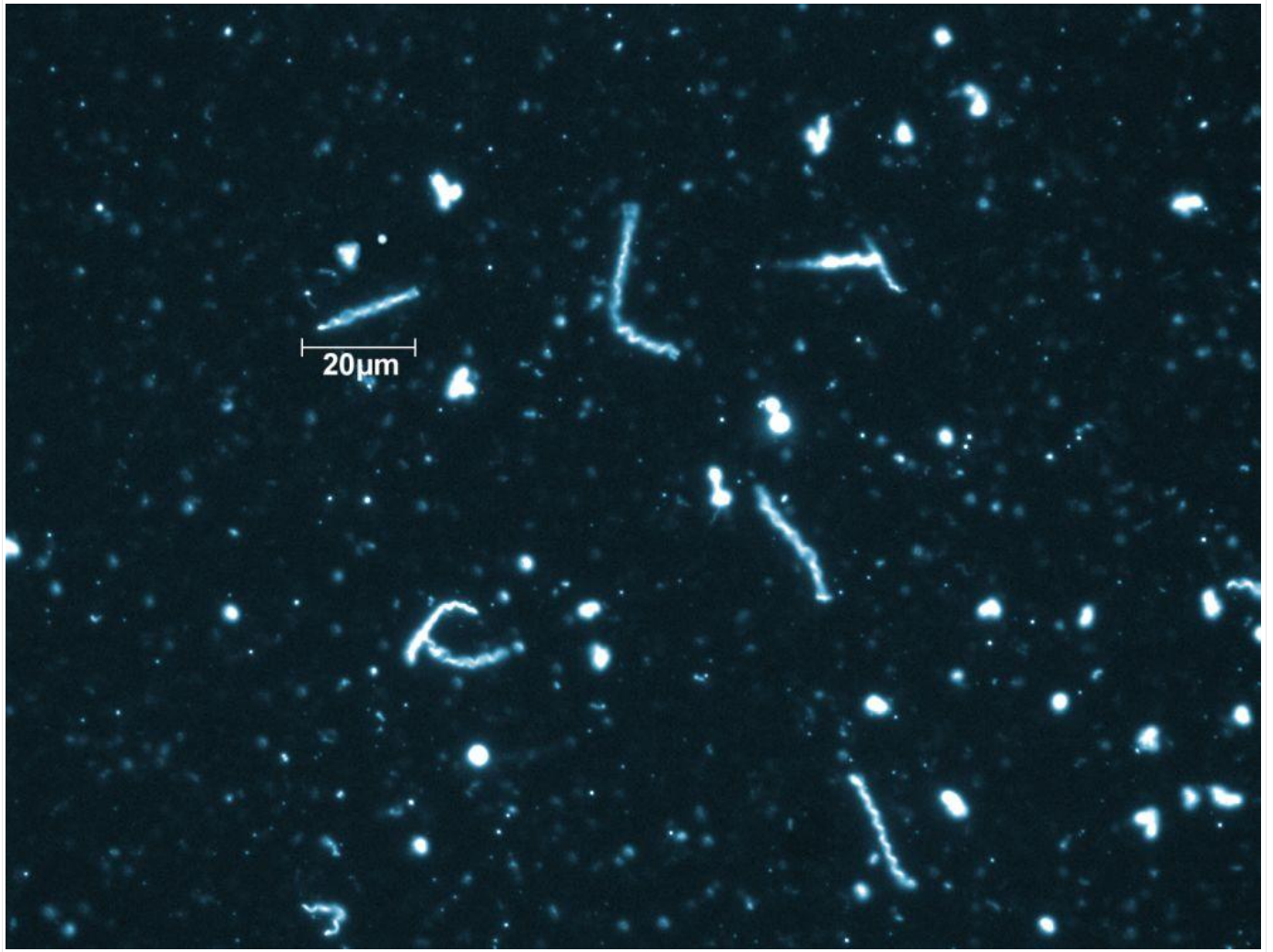


图 9. 莱姆病的新型细菌变种。使用暗视野显微镜技术，在 400 倍放大倍率下观察梅奥尼氏螺旋体 (*B. mayonii*)。梅奥尼氏螺旋体于 2016 年被发现，它引起的皮疹呈弥漫性，而非伯氏疏螺旋体 (*B. burgdorferi*) 引起的“靶心”状皮疹。图片由 Adam Replogle 提供，来自美国疾病控制与预防中心(CDC)。



图 10. 黑腿蜱 (*Ixodes*) 是伯氏疏螺旋体 (*B. burgdorferi*) 的传播媒介，该病原体可引起莱姆病。图片由 James Gathany 提供，来自美国疾病控制与预防中心 (CDC)。

Global Examples of Emerging and Re-Emerging Infectious Diseases

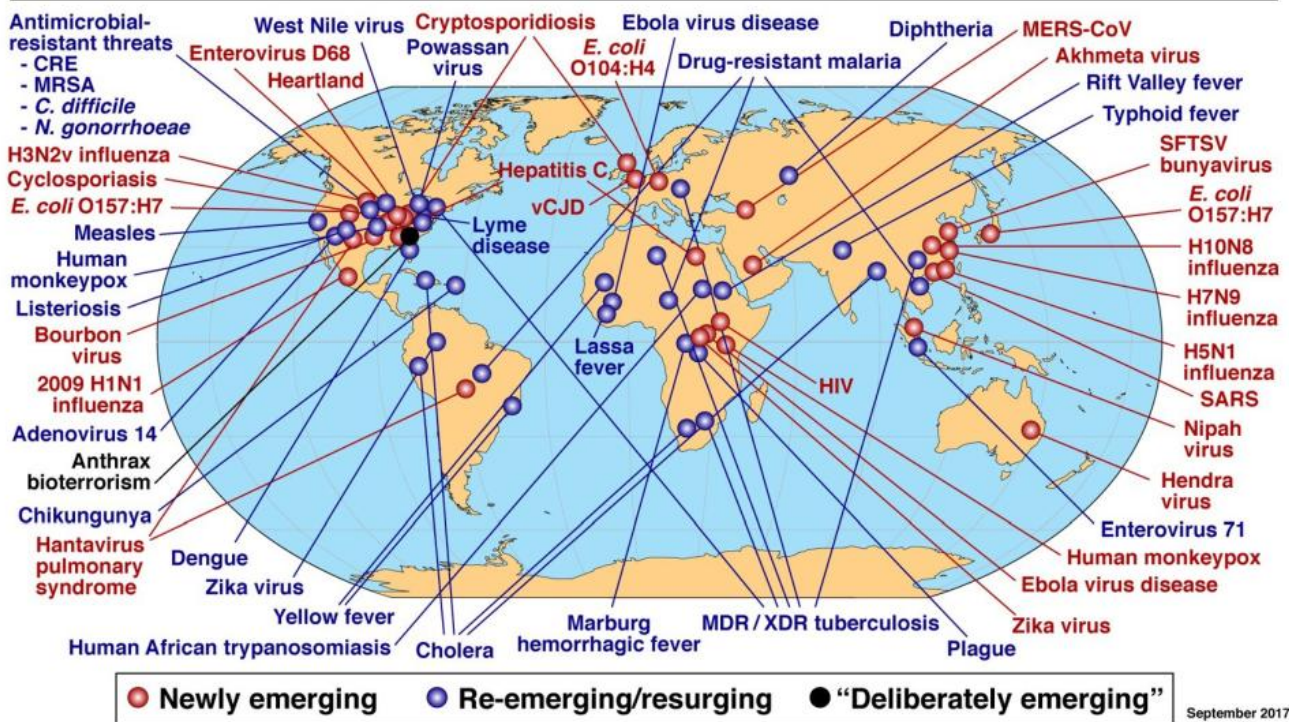


图 11. 全球新发和再发传染病实例。图片由 Anthony Fauci 通过 [Wikimedia](https://www.wikimedia.org/) 提供。

莱姆病是美国最常见的人畜共患病，其致病性似乎与菌株置换和突变有关。研究发现，蜱虫体内存在非致病性伯氏疏螺旋体，它是蜱虫正常微生物群的一部分，对蜱虫有益（Anderson、Barthold 和 Magnarelli, 1990）。

伯氏疏螺旋体（*Borrelia*）的变异增加了莱姆病的复杂性。长期以来，人们一直认为只有一种主要的伯氏疏螺旋体是莱姆病的病原体，直到 2016 年梅奥氏疏螺旋体（*B. mayonii*）的发现。梅奥诊所所在明尼苏达州、威斯康星州和北达科他州等地开展的研究表明，这种

新发现的伯氏疏螺旋体仅在当地居民采集的 9000 份样本中的 6 份中被发现（CDC 2019）。这表明它在基因上与伯氏疏螺旋体（*B. burgdorferi*）存在差异。梅奥氏疏螺旋体的分布似乎仅限于美国中西部地区，因为在莱姆病最常见的发病地区——东北部和太平洋中部地区采集的约 25000 份样本中并未检测到梅奥氏疏螺旋体（CDC 2016）。与其他微生物一样，莱姆病也存在变异现象（CDC 2016）。有关莱姆病和蜱虫起源的更多细节，请参阅即将发表的论文。

总结与结论

自《创世记》中描述的诅咒以来，现代世界大多数传染病的起源可以归因于物种的迁移和变异。传染自然随之而来。瘟疫、灾祸和流行病自古以来就与我们相伴，至少可以追溯到约伯时代和早期以色列时期（埃及十灾）。其中许多疾病都与动物有关（图 11）。新发和再发疾病的出现往往是由于人类与动物的接触。大流行病是指疾病在广阔的地理区域内爆发，并影响到很大比例的人口。像西班牙流感（1918-1920 年流感）和《细菌的起源》（吉伦，2020）中描述的鼠疫这样的大流行病并不常见。西班牙流感的最后病例出现在 1919 年 12 月，少数病例持续到 1920 年 1 月。一个世纪后，新冠肺炎成为下一个全球关注的焦点。早在 2019 年 11 月，中国医生就发出警告，称他们在患

者身上观察到一种类似 SARS 的疾病。他们的警告被政府置若罔闻，到 2019 年 12 月底，一种急性呼吸道疾病的疫情已蔓延至新年伊始。颇具讽刺意味的是，在西班牙流感爆发 100 年后，世界再次遭受重创。

瘟疫、灾祸和流行病自古以来就伴随着我们，至少从约伯和早期以色列时期（埃及的瘟疫）就开始了。

当可怕的疾病来袭时，信奉**耶稣基督**的人可以在全能者的荫庇下得蒙庇护。《诗篇》91 篇说：“他必救你脱离那致命的瘟疫。”虽然基督徒也无法免受可怕疾病的侵袭，但他们确实能够也必将在造物主那里找到庇护。基督徒蒙召并非要惧怕这些疾病，而是要在危机时刻学习并应用已知的圣经原则（例如隔离、保持卫生以及在需要时给予或接受医疗帮助）。

由于突变、重组和改造（图 12），在基督再来之前，总会有新的变种出现。致命的瘟疫对人类来说并不陌生。我们在整本圣经中都能读到致命的瘟疫和传染病爆发的记载。在旧约中，我们读到摩西颁布的律法，其中包含控制疾病的原则，例如隔离和用牛膝草皂清洁表面。在**出埃及记 15:26** 中，圣经中提到从古至今（启示录）的瘟疫（出埃及记）和灾祸。细菌的起源将会停止，最终细菌将会消失（启示录 22 章）。

读完这篇文章，你心里是否有一些触动？有没有一些新的想法，或者值得你认真思考的问题？或许，你也开始重新思考自己的信仰和人生的方向。

如果你愿意，现在就可以向上帝祷告，打开心门，成为祂的儿女。祷告不需要华丽的言辞，只要一颗真诚的心。你可以这样祷告：

天父上帝，今天我来到你面前，愿意立定心志，宣告我相信耶稣基督是我的救主，是我生命的主。我愿意离开过去那些不讨你喜悦的生活方式，求你赦免我的过犯。靠着你的恩典，帮助我学习顺服你、爱人如己，活出你所赐的新生命。求圣灵每天引导我、扶持我，使我一生荣耀你的名。奉主耶稣基督的名祷告，阿们。

如果你已经做了这个祷告，愿你知道，你并不孤单。信仰的道路需要陪伴和成长。鼓励你在自己居住的地方，寻找一间合适的教会，与弟兄姐妹一同聚会、学习和成长。

如果你有任何疑问，或在信仰上需要帮助，欢迎随时写信与我们联系。我们愿意倾听，也愿意与你一同前行。