

非典非自然起源 和人制人新种病毒基因武器

Feidian Feiziran Qiyuan He Renzhiren
Xinzhong Bingdu Jiyin Wuqi

主编/徐德忠 李 峰



军事医学科学出版社

非典非自然起源和 人制人新种病毒基因武器

主编 徐德忠 李 锋

军事医学科学出版社
· 北京 ·

图书在版编目(CIP)数据

非典非自然起源和人制人新种病毒基因武器/徐德忠,李锋主编.

--北京:军事医学科学出版社,2015.2

ISBN 978-7-5163-0587-4

I. ①非… II. ①徐… ②李… III. ①严重急性呼吸系统综合症-研究

IV. ①R512.93

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2015)第 030690 号

策划编辑:孙 宇

责任编辑:吕连婷

出 版:军事医学科学出版社

地 址:北京市海淀区太平路 27 号

邮 编:100850

联系电话:发行部:(010)66931051,66931049

编辑部:(010)66931127,66931039,66931038

传 真:(010)63801284

网 址:<http://www.mmssp.cn>

印 装:中煤涿州制图印刷厂北京分厂

发 行:新华书店

开 本:787mm×1092mm 1/16

印 张:16.5(彩 9)

字 数:334 千字

版 次:2015 年 8 月第 1 版

印 次:2015 年 8 月第 1 次

定 价:50.00 元

编委会成员分工和单位、职称

主编:

- 徐德忠 第四军医大学军队流行病学教研室,教授;INCLEN,CEU,主任
李 锋 总后勤部卫生部防疫局,副局长;中国健康促进与教育协会,副会长

副主编:

- 王安辉 第四军医大学军队流行病学教研室,副主任,副教授
李广林 陕西师范大学生命科学院,副教授
张 磊 第四军医大学军队流行病学教研室,副教授
吴秀华 陕西省武警医院消化内科,主任,主任医师

编委:

- 段广才 郑州大学公共卫生学院流行病学教研室,教授
杨瑞馥 军事医学科学院微生物流行病研究所分析微生物学研究室,主任,研究员
宋亚军 军事医学科学院微生物流行病研究所分析微生物学研究室,副主任,研究员
张景霞 第四军医大学军队流行病学教研室,高级实验师
唐晓凤 第四军医大学门诊部,副主任技师
王 波 第四军医大学军队流行病学教研室,副教授
孙慧敏 第四军医大学军队流行病学教研室,博士后
李 端 第四军医大学军队流行病学教研室,讲师

编者:

- 苏海霞 第四军医大学军队流行病学教研室,副教授
王颖芳 河南科技大学医学院公共卫生教研室,讲师
徐 锐 第四军医大学军队流行病学教研室,博士
赵宁宁 第四军医大学军队流行病学教研室,助理实验师

前言

虽然,给我国和全球带来沉重灾难之非典(传染性非典型肺炎,SARS)流行已过去十多年多,为何其“来无影、去无踪”的问题却始终未解。即使在其发生十周年之际,发表了诸多议论、文章和专著,却未提及至关重要的非典“起源”!然而,不揭示其真实起源,如何能预防和控制非典卷土重来或类似非典的奇怪新发传染病(如2013年春又在我国首发、同样“来无影”的人H7N9禽流感)发生呢?!这原是个十分浅显、稍有头脑者一想即明白之道理,但关注的人却不多。可能有人认为,非典已经没有了,何必还多此一举追根究底呢?我的回答:否,否,否也!

解开非典真实起源之谜,是关系到防控类似新发传染病、我国和全球安全甚至人类未来生存之万分重要的科学命题!这是否危言耸听?!请读者将本书阅毕自有公论。当然,这也是编写本书的唯一宗旨。

首先,告知读者提及此科学命题或编写本书的起因和过程。在2003年非典流行终止前后,我在中央电视台新闻台、焦点访谈等栏目和卫生部组织的多省区培训班上多次提出:“今冬明春非典必将再次流行”,必须做好应对准备。这是根据几十年对我国传染病流行病学理论理解及其实践,结合非典流行具体规律做出的学术推断。但实际上,仅当年年底至次年年初广州出现4例轻型无续发患者之小爆发和2004年5月结束的3起实验室感染外,全球再无病例和感染发生。

此种意想不到之流行结局引起我极大的关注和深沉的思虑:非典显然违反了新发传染病流行的自然规律,很可能暗含着或大或小深层次之奥秘。我感到此事非同小可,决心探其究竟。然而,飞来横祸,诸病缠身。2010年前后有所好转,思忖尽量应在有生之年,揭示非典起源之谜!

广泛查阅国内外有关非典及其病毒(SARS-CoV)的专业文献,发现了许多非典异常起源之流行病学证据。但是,我深知,这些宏观的论点难以服人,尤其是高科技和DNA知识深入人心的今天;必须挖掘出分子病毒学甚至分子进化的资料作为证据链之有力支撑!功夫

不负苦心人:在日夜的思索中,终于有一夜,脑海突然闪现已研读多遍的一篇描述 SARS-CoV 分子进化论文中的一幅图,并将其和“逆向进化”联系在一起。顿时,豁然开朗:找到了梦想多年、打开非典起源大门之“金钥匙”——“逆向进化”理论和技术!在自然界经长期自然进化、先适应于与人亲缘关系很近的动物、再逐渐适应于人并在其群体中流行之新病毒,必然以“顺向进化”为主;相反,若是非自然起源、未经这个自然适应性进化过程之新病毒,在流行中必然不能适应于人类这种新宿主而出现“逆向进化”,最后离开人群!

第二,非典病毒起源和人制人新种病毒基因武器之间的关系。本书以流行病学、传染病学、分子病毒学、分子生物学和分子进化等大量证据判定 SARS-CoV 为非自然起源,即人为起源。目前,各种恐怖主义活动猖獗,无疑生物恐怖亦毫无例外:随着生物技术日新月异发展,生物武器、基因武器的研制手段和种类迅速更新。因此,非典病毒的人为起源,不能排除其是恐怖主义者所研制的新型(当代)基因武器。不期,此种推想在 2013 年夏得到了证实。当时,我查阅文献时,偶然发现了某国空军大学空军战时学院空军上校迈克尔·安尼斯可夫(Michael Ainscough)于 2002 年 4 月撰写的第 14 号防扩散系列文件全文,题目为:“下一代生物武器:基因工程应用于生物战和生物恐怖主义”(简称安文),其解密时间可能为 2012 年 12 月 28 日;同时还收集到西方其他学者发表在权威杂志的有关当代基因武器具体研制和防扩散技术之论文。从这些发表的文章中,使人们看到了连接非典病毒和当代基因武器之间的桥梁,即在学术上、技术上证明了两者的可靠联系(详见本书第四章)。因此,本书对当代基因武器的叙述及其与非典病毒联系的论证,均是以公开发表的文章为依据,并应用我国传染病流行病学理论及其实践经验加以剖析之结果。

第三,主编的感受。某虽不才,然也主编或参编过多本当时国内未见的专著,但从无撰写本书中的下述各种感觉。书写时,似感全身血液在奔腾、每块肌肉在用力;悲愤时欲蹬地使穿,恼怒时欲推倒书桌,激动时欲放喉高歌。因为我国和世界受害者太受伤害和冤屈了!恐怖主义者太凶暴和残酷了!而我国传染病流行病学理论太高明和奥妙了!深信,读者在阅读本书时可能也将会产生同样的感觉。

第四,本书的内容紧紧围绕主题安排,读者一看目录便知。需强调两处。首先,“第四章当代基因(人制人新种病原体 and 致病基因)武器及其施放”,是在撰写过程中临时增加的。因为看到安文后异常震惊,2002 年 4 月恐怖主义者研制基因武器的技术竟已如此高超:6 种内至少 2 种,尤其是第五种产生“跨宿主的疾病”(host-swapping diseases)之方法,和 SARS-CoV 起源及其所致流行是何等相似!但在其流行前半年,研制的思路与步骤已经详细记载于此文件之内!所以,我决心更全面深入阅读有关论文,同时结合我国刚发生的人 H7N9 禽流感流行,思考当代基因武器的实际水平应该已达到何种程度?其具体的实验和试验步骤又怎样?其战剂类型和施放方式可能又有何种变化?其所致流行状况和结局又如何?在理

论层面又如何解释和深入？凡此种种，作者应在自己透彻理解、联系实际、合理推断和理论创新之基础上，进行逐层深入、具体翔实、全面剖析、理论和案例结合，才能使读者更清晰、更全面掌握上述有关“当代基因武器”的各种知识，才能使读者理解本书的宗旨和两大主题“非典非自然起源”与“人制人新种病毒基因武器”之间的内在联系。所以，我持这种心态撰写了此章。

其次，附件在本书占很大篇幅。因其虽为“附”，但作用不可小觑。其一，内容专一而系统、具体，如“附件二 和某国际组织总干事的来往信件”中一篇学术报告，仅引用文献即达 95 篇（其中英文 90 篇），全面叙述和论证了 SARS-CoV 的非自然起源。“附件六 ‘人感染 H7N9 禽流感分布异常及其异常起源之可能’ 转载”，该文发表于 2003 年 8 月，系统描述了当时人感染 H7N9 禽流感流行病学之反常及其病原体分子病毒学的有限证据，表明不能排除其病毒为非自然起源之可能。其二，附件一至四，多方面引证国际上对“SARS-CoV 的非自然起源”的透明或半透明甚至“犹抱琵琶半遮面”之态度和看法或旁证；显然，此对实现本书的宗旨非常重要，但放在正文似欠妥。其三，附件五为发表于“Negative”的“*R. sinicus* should be reservoir of SL-CoV but not SARS-CoV; critical comments on Ge et al. 's paper in Nature” 论文，逐条驳斥了国际某顶级杂志关于“中华菊头蝠为非典病毒（SARS-CoV）的贮存宿主”的错误学术观点。这不仅表明高不可及的杂志也会发表误导读者之论文，也反映迟至今日仍有某些人可能有意无意地阻碍“SARS-CoV 真实起源”的寻求！可见，本书出版之紧迫性和重要性不言而喻。此外，为点明每个附件之主题，均在其首页加“编者注”，便于读者将该文和本书宗旨加以联系。

对于本书，还有几点须谈。鲁迅曾说：“其实地上本没有路，走的人多了，也便成了路。”现更有人言：“没有创新的民族，是没有希望的民族。”虽然现代化之起点较西方晚，但中华民族已有五千多年文明史，群体内传承着“四大发明”的基因，因此即使现在，我国人民的聪明才智和勤奋精神不亚于世上任何民族，不断涌现出令华人自豪甚至轰动世界的一流技术和突破性理论！在编写本书过程中，自始至终我真切地体会着此种情感！本书多处提及并举例说明，我国现在的传染病流行病学理论之系统性、严密性和实践性强于西方有关的理论；在应用“逆向进化”理论破解 SARS-CoV 的非自然起源之前，我们即先应用我国传染病流行病学理论，结合透过现象看本质的哲学思维，在流行病学和临床医学上揭示了 SARS 非自然起源之真相，并且指出其与“人制人新种病毒基因武器”间的联系。不仅如此，在 2012 年 9 月，即人感染 H7N9 禽流感在我国流行半年多之前，以我国传染病流行病学理论为指针，我即在学术报告中判断：恐怖主义者进一步推出的为“生态型基因武器”。本书对这些均做了详细描述，并由此上升至新的理论高度，以中文形式首次提出国际上尚无的 16 种新概念或术语且加以定义，编入“本书提出的新术语”中。

本书虽有7章和6个附件,但仅2个主题,1个目的:阐明“非典病毒非自然起源和人制人新种病毒基因武器”及其相互关系。因此,各章节所引的实例或逻辑推理可能重复,甚至多次重复,然而,其均出自不同的目的,说明不同的学术规律;故实际起到两个作用:其一,强调其重要性;其二,便于读者领悟本书之宗旨。

诚然,编委会邀请到数位分子生物学、分子进化和基因武器领域内知名专家参与,但大部分编者为流行病学学者,且年轻者居多。所以,虽然在撰写前宣布“文责自负”,主编、编委和审者也恪守职责,可是必然仍存在诸多错漏等,请读者见谅并指正。

如上已述,本书抱着民族自强、理论创新的心态撰写,创新必是前所未有的,犹如自然界新生幼苗,肯定需不断地培育、修改和完善;换言之,编者仅为“抛砖引玉”,这些“创新”在学术上理论上肯定有不当或不全面之处,需进一步探讨和修改。本书可能为国际上首部;讨论的问题又为学术前沿、有关国家安全和人类健康。为此,敬请读者尤其是学者们的指正。

最后,也是最重要的一点。首先应该感谢主政全军疾病防控的总后勤部卫生部防疫局李锋副局长和肩负重任的军事医学科学出版社孙宇社长,由于他们全力的指导、帮助和支持,本书才得以顺利编写并最终问世;因此,在出版之际,向他们和防疫局、出版社的领导和同志们致以崇高敬意。同时,也感谢支持和帮助本书编写和出版的各级首长、领导、机关和图书馆等有关单位,感谢李良寿教授对第一章提出的修改意见,感谢参与编写的各位专家、编者 and 他们的家属所做出的奉献和付出的辛劳,感谢我校军事预防医学院、本教研室领导和全体同志以及我爱人、亲友对我身体的照顾。

徐 伟 忠

2015年3月11日

重要文字摘录和照片

1. “人类传染病史告诉我们,任何重大的传染病,都不会在一次发作后就销声匿迹”

——胡锦涛,在全国防治非典工作会议上的讲话(2003年7月28日),《十六大以来重要文献选编》(上).北京:人民出版社:404-405.

2. “我们要虚心学习借鉴人类社会创造的一切文明成果,但我们不能数典忘祖,不能照抄照搬别国的发展模式,也绝不会接受任何外国颐指气使的说教。”

——习近平主席2014年5月4日在北京大学师生座谈会上的讲话

3. “当前,国内外形势发生深刻复杂变化……要把战斗力标准在全军牢固立起来,把战斗力标准作为军队建设唯一的根本的标准,聚焦能打仗、打胜仗……”

——习近平主席2014年10月30日在古田全军政治工作会议上的讲话

4. “作为一种新的、致死性以及起初知之甚少的疾病,严重急性呼吸道综合征(非典)引发的一定程度的公共焦虑事实上造成向疫区的交通终止而且在整个区域内造成了数十亿美元的经济损失。该病挑战了对新发疾病和易流行疾病相关风险的公共和政治理解,并且将公共卫生整体水平提高到了一个新高度。并非所有国家都感觉到了未来生物恐怖主义的威胁,但是所有国家都关心类似严重急性呼吸道综合征的疾病的来临。”

[世界卫生组织(WHO):2007年世界卫生报告:构建安全未来——21世纪全球公共卫生安全(中文)http://www.who.int/whr/2007/07_overview_ch.pdf]

5. “因此,SARS(非典)冠状病毒既不是任何已知冠状病毒的突变体也不是重组体。它是一种既往未知的冠状病毒,可能来自非人类宿主,并以某种方式获得了感染人类的能力。”

[Holmes KV. SARS-associated coronavirus. N Engl J Med. 2003 May 15;348(20):1948-1951.]

6. “5)跨宿主(交换)的疾病:如前所述,绝大多数的病毒不会引起疾病。在自然界中,

动物病毒的明确(完全适应)宿主范围往往窄……动物病毒往往有一种自然的动物贮存宿主,并在该区域内居住,导致很少或根本没有危害……当这些病毒“跨物种”,它们有时可能会导致严重的疾病。这些例子说明,处置的传染因子可以自然地(naturally)改造成具有非常强毒的生物体。

当这一切自然地(naturally)发生,结果出现一种新的疾病。如果是由人引起的,它将为生物恐怖主义。在有能力、决心和资金帮助生物恐怖分子的实验室,一种动物病毒可能是由基因改造和专门开发制成,并感染人群。新出现的这些疾病,可能为生物战或恐怖主义应用严重的出人意料之后果。

[Michael Ainscough, Next Generation Bioweapons: Genetic Engineering and Biowarfare (April 2002).] (注:此文件约在 2012 年 12 月 28 日解密)

7. “究其缘由,不言而喻,因为 SARS-CoV 为非自然起源,是人为所致;由此可见, SARS-CoV 出现之本身,在人类微生物学、传染病学和流行病学,甚至生物学发展史上具里程碑意义:这是地球上第一个非自然起源(经基因改造和动物群体性适应试验制成的人工)生物新品种! 我们首次探索到这类生物新品种产生并进入自然界和人类后所经历的进化和逆向进化之历程! 其后果可能将远远超出一种新发传染病所带来的影响,而对生物学、医学、生态学等自然科学和社会科学甚至国际其他领域产生巨大冲击!”

——本书第七章 非典病毒的逆向进化及其非自然起源

8.



2003 年 5 月中旬,时任卫生部疾控司齐小秋司长(中)和徐德忠教授在进行防控非典专题第二次《焦点访谈》的准备场景

9.



受全军非典型肺炎防治工作领导小组委派,徐德忠教授(中)率疫情分析专家组赴卫生部协助防控,完成任务后在新闻中心合影(2003年6月)

本书提出的新术语

注:本书提出的新术语,指目前国内外尚未见的流行病学和基因武器术语;是由我们首次提出,用汉语表述。因此,括弧内的英文注,仅供国外学者参考。

1. 中东 SARS(the Middle East severe acute respiratory syndrome, ME-SARS):由中东呼吸综合征冠状病毒(the Middle East respiratory syndrome coronavirus, MERS-CoV)引起、中东为自然疫源地、动物为主要传染源、目前在家庭或医院具有有限的人-人传播、其病毒和 SARS-CoV 同为一属且临床表现非常类似的新发传染病。
2. 自然进化型人类新发传染病(emerging human infectious diseases by natural evolution pathogen, EHID-bNEP):由动物病原体,在自然界中经非常漫长持续的适应性进化,不断跨越一系列种间屏障,正在或部分或基本甚至完全适应于人群所致流行的新传染病。
3. 人制人病原体动物群体性适应试验(adaptive trial among animal groups for artificial human pathogen, ATagAHP):将动物病原体(目前主要为病毒)以各种方式和途径,攻击与人类细胞受体十分相似的或与人类近亲的动物,并做多种多样的许多次传代,最终使之适应在该种动物群体内传播,再通过类似方式部分适应于人群。
4. 基因武器型人类新发传染病(emerging human infectious diseases by genetic weapon, EHID-bGW):非自然起源,以基因改造技术和动物群体传代适应试验等方法,将动物病原体,制成人类新品种病原体战剂所致新传染病。目前至少又可分为两种(亚)类型,即“过客型(passenger type)”和“生态型(ecology type)”。
5. 过客病毒(passenger virus),即由非自然进化技术,将动物病毒改造成致人发病、并因完全不适应于人类且无贮存宿主,经一次(间断)流行后即在于自然界和人群中消失之病毒。
6. 过客型基因武器型人类新发传染病[emerging human infectious diseases by genetic weapon(passenger type), EHID-bGWpt]:将动物病毒以基因技术改造和动物群体传代适应等试验后,研制成自然界无贮存宿主的人类新品种病原体战剂所致新传染病。

7. 生态型基因武器型人类新发传染病[emerging human infectious diseases by genetic weapon(ecology type), EHID-bGWet]:指针对靶目标区域某种动物作为或改造成贮存宿主,将动物病毒以相应的基因技术改造和动物群体传代适应等试验后,研制成自然界具贮存宿主的人类新品种病原体战剂所致新传染病。
8. 传统基因武器(traditional genetic weapon),指自然界病原体及其产物、其他生物和人类自然存在的基因,经生物技术等实验手段改造后并武器化。
9. 当代基因武器(contemporary genetic weapon),指应用不断发展的生物技术等实验手段结合动物群体性适应试验,对自然界病原体及其产物和动植物乃至人类之基因进行改造,人工产生危害人类和生物界或其某群(个)体之新的物种或致病基因并武器化。
10. 人制人新种病毒过客型基因武器[genetic weapon with artificial new species of human virus(passenger type)或 genetic weapon with man-made new species of human virus(passenger type)],指经基因改造结合一系列动物群体性适应试验等方式,将某些低级野生动物病毒制成对人类致病、致命之人工新品种病毒并武器化。可简称,人制人新种病毒基因武器。
11. 人制人新种病毒生态型基因武器[genetic weapon with artificial new species of human virus(ecology type)或 genetic weapon with man-made new species of human virus(ecology type)],指研制成对靶人群,作为载体的、已经一系列动物群体性适应试验后适应其生态环境和人群、且能作为人制新品种病原体(战剂)之贮存宿主的某种动物并武器化。可简称,生态型基因武器。
12. 生态型战剂贮存宿主动物(animal reservoir with ecological genetic agent),指研制生态型基因武器时,选择适合靶人群生态环境、能长期生存繁殖且和人类密切或较多接触、并能或人工改造为人制人新种病毒(病原体,战剂)贮存宿主的某种动物。可简称,战剂贮存宿主。在传染病流行病学理论上,又可称“人育贮存宿主”。
13. 有限空气传播的人制人新种病毒候选株(artificial new species of human virus candidate with limited air-borne transmission),指将能适应或易经人工改造适应“战剂贮存宿主”、具有毒力高和传播力强、传播媒介多、进化期短、便于基因改造的特定病毒(病原体),进行基因改造和系列动物群体性适应试验,使其产生具在如雪貂群体(相当于人群)内进行有限空气飞沫传播和流行之人制人新种病毒株。可简称,有限空气传播新种病毒株。
14. 人制人新种病毒生态型基因战剂(ecological genetic agent of artificial new species of human virus),指将有限空气传播新种病毒株在雪貂之类群体和战剂贮存宿主群体之间,进行传代-适应-世代循环试验,直至其完全适应于战剂贮存宿主,即能在后

者群体内生长、繁殖、传播、流行,世代往复;然后将其武器化。可简称,生态型基因武器战剂。

15. 致病基因武器 (genetic weapon with the pathogenic gene), 指针对人类某特定个体或群体的某种基因或免疫状态, 经基因改造与研制技术结合包括一系列动物群体性适应试验等方式, 制成使上述特定对象致病或致命之人工致病基因并武器化。
16. 判定当代基因武器的“金标准” (the gold standard to recognize contemporary gene weapons): 突然出现之新疾病的发生和/或流行过程及其病原体或致病基因之进化历程均不符合其各自相应的自然史!

目 录

第一章 传染病流行过程和基因武器型新发传染病出现的原因	(1)
第一节 三环节	(2)
一、传染源	(2)
二、传播途径	(11)
三、易感人群	(21)
第二节 流行过程的影响因素	(24)
一、两个因素的内容	(24)
二、两个因素的作用方式	(29)
第三节 流行过程特征和流行过程的内在联系	(31)
一、流行过程特征	(31)
二、流行过程的内在联系	(36)
第四节 非典等人类新发传染病之分类和出现的原因	(37)
一、人类新发传染病分类	(38)
二、人类新发传染病出现的原因	(46)
第二章 生物武器概论	(50)
第一节 生物战剂与生物武器	(50)
一、生物战剂的特点	(50)
二、生物战剂的投放方式	(51)
三、生物武器伤害的特点	(52)
四、生物武器效能的影响因素	(54)
五、生物武器的优缺点	(55)
第二节 生物武器与生物战的历史	(55)
一、原始的生物战	(55)
二、现代生物武器的发展和研制	(56)

第三节 生物武器军控与生物武器威胁	(59)
第三章 生物分子进化和系统发育	(64)
第一节 生物进化概述	(64)
一、生物进化观的历史发展	(64)
二、生物进化规律	(65)
三、生物进化方式	(65)
四、生物进化的要素	(68)
第二节 生物分子水平的进化	(70)
一、DNA 的进化	(71)
二、蛋白质的进化变异	(75)
第三节 系统发育树	(75)
一、序列比对的相关概念	(76)
二、系统发育树的种类	(77)
三、研究步骤	(78)
四、分子进化树的构建方法	(81)
五、构树过程中存在的主要问题	(82)
六、分子系统发育树的应用——以分析 SARS 的进化为例	(83)
第四章 当代基因(人制人新种病原体 and 致病基因)武器及其施放 ...	(84)
第一节 当代基因武器的主要特点	(84)
第二节 当代基因武器的发展过程——破解其攻击之难度几近极限	(85)
第三节 当代基因武器的研制手段	(88)
一、二元生物武器	(89)
二、设计特定基因	(90)
三、基因治疗作为武器	(91)
四、隐形病毒或特殊 DNA 片段	(92)
五、跨宿主疾病	(93)
六、精心设计的疾病	(98)
第四节 当代基因武器的定义、分类和攻击特点	(99)
一、当代基因武器的定义	(99)

二、基因武器的总体分类	(100)
三、当代基因武器的分类和可能的投放方式与攻击后果	(103)
第五节 当代基因武器的防控策略	(124)
一、破解当代基因武器的障碍及其应对策略	(124)
二、破解当代基因武器的学术思路	(126)
 第五章 现在自然界和人群中已无 SARS 冠状病毒及其原因	(133)
第一节 冠状病毒和 SARS 冠状病毒概述	(133)
一、冠状病毒分类和 SARS 冠状病毒	(133)
二、SARS-CoV 的动物宿主和贮存宿主之探讨	(135)
第二节 蝙蝠携带的几种病原体感染之区别与联系	(137)
一、蝙蝠携带的多种病原体及其所致疾病主要流行特点	(137)
二、SARS 和其他疾病尤其 MERS 之间在流行病学与临床特征、进化及其起源上的 主要差别及其原因	(140)
第三节 SARS-CoV 在自然界和人群中消失之原因	(146)
一、传染病消失的基本环节	(146)
二、天花消灭的简要过程和主要原因	(147)
三、SARS 消失的过程与原因及其和天花消灭、一些传染病流行过程之主要区别	(148)
 第六章 非典病毒非自然起源的流行特性和临床特性之证据	(151)
第一节 非典流行类型和规律之变化与反常	(152)
一、非典流行概况	(152)
二、非典主要流行特征	(152)
三、非典的流行类型	(155)
四、广东省流行的地区分布十分异常	(156)
五、我国非典实验室感染流行分布之奇特表现	(157)
第二节 非典病例的临床类型之变化和反常	(158)
一、非典的主要临床表现	(158)
二、非典的临床分型	(158)
三、非典 2003 年年底至 2004 年初广州爆发临床类型之反常	(159)
四、我国非典实验室感染临床类型的“正常”和反常	(160)