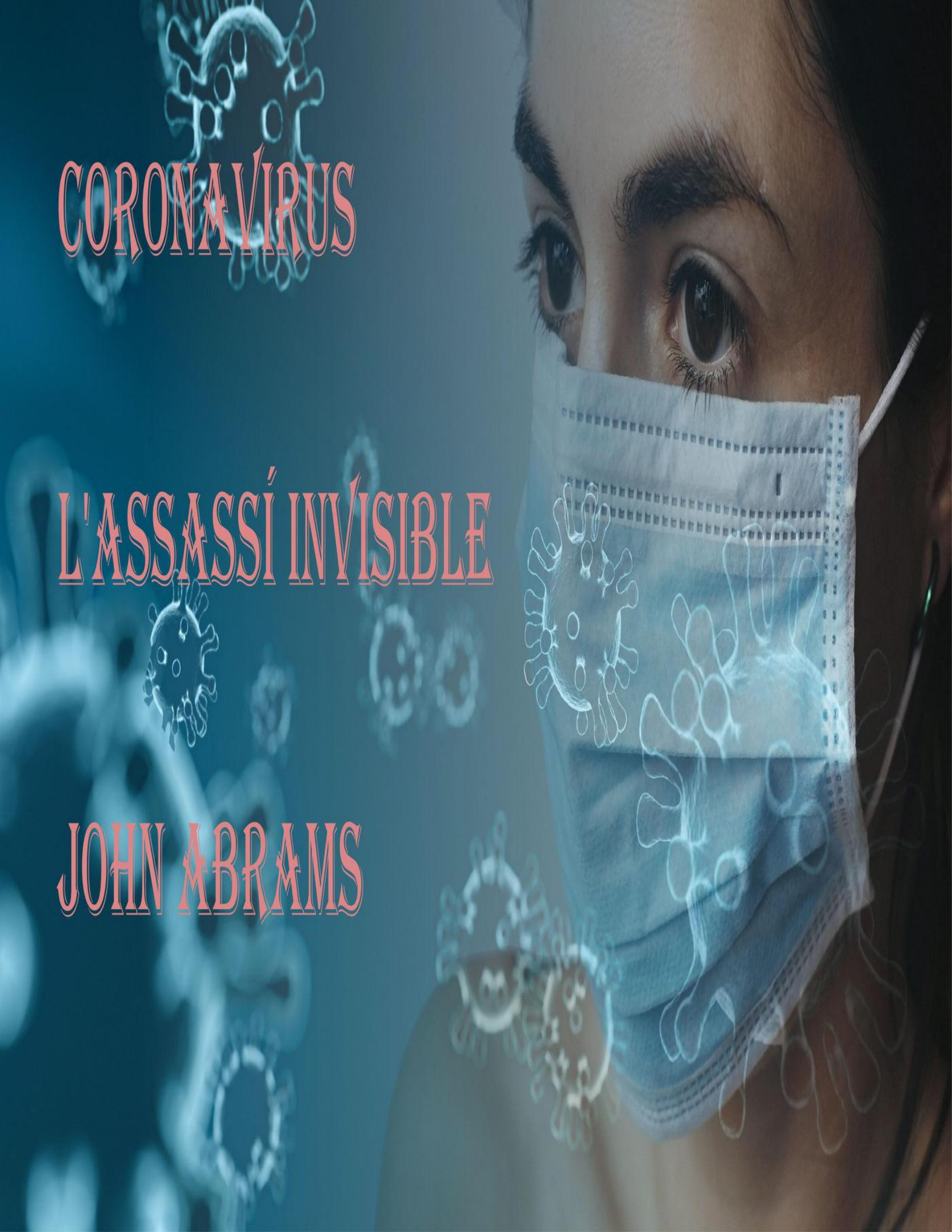


A close-up photograph of a woman's face, partially obscured by a white surgical mask. Her eyes are looking directly at the camera with a serious expression. The background is a deep blue, and several translucent, glowing blue coronavirus particles are scattered throughout the image, some appearing to float in the air and others overlaid on the mask and her face. The text is in a stylized, red, serif font with a thin black outline.

CORONAVIRUS

L'ASSASSÍ INVISIBLE

JOHN ABRAMS

Índex

[Coronavirus \(L'assassí invisible\)](#)

[Mètodes d'assaig](#)

[Enfocaments per a la prova](#)

[Producció i volum](#)

[Precisió](#)

[Eficàcia](#)

[Proves de confirmatori](#)

[Estadístiques de proves per país](#)

[Planificació i avaluació de riscos](#)

[Controls de risc](#)

[Pronòstic](#)

[Estafes](#)

[Diversos](#)

[Procés](#)

[Signes i símptomes](#)

[Causa](#)

[Diagnòstic](#)

Passos per ajudar a prevenir la propagació de COVID-19 si està malalt

Contingut

CONTINGUTS1

Part One5

SARS7

History9

Virologia10

Segona part11

Virologia13

Epidemiologia19

Part tres20

Signs i symptoms23

Cause25

Transmissió25

Virologia26

Fisiopatologia27

Immunopatologia27

Diagnòstic28

Detecció de virus mitjançant proves de PCR33

Detecció de virus utilitzant proves no PCR35

TAC de pit i radiografies35

[Detecció d'anticossos36](#)

[Itàlia39](#)

[Singapur39](#)

[Altres39](#)

[Patologia46](#)

Prevenió47

[Controls de risc de lloc de treball per a COVID-1949](#)

[Tots els llocs treball51](#)

[Llocs de treball de risc mitjà51](#)

[Centres de treball d'atenció sanitària i mortuària d'alt risc53](#)

Gestió55

[Medicaments56](#)

[Equips de protecció personal56](#)

[Ventilació mecànica56](#)

[Síndrome de dificultat respiratòria aguda57](#)

[Tractament experimental58](#)

[Tecnologia de la informació58](#)

[Suport psicològic58](#)

Part F_{el} nostre63

Prevenió i gestió de les condicions de salut mental65

[Reinfecció68](#)

Història69

Epidemiologia69

Societat i cultura72

[EUA arma biològica75](#)

[Anti-musulmà77](#)

[Antisemita77](#)

[Espia operació78](#)

[Esquema de control poblacional78](#)

Estadístiques79

Medical81

Government86

[Sopa de ratpenats92](#)

[Predicciósimpsons92](#)

[Corona cervesa misassociation92](#)

[Condicions hospitalàries92](#)

[Retorn de la fauna92](#)

[Els lleons alliberats als carrers93](#)

Recerca94

[Disseny de fàrmacs i assajos de laboratori98](#)

Candidats terapèutics101

[Estudis clínics fallits104](#)

Estratègies105

Iniciatives per a assajos clínics106

Part Five108

[Vacuna109](#)

Anterior vacuna coronavirus esforços110

Tractaments post-infecció113

COVID-19 droga repurplantegen recerca115

Chloroquine115

Tempesta anti-citocina119

La teràpia passiva anticòs120

Part Six121

Epidemiologia123

Casos131

Morts132

Diagrames133

Duració137

Transmissió138

Virologia139

Proves virals139

Imaging140

Gestió145

Respostes internacionals156

Impacte161

Treballant junts169

Pàgina de copyright

Mentre que cada precaució s'ha pres en la preparació d'aquest llibre, l'editor no assumeix cap responsabilitat per errors o omissions, o per danys derivats de l'ús de la informació continguda en aquest document.

CORONAVIRUS (L'ASSASSÍ INVISIBLE)

Primera edició. 15 d'abril de 2020.

Drets d'autor © 2020 Libera publicació.

Escrit per John Abrams.

Coronavirus

L'assassí invisible

John Abrams

Amb tanta incertesa i preocupació al voltant de la recent novel coronavirus, és fàcil sentir-se impotent, però hi ha alguna cosa que tots podem fer per ajudar a la lluita contra ella. A més de mantenir fora de perill i seguint les pautes dels experts mèdics, tots podem fer la nostra part per obtenir ajuda a les persones i regions que s'han vist afectats.

Per la recaptació de fons per als esforços d'alleujament de coronavirus, o donació d'una coronavirus d'alleugeriment, tots podem fer la nostra part i proporcionar el suport i ajuda molt necessària. Amb el creixent nombre d'àrees en quarantena, les persones en aquestes àrees necessiten ajuda mèdica vital i els articles del dia a dia per tirar a través d'aquesta nova amenaça.

Tirar endavant i ajudar ara és clau per assegurar-se que tothom està preparat per a nous desenvolupaments. Jot's important fer alguna cosa now. Només \$1 o menys ens poden ajudar a continuar la nostra feina.

Ajuda'ns a través de PayPal aquí:

<https://bit.ly/paypal-covid-19>

Feu una donació a PayPal amb l'escaneig de codi QR a continuació



Primera part

*Síndrome respiratori agut sever
coronavirus*

LA SÍNDROME RESPIRATÒRIA aguda severa

coronavirus (SARS-COV o SARS-COV-1) és una soca de virus que provoca una Síndrome respiratòria aguda greu (SARS). És un virus d'ARN envolt, positiu, monocatenat , que infecta les cèl·lules epitelials dels pulmons. El virus entra a la cèl·lula hoste vinculant-lo al receptor ACE2. Infecta els humans, els ratpenats i les civetes de palmera. [6]

El 16 d'abril de 2003, després de l'esclat del SARS a Àsia i en casos secundaris en altres parts del món, l'organització mundial de la salut (OMS) va emetre un comunicat de premsa indicant que el coronavirus identificat per un nombre de laboratoris va ser la causa oficial del SARS. Els centres per al control i prevenció de malalties (CDC) en els Estats Units i el Laboratori Nacional de Microbiologia (nml) al Canadà van identificar el genoma del SARS-COV a l'abril de 2003. científics de la Universitat Erasmus de Rotterdam, Països Baixos van demostrar que el SARS coronavirus va complir amb els postulats de Koch , confirmant-lo com a agent causal En els experiments, els macacos infectats amb el virus van desenvolupar els mateixos símptomes que les víctimes dels SARS.

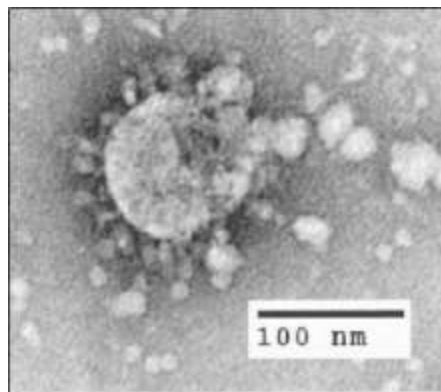
Una pandèmia a causa de la novel·la malaltia de coronavirus en 2019 va mostrar moltes similituds amb l'esclat del SARS, i l'agent viral va ser identificat com una altra soca del coronavirus relacionats amb el SARS, el SARS-COV-2.

Sars

S

ARS, O SÍNDROME RESPIRATÒRIA aguda greu, és la malaltia causada pel SARS-COV. Provoca una malaltia sovint severa i està marcada inicialment per símptomes sistèmics de dolor muscular, mal de cap i febre, seguits en 2 - 14 dies per l'aparició de símptomes respiratoris, principalment tos, dispnea i pneumònia. Una altra troballa comú en els pacients del SARS és una disminució en el nombre de limfòcits que circulen a la sang.

En el SARS brot de 2003, al voltant del 9% dels pacients amb infecció del SARS-COV confirmat van morir. La taxa de mortalitat va ser molt més gran per als majors de 60 anys, amb taxes de mortalitat que s'acostaven al 50% per a aquest subconjunt de pacients.



imatge de microscopi electrònic del SARS virió

Classificació dels virus

(sense
classificar):

Virus

Regne:

Riboviria

Fílum:

incertae sedis

Ordre:

Nidovirales

Família:

Coronaviridae

Gènere:

Betacoronavirus

Espècies:

*La Síndrome respiratòria aguda
greu relacionada amb el
coronavirus*

Tensió:

**Síndrome respiratori agut
sever coronavirus**

Sinònims

- SARS coronavirus
- Coronavirus relacionats amb el SARS
- Síndrome respiratori agut sever coronavirus

HISTÒRIA

O

N. 12 D'ABRIL DE 2003, els científics que treballaven al centre de Ciències del genoma de Michael Smith a Vancouver acabaren cartografiant la seqüència genètica d'un CORONAVIRUS que es creia vinculat al SARS. L'equip va ser liderat per Marco Marra i va treballar en col·laboració amb el British Columbia Centre for Disease Control i el Laboratori Nacional de Microbiologia a Winnipeg, Manitoba, utilitzant mostres de pacients infectats a Toronto. El mapa, aclamat per l'OMS com un important pas endavant en la lluita del SARS, és compartit amb científics de tot el món a través del lloc web de GSC (vegeu més avall). Donald Low de l' Hospital Mount Sinai a Toronto va descriure el descobriment com si s'hagués fet amb "velocitat sense precedents speed". La seqüència del SARS coronavirus ha estat confirmada per altres grups independents.

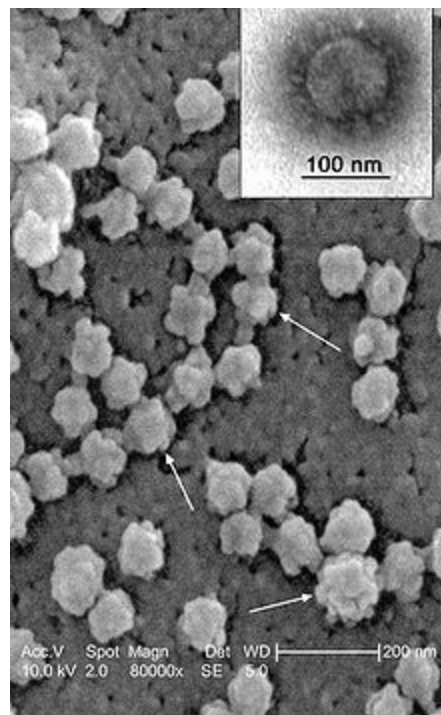
A finals de maig de 2003, els estudis de mostres d'animals salvatges venuts com a aliment en el mercat local de Guangdong, Xina, van trobar una soca de SARS coronavirus podrien aïllar-se de les civetes de palmera emmascarades (*Paguma* SP.), però els animals no sempre van mostrar signes clínics. La conclusió preliminar va ser el virus SARS va creuar la barrera xenogràfica de la civeta de palmera als humans, i més de 10.000 civetes de palmera

emmaskarades van morir a la província de Guangdong. El virus va ser també més tard trobat en els gossos ós rentador (*nyctereuteus* SP.), de Ferret toixons (*Melogale* spp.), i els gats domèstics. En 2005, dos estudis van identificar una sèrie de coronavirus com el del SARS en els ratpenatsxinesos. L'anàlisi filogenètic d'aquests virus va indicar una alta probabilitat que el SARS coronavirus es va originar en ratpenats i es va estendre als humans, ja sigui directament o a través d'animals celebrats als mercats xinesos. Els ratpenats no van mostrar cap signe de malaltia visible, sinó que són els possibles embassaments naturals dels coronavirus com el SARS. A finals de 2006, científics del centre xinès per al control i prevenció de malalties de la Universitat de Hong Kong i el centre per al control de malalties de Guangzhou i la prevenció van establir un vincle genètic entre els SARS coronavirus que apareixen en les civetes i els humans, confirmant les afirmacions que el virus havia saltat a través d'espècies.

Virologia

S

ARS-CORONAVIRUS SEGUEIX l'estratègia de replicació típica de la subfamília dels coronavirus . El receptor humà primari del virus és l'enzim de conversió d' angiotensina 2 (ACE2), identificat per primera vegada en 2003.



MICROGRAFIA ELECTRÒNICA de rastreig del SARS virions

Segona part

*Síndrome respiratori agut sever
coronavirus 2*

Síndrome respiratori agut sever coronavirus 2 (SARS-COV-2), col·loquialment conegut com el **coronavirus** i anteriorment conegut pel nom provisional **2019 la novel·la coronavirus (2019-ncov)**, és un virus d'ARN monocatenós de sentit positiu. Causa la malaltia de coronavirus 2019 (covid-19), una malaltia respiratòria. SARS-CoV-2 és contagiós en humans, i l'organització mundial de la salut (OMS) ha designat la contínua pandèmia del covid-19 una emergència de salut pública de preocupació internacional. La varietat va ser descoberta per primera vegada a Wuhan, Xina, de manera que de vegades es coneix com el "virus de Wuhan" o "la coronavirus Wuhan". Perquè l'OMS desaconsella l'ús de noms basats en locationsand per evitar confusions amb la malaltia SARS, de vegades es refereix al SARS-COV-2 com "el virus covid-19" en comunicacions de salut pública. El públic en general crida freqüentment tant al SARS-CoV-2 com a la malaltia que provoca "coronavirus", però els científics solen utilitzar una terminologia més precisa.

Virologia

H

Infecció

UMAN-A- la transmissió humana de SARS-COV-2 ha estat confirmat durant la 2019 - 20 coronavirus pandèmia. La transmissió es produeix principalment a través de gotetes respiratòries de la tos i esternuda en un rang d'uns 1,8 metres (6 peus). Contacte indirecte a través de superfícies contaminades és una altra possible causa de la infecció. La investigació preliminar indica que el virus pot romandre viable en plàstic i acer durant un màxim de tres dies, però no sobreviu en cartró durant més d'un dia o en coure durant més de quatre hores; el virus està inactivat per sabó, el que desestabilitza la seva bicapa lipídica. [32] | 'ARN viral també s'ha trobat en mostres de femta de persones infectades.

El grau en què el virus és infecciós durant el període d'incubació és incert, però la investigació ha assenyalat que la faringe arriba a la càrrega viral màxima aproximadament quatre dies després de la infecció. L'1 de febrer de 2020, l'organització mundial de la salut (OMS) va indicar que "la transmissió de casos asimptomàtics no és probable que sigui un gran impulsor de la transmissió". No obstant això, un model epidemiològic de l'inici de l'esclat a

la Xina va suggerir que "l'ivessament pre-simptomàtic pot ser típic entre les infeccions documentades" i que les infeccions subclíniques poden haver estat la font d'una majoria d'infeccions.

Taxonòmicament, el SARS-COV-2 és una varietat de *coronavirus de la Síndrome respiratòria aguda greu* (sarsr-COV). Es creu que té un origen zoonòtic i té una similitud genètica estreta amb els coronavirus de ratpenats, suggerint que va sorgir d'un virus suportat per ratpenats. També es creu que un reservori animal intermedi com un pangolí està involucrat en la seva introducció als humans. El virus mostra poca diversitat genètica, indicant que l'esdeveniment spillover que introdueix SARS-COV-2 als humans és probable que s'hagi produït a finals de 2019.

Estudis epidemiològics estimen que cada infecció es tradueix en 1,4 a 3,9 nous casos quan cap membre de la comunitat és immune i no s'han pres mesures preventives. El virus es propaga principalment entre la gent a través de contacte estret i mitjançant gotetes respiratòries produïdes a partir de la tos o esternuda. Principalment entra en les cèl·lules humanes mitjançant la Unió a l'enzim de conversió angiotensina receptor 2 (ACE2).

Embassament

LES PRIMERES INFECCIONS conegudes de la varietat SARS-COV-2 van ser descobertes a Wuhan, Xina. la font original de transmissió viral als humans no està clara, igual que la soca es va convertir en patogènica abans o després de l'esdeveniment spillover. Com que molts dels primers individus trobats per ser infectats pel virus van ser els treballadors en el mercat de marisc de huanan, s'ha suggerit que la soca podria haver originat en el mercat. No obstant això, altres investigacions indiquen que els visitants poden haver introduït el virus al mercat, que després va facilitar l'expansió ràpida de les infeccions.

La investigació sobre l'embassament natural de la soca de virus que va causar el brot del SARS de l'any 2002 - 2004 s'ha traduït en la descoberta de molts coronavirus de ratpenats com el del SARS, la majoria del gènere *Rhinolophus* dels ratpenats de ferradura, i dues seqüències d'àcid víric que es troben en mostres preses de *Rhinolophus sinicus* mostren una semblança del 80% al SARS-COV-2. una tercera seqüència d'àcids nucleics virals de *Rhinolophus affinis*, recollides a la província de Yunnan i designada RaTG13, té un 96% de semblança amb el SARS-COV-2. els ratpenats són considerats com l'embassament natural més probable del SARS-COV-2, però les diferències entre el coronavirus del Ratpenat i el SARS-COV-2 suggereixen que els humans van ser infectats a través d'un hoste intermedi.

Un estudi metagenòmic publicat en 2019 va revelar prèviament que el SARS-COV, la soca del virus que provoca el SARS, va ser el coronavirus més àmpliament distribuït entre una mostra de pangolins de la sonda. [50] el 7 de febrer de 2020, es va anunciar que els investigadors de Guangzhou havien descobert una Mostra de pangolí amb una seqüència d'àcids nucleics virals "99% idèntiques" a SARS-COV-2. [51] quan es va alliberar, els resultats van aclarir que "el domini d'Unió de receptors de la proteïna S del recentment descobert pangolin-COV és pràcticament idèntic al de 2019-ncov, amb una diferència d' aminoàcid ." [52] els pangolins estan protegits per la Llei xinesa, però la seva caça furtiva i el seu ús en la medicina tradicional xinesa segueix sent comuna. [53] [54]

Els microbiòlegs i genetistes de Texas han trobat de forma independent evidència de reassortiment en els coronavirus que suggereixen la implicació dels PANGOLINS en l'origen del SARS-COV-2. [55] no obstant això, els coronavirus de pangolí només es van trobar amb la data en la majoria del 92% dels seus genomes SENCERS amb el SARS-COV-2, fent-los menys similars que RaTG13 al SARS-COV-2. [56] això no és suficient per demostrar que pangolins sigui l'amfitrió intermedi; en comparació, el virus del SARS encarregat del brot de l'any 2002 - 2004 compartia el 99,8% del seu genoma amb un conegut coronavirus de la Civeta .



ELS RATPENATS DE FERRADURA es troben entre els embassaments naturals més probables del SARS-COV-2 .

Filogenia i taxonomia

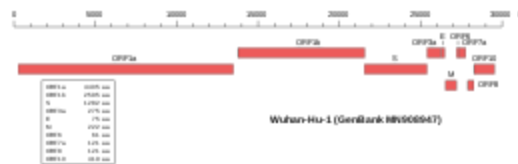
SARS-CoV-2 pertany a l'àmplia família de virus coneguts com coronavirus. És un virus d' ARN monocatenat (+ssrna) de sentit positiu. Altres coronavirus són capaços de causar malalties que van des del refredat comú a malalties més severes com la Síndrome respiratòria de l'Orient Mitjà (MERS). És el setè conegut coronavirus per infectar a la gent, després de 229e, NL63, OC43, HKU1, MERS-COV, i l'original SARS-COV. [57]

Com la soca de coronavirus relacionada amb el Sars, implicada en el brot del SARS 2003, SARS-COV-2 és membre del subgènere *sarbecovirus* (beta-COV llinatge B). [58] [59] la seva seqüència d' arn és d'aproximadament 30.000 bases de longitud. El SARS-CoV-2 és únic entre els betacoronavirus coneguts en la seva incorporació d'un jaciment de cleavatge polybasic, una característica coneguda per incrementar la patogenicitat i la transmissibilitat en altres virus. [60] [61]

Amb un nombre suficient de genomes seqüenciats, és possible reconstruir un arbre filogenètic de la història de la mutació d'una família de virus. El 12 de gener de 2020, cinc genomes del SARS-CoV-2 havien estat aïllats de Wuhan i reportats pel centre xinès per al control i la prevenció de malalties (ccdc) i altres institucions; [62] el nombre de genomes va augmentar a 42 el 30 de gener de 2020. [63] una anàlisi filogenètic d'aquestes mostres va mostrar que estaven "altament relacionats amb la majoria de set

mutacions relatives a un avantpassat comú", el que implica que la primera infecció humana es va produir al novembre o desembre de 2019. [63] a partir del 27 de març de 2020, 1.495 SARS-COV-2 genomes mostrejats en sis continents van ser públicament disponibles. [64]

L' 11 de febrer de 2020, el Comitè Internacional de taxonomia de virus (ICTV) va anunciar que d'acord amb les regles existents que calculaven les relacions jeràrquiques entre els coronavirus sobre la base de cinc seqüències d' àcids nucleics, les diferències entre el que llavors s'anomenava 2019-NCOV i la soca del virus del brot del SARS 2003 eren viral species Per tant, van identificar 2019-nCoV com una varietat de *coronavirus de la Síndrome respiratòria aguda greu*. [2]



Organització genòmica d'aïllar Wuhan-Hu-1, la primera Mostra seqüenciada de SARS-CoV-2

Identificador del genoma
NCBI

[MN908947](#)

Mida del genoma

29.903
bases

Any de finalització

2020

