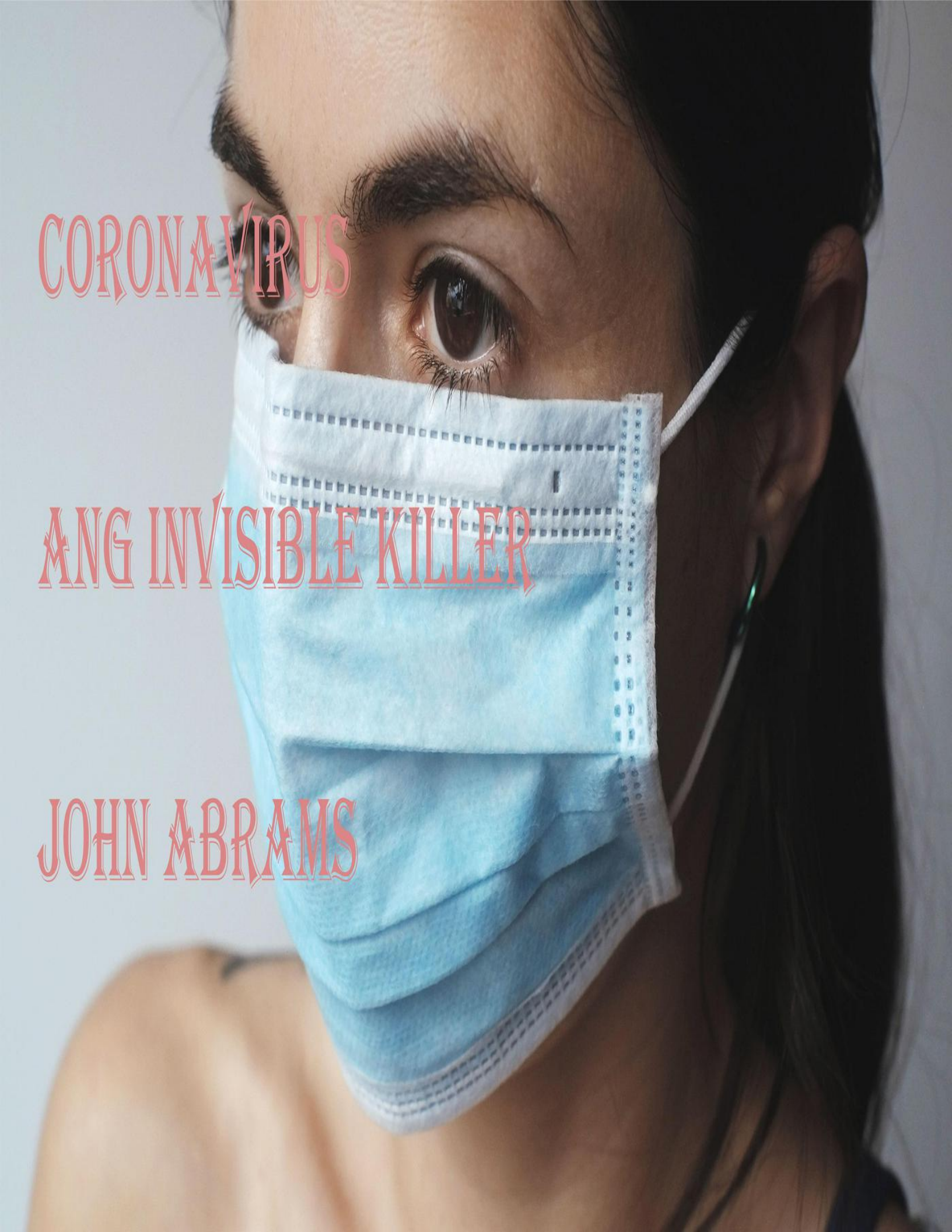




CORONAVIRUS

ANG INVISIBLE KILLER

JOHN ABRAMS

Table des Matières

[Le coronavirus le tueur invisible](#)

[Méthodes d'essai](#)

[Approches de test](#)

[Production et volume](#)

[Précision](#)

[Efficacité](#)

[Tests de confirmation](#)

[Tests statistiques par pays](#)

[Planification et évaluation des risques](#)

[Contrôles des dangers](#)

[Pronostic](#)

[Escroqueries](#)

[Divers](#)

[Processus](#)

[Signes et symptômes](#)

[Parce que](#)

[Diagnostic](#)

Mesures pour aider à prévenir la propagation du COVID-19 si vous êtes malade

Contenu

CONTENU1

Partie One5

SARS7

History9

Virologie10

Deuxième partie11

Virologie13

Épidémiologie19

Troisième partie20

Signs et Symptoms23

Cause25

Transmission25

Virologie26

Pathophysiologie27

Immunopathologie27

Diagnostic28

Détection du virus à l'aide des tests PCR33

Détection du virus à l'aide de tests non-PCR35

Tomodensitométrie thoracique et radiographies35

[Détection des anticorps36](#)

[Italie39](#)

[Singapour39](#)

[Autres39](#)

[Pathologie46](#)

Prévention47

[Contrôles des dangers en milieu de travail pour COVID-1949](#)

[Tous les lieux de travail51](#)

[Lieux de travail à risque moyen51](#)

[Soins de santé et lieux de travail mortuaires à risqueélevé 53](#)

Gestion55

[Médicaments56](#)

[Matériel de protection individuelle56](#)

[Ventilation mécanique56](#)

[Syndrome de détresse respiratoire aigu57](#)

[Traitement expérimental58](#)

[Technologie de l'information58](#)

[Soutien psychologique58](#)

Partie Fnotre63

Prévention et gestion des problèmes de santé mentale65

[Réfection68](#)

Histoire69

Épidémiologie69

Société et culture72

[Arme biologique américaine75](#)

[Anti-musulman77](#)

[Antisémitisme77](#)

[Opération espion78](#)

[Plan de contrôle de la population78](#)

Statistiques79

Médical81

Gouvernement86

[Soupe de chauve-souris92](#)

[*Simpsons* prédiction92](#)

[Erreur de bière Corona92](#)

[Conditions hospitalières92](#)

[Retour de la faune92](#)

[Lions libérés dans les rues93](#)

Recherche94

[Conception de médicaments et tests de laboratoire98](#)

Candidats thérapeutiques101

[Études cliniques ratées104](#)

Stratégies105

Initiatives pour les essais cliniques106

Partie Five108

[Vaccin109](#)

Efforts antérieurs du vaccin contre le coronavirus110

[Traitements post-infection113](#)

[COVID-19 médicaments réutilisant la recherche115](#)

[Chloroquine115](#)

[Tempête anti-cytokine119](#)

[Thérapie passive d'anticorps120](#)

[Partie6 121](#)

Épidémiologie123

[Cas131](#)

[Décès132](#)

[Diagrammes133](#)

[Durée137](#)

[Transmission138](#)

[Virologie139](#)

[Test viral139](#)

[Imagerie140](#)

Gestion145

[**Réponses internationales156**](#)

[**Impact161**](#)

[Travailler ensemble169](#)

Page du droit d'auteur

Bien que toutes les précautions ont été prises dans la préparation de ce livre, l'éditeur n'assume aucune responsabilité pour les erreurs ou les omissions, ou pour les dommages résultant de l'utilisation des informations contenues dans les présentes.

CORONAVIRUS (LE TUEUR INVISIBLE)

Première édition. Le 15 avril 2020.

Copyright © 2020 Libera Publishing.

Écrit par John Abrams.

Coronavirus

Le tueur invisible

John Abrams

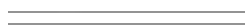
Avec tant d'incertitude et d'inquiétude entourant le récent nouveau coronavirus, il est facile de se sentir impuissant, mais il ya quelque chose que nous pouvons tous faire pour aider la lutte contre elle. En plus de garder la sécurité et de suivre les directives des experts médicaux, nous pouvons tous faire notre part pour obtenir de l'aide aux personnes et aux régions qui ont été touchées.

En collectant des fonds pour les efforts de secours du coronavirus, ou en faisant un don à un fonds de secours au coronavirus, nous pouvons tous faire notre part et fournir un soutien et une aide indispensables. Avec le nombre croissant de zones en quarantaine, les personnes dans ces régions ont besoin d'une aide médicale vitale et d'articles quotidiens pour faire face à cette nouvelle menace.

Aller de l'avant et aider maintenant est essentiel pour s'assurer que tout le monde est prêt à de nouveaux développements. Je n'ai pas d'importance de faire quelque chose de non. Seulement 1 \$ ou moins peut nous aider à poursuivre notre travail.

Soutenez-nous via PayPal ici:

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



Faire un don à PayPal avec la numérisation
du code QR ci-dessous



Première partie

*Coronavirus grave de syndrome
respiratoire aigu*

LE CORONAVIRUS GRAVE du syndrome respiratoire aigu (SRAS-CoV ou SRAS-CoV-1) est une souche de virus qui cause le syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS). Il s'agit d'un virus enveloppé, positive-sens, à ARN unique échoué qui infecte les cellules épithéliales dans les poumons. Le virus pénètre dans la cellule hôte en se liant au récepteur ACE2. Il infecte les humains, les chauves-souris, et les civettes de palmier. [6]

Le 16 avril 2003, à la suite de l'éclosion du SRAS en Asie et de cas secondaires ailleurs dans le monde, l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a publié un communiqué de presse indiquant que le coronavirus identifié par un certain nombre de laboratoires était la cause officielle du SRAS. Les Centers for Disease Control and Prevention (CDC) des États-Unis et du National Microbiology Laboratory (NML) au Canada ont identifié le génome du SRAS-CoV en avril 2003. Les scientifiques de l'Université Erasmus de Rotterdam, aux Pays-Bas, ont démontré que le coronavirus du SRAS remplissait les postulats de Koch, confirmant ainsi qu'il s'identifiait comme agent causal. Dans les expériences, les macaques infectés par le virus ont développé les mêmes symptômes que les victimes humaines du SRAS.

Une pandémie due à la nouvelle maladie du coronavirus en 2019 a montré de nombreuses similitudes avec l'épidémie de SRAS, et l'agent viral a été identifié comme une autre souche du coronavirus lié au SRAS, SRAS-CoV-2.

Sras

S

L'ARS, OU SYNDROME respiratoire aigu sévère, est la maladie causée par le SRAS-CoV. Il provoque une maladie souvent grave et est marqué initialement par des symptômes systémiques de douleurs musculaires, maux de tête, et la fièvre, suivie en 2-14 jours par l'apparition de symptômes respiratoires, principalement la toux, la dyspnée, et la pneumonie. Une autre conclusion commune dans les patients de SRAS est une diminution du nombre de lymphocytes circulant dans le sang.

Lors de l'éclosion du SRAS en 2003, environ 9 % des patients atteints d'une infection confirmée par le SRAS et le COV sont décédés. Le taux de mortalité était beaucoup plus élevé chez les personnes de plus de 60 ans, avec des taux de mortalité approchant 50% pour ce sous-ensemble de patients.

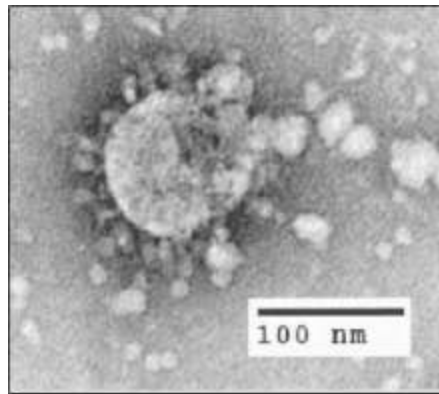


image de microscope électronique de la virion de SRAS

Classification des virus

(non
classé) :

Virus

Royaume:

Riboviria (Riboviria)

Phylum:

sedis incertae

commande:

Nidovirales (Nidovirales)

Famille:

Coronaviridae

Genre:

Betacoronavirus

Espèces:

Coronavirus *grave* *lié* *au*

syndrome respiratoire aigu

Souche: **Coronavirus grave de
syndrome respiratoire aigu**

Synonymes

- Coronavirus SRAS
- Coronavirus lié au SRAS
- Coronavirus grave de syndrome respiratoire aigu

HISTOIRE

O

N 12 AVRIL 2003, DES scientifiques travaillant au Michael Smith Genome Sciences Centre de Vancouver ont terminé la cartographie de la séquence génétique d'un coronavirus qui serait lié au SRAS. L'équipe était dirigée par Marco Marra et a travaillé en collaboration avec le British Columbia Centre for Disease Control et le National Microbiology Laboratory de Winnipeg (Manitoba), à l'aide d'échantillons de patients infectés à Toronto. La carte, saluée par l'OMS comme un pas important en avant dans la lutte contre le SRAS, est partagée avec des scientifiques du monde entier via le site Web de la CGC (voir ci-dessous). Donald Low, de l'hôpital Mount Sinai de Toronto, a décrit la découverte comme ayant été faite avec une « vitesse sans précédent ». La séquence du coronavirus du SRAS a depuis été confirmée par d'autres groupes indépendants.

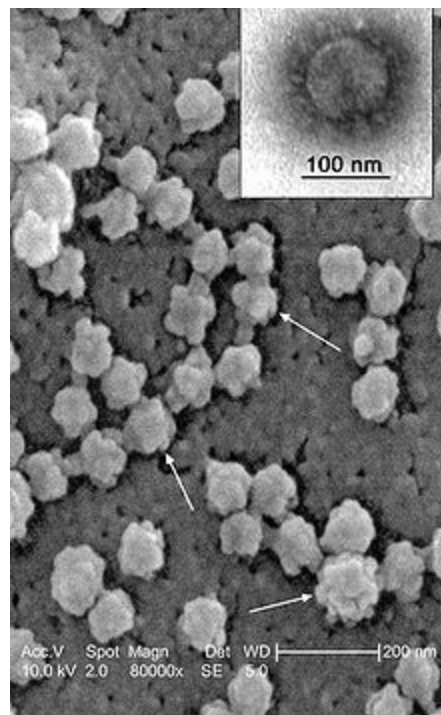
À la fin de mai 2003, des études menées à partir d'échantillons d'animaux sauvages vendus comme aliments sur le marché local du Guangdong, en Chine, ont révélé qu'une souche de coronavirus SRAS pouvait être isolée de civettes de palmier masquées (*Paguma* sp.), mais les animaux n'ont pas toujours montré de signes cliniques. La conclusion préliminaire a été que le virus du SRAS a traversé la barrière xénographique de la civette de palmier à l'homme, et plus de 10 000 civettes de palmier

masquées ont été tuées dans la province du Guangdong. Le virus a également été plus tard trouvé dans les chiens de raton laveur (*Nyctereuteus* sp.), les blaireaux de furet (*Melogale* spp.), et les chats domestiques. En 2005, deux études ont identifié un certain nombre de coronavirus ressemblant au SRAS chez les chauves-sourischinoises. L'analyse phylogénétique de ces virus a indiqué une forte probabilité que le coronavirus du SRAS soit originaire des chauves-souris et se propage directement à l'homme ou par l'intermédiaire d'animaux détenus sur les marchés chinois. Les chauves-souris ne montraient aucun signe visible de maladie, mais sont les réservoirs naturels probables des coronavirus ressemblant au SRAS. À la fin de 2006, des scientifiques du Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies de l'Université de Hong Kong et du Centre de contrôle et de prévention des maladies de Guangzhou ont établi un lien génétique entre le coronavirus du SRAS apparaissant chez les civettes et les humains, confirmant les allégations selon lesquelles le virus avait sauté sur des espèces.

Virologie

S

ARS-CORONAVIRUS SUIT la stratégie de réplication typique de la sous-famille du coronavirus. Le principal récepteur humain du virus est l'enzyme 2 (ACE2) convertie par l'angiotensine, identifiée pour la première fois en 2003.



MICROGRAPHE ÉLECTRONIQUE de balayage des virions de SRAS

Deuxième partie

Coronavirus grave de syndrome respiratoire aigu 2

Le coronavirus 2 (SRAS-CoV-2) du syndrome respiratoire aigu sévère est connu sous le nom de **coronavirus** et connu précédemment sous le nom provisoire **du nouveau coronavirus (2019-nCoV)** de sens positif, est un virus à ARN unique à sens positif. Il provoque la maladie du coronavirus 2019 (COVID-19), une maladie respiratoire. Le SRAS-CoV-2 est contagieux chez l'homme, et l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a désigné la pandémie en cours de COVID-19 une urgence de santé publique de portée internationale. La souche a été découverte pour la première fois à Wuhan, en Chine, de sorte qu'elle est parfois appelée le « virus De Wuhan » ou le « coronavirus de Wuhan ». Parce que l'OMS décourage l'utilisation de noms basés sur des lieux et pour éviter toute confusion avec la maladie SRAS, il se réfère parfois au SRAS-CoV-2 comme « le virus COVID-19 » dans les communications de santé publique. Le grand public appelle fréquemment à la fois le SRAS-CoV-2 et la maladie qu'il cause du « coronavirus », mais les scientifiques utilisent généralement une terminologie plus précise.

Virologie

H (en)

Infection

LA TRANSMISSION À L'HOMME du SRAS-CoV-2 a été confirmée lors de la pandémie de coronavirus 2019-2020. La transmission se produit principalement par des gouttelettes respiratoires provenant de la toux et des éternuements dans une plage d'environ 1,8 mètre (6 pi). Le contact indirect via des surfaces contaminées est une autre cause possible d'infection. Des recherches préliminaires indiquent que le virus peut rester viable sur le plastique et l'acier pendant une période pouvant aller jusqu'à trois jours, mais qu'il ne survit pas sur du carton pendant plus d'une journée ou sur le cuivre pendant plus de quatre heures; le virus est inactivé par le savon, ce qui déstabilise son bilayer lipidique.. [32] L'ARN viral a également été trouvé dans des échantillons de selles de personnes infectées.

La mesure dans laquelle le virus est infectieux pendant la période d'incubation est incertaine, mais la recherche a indiqué que le pharynx atteint la charge virale maximale environ quatre jours après l'infection. Le 1er février 2020, l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a indiqué que «la transmission de cas asymptomatiques n'est

probablement pas un moteur majeur de transmission». Cependant, un modèle épidémiologique du début de l'épidémie en Chine a suggéré que « l'excrétion pré symptomatique peut être typique parmi les infections documentées » et que les infections subcliniques peuvent avoir été la source d'une majorité d'infections.

Taxonomically, SRAS-CoV-2 est une souche du *coronavirus grave lié au syndrome respiratoire aigu* (SRAS-CoV). On pense qu'il a des origines zoonotiques et a une similitude génétique étroite avec les coronavirus de chauve-souris, suggérant qu'il a émergé d'un virus transmis par les chauves-souris. [On pense aussi qu'un réservoir d'animaux intermédiaires comme un pangolin est impliqué dans son introduction à l'homme. Le virus montre peu de diversité génétique, ce qui indique que l'événement de débordement introduisant le SRAS-CoV-2 chez l'homme est susceptible d'avoir eu lieu à la fin de 2019.

Les études épidémiologiques estiment que chaque infection entraîne 1,4 à 3,9 nouveaux si aucun membre de la communauté n'est immunisé et qu'aucune mesure préventive n'est prise. Le virus se propage principalement entre les personnes par contact étroit et par des gouttelettes respiratoires produites à partir de toux ou d'éternuements. Il pénètre principalement dans les cellules humaines en se liant à l'angiotensine récepteur convertissant l'enzyme 2 (ACE2).

Réservoir

LES PREMIÈRES INFECTIONS connues de la souche SRAS-CoV-2 ont été découvertes à Wuhan, China. The source originale de transmission virale à l'homme reste floue, tout comme si la souche est devenue pathogène avant ou après l'événement de débordement. Étant donné que bon nombre des premières personnes infectées par le virus étaient des travailleurs du marché des fruits de mer de Huanan, il a été suggéré que la souche pourrait provenir du marché. Cependant, d'autres recherches indiquent que les visiteurs peuvent avoir introduit le virus sur le marché, ce qui a ensuite facilité l'expansion rapide des infections.

La recherche sur le réservoir naturel de la souche virale qui a causé l'éclosion de SRAS de 2002-2004 a permis de découvrir de nombreux coronavirus de chauve-souris ressemblant au SRAS, la plupart provenant du genre *Rhinolophus* des chauves-souris en fer à cheval, et deux séquences virales d'acide nucléique trouvées dans des échantillons prélevés sur des *sinicus rhinolophus* montrent une ressemblance de 80 % avec le SRAS-CoV-2. Une troisième séquence virale d'acide nucléique de *Rhinolophus affinis*, recueillie dans la province du Yunnan et désignée RaTG13, a une ressemblance de 96% avec le SRAS-CoV-2. Les chauves-souris sont considérées comme le réservoir naturel le plus probable du SRAS-CoV-2, mais les différences entre le coronavirus de chauve-souris et le

SRAS-CoV-2 suggèrent que les humains ont été infectés par l'intermédiaire d'un hôte intermédiaire.

Une étude métagénomique publiée en 2019 a déjà révélé que le SRAS-CoV, la souche du virus qui cause le SRAS, était le coronavirus le plus largement distribué parmi un échantillon de pangolines de la Sonde.. Le 7 février 2020, il a été annoncé que des chercheurs de Guangzhou avaient découvert un échantillon de pangolin avec une séquence virale d'acide nucléique « identique à 99 % » au SRAS-CoV-2. [51] Une fois publiés, les résultats ont précisé que « le domaine récepteur-contrainant de la protéine S de la Nouvelle-Connablaite-CoVCoV est pratiquement identique à celui de 2019-nCoV, avec une différence d'acide aminé. » [52] Les pangolins sont protégés par la loi chinoise, mais leur braconnage et leur commerce pour une utilisation dans la médecine traditionnelle chinoise restent communs. [53][54]

Les microbiologistes et les généticiens du Texas ont trouvé indépendamment des preuves de réassortiment chez les coronavirus suggérant la participation des pangolins à l'origine du SRAS-CoV-2. [55] Cependant, les coronavirus de pangolin trouvés à ce jour ne partagent qu'au plus 92 % de leurs génomes entiers avec le SRAS-CoV-2, ce qui les rend moins semblables à RaTG13 au SRAS-CoV-2. [56] Cela est insuffisant pour prouver que les pangolines sont l'hôte intermédiaire; en comparaison, le virus du SRAS responsable de l'éclosion de 2002-2004 a partagé 99,8 % de son génome avec un coronavirus civet connu.



LES CHAUVES-SOURIS en fer à cheval sont parmi les réservoirs naturels les plus probables du SRAS-CoV-2

Phylogénétique et taxonomie

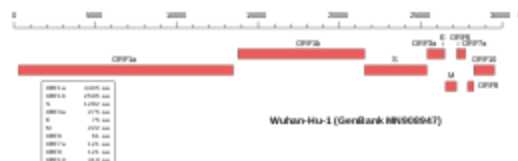
Le SRAS-CoV-2 appartient à la vaste famille de virus connus sous le nom de coronavirus. Il s'agit d'un virus de l'ARN à un seul brin de sens positif(ssRNA). D'autres coronavirus sont capables de causer des maladies allant du rhume aux maladies plus graves comme le syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS). C'est le septième coronavirus connu à infecter les gens, après 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, et le SRAS d'origine-CoV. [57]

À l'incœur de la souche coronavirus liée au SRAS impliquée dans l'éclosion du SRAS en 2003, le SRAS-CoV-2 est membre du sous-genre *Sarbecovirus* (lignée bêta-CoV B). Sa séquence d'ARN est d'environ 30 000 bases[58][59]. [58] [59] Le SRAS-CoV-2 est unique parmi les bêta-coronavirus connus dans son incorporation d'un site de clivage polybasique, une caractéristique connue pour augmenter la patho pathogène et la transmission dans d'autres virus. [60][61]

Avec un nombre suffisant de génomes séquencés, il est possible de reconstruire un arbre phylogénétique de l'histoire de la mutation d'une famille de virus. Le 12 janvier 2020, cinq génomes du SRAS-CoV-2 avaient été isolés de Wuhan et signalés par le Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies (CCDC) et d'autres institutions; [62] le nombre de génomes est passé à 42 au 30 janvier 2020. [63] Une analyse phylogénétique de ces échantillons a montré qu'ils étaient « fortement liés à au plus sept

mutations par rapport à un ancêtre commun», ce qui implique que la première infection humaine s'est produite en novembre ou décembre 2019. [63] Au 27 mars 2020, 1 495 génomes du SRAS-CoV-2 échantillonnés sur six continents étaient accessibles au public. [64]

Le 11 février 2020, le Comité international de taxonomie des virus (ICTV) a annoncé que, selon les règles existantes qui calculent les relations hiérarchiques entre les coronavirus sur la base de cinq séquences conservées d'acides nucléiques, les différences entre ce qu'on appelait alors 2019-nCoV et la souche virale de l'épidémie de SRAS de 2003 étaient insuffisantes pour les séparer des espèces virales. Par conséquent, ils ont identifié 2019-nCoV comme une souche du *coronavirus grave aigu lié au syndrome respiratoire*. [2]



Organisation génomique de l'isolant Wuhan-Hu-1, le premier échantillon séquencé du SRAS-CoV-2

ID du génome NCBI

[MN908947](#)

Taille du génome

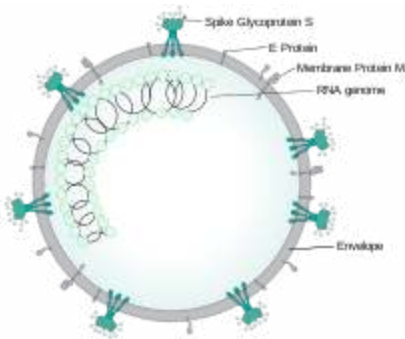
29 903 bases

Année d'achèvement

2020

BIOLOGIE STRUCTURELLE

Chaque virion SRAS-CoV-2 mesure environ 50 à 200 nanomètres de diamètre. Comme d'autres coronavirus, le SRAS-CoV-2 contient quatre protéines structurelles, connues sous le nom de protéines S (spike), E (enveloppe), M (membrane) et N(nucléocapsid); la protéine N détient le génome de l'ARN, et les protéines S, E et M créent ensemble l'enveloppe virale..^[65] La protéine de pointe, qui a été image au niveau atomique utilisant la microscopie d'électron cryogénique,,^{[66][67]} est la protéine responsable de permettre au virus de s'attacher et de fusionner avec la membrane d'une cellule hôte.



STRUCTURE D'UNE VIRION SARSr-CoV