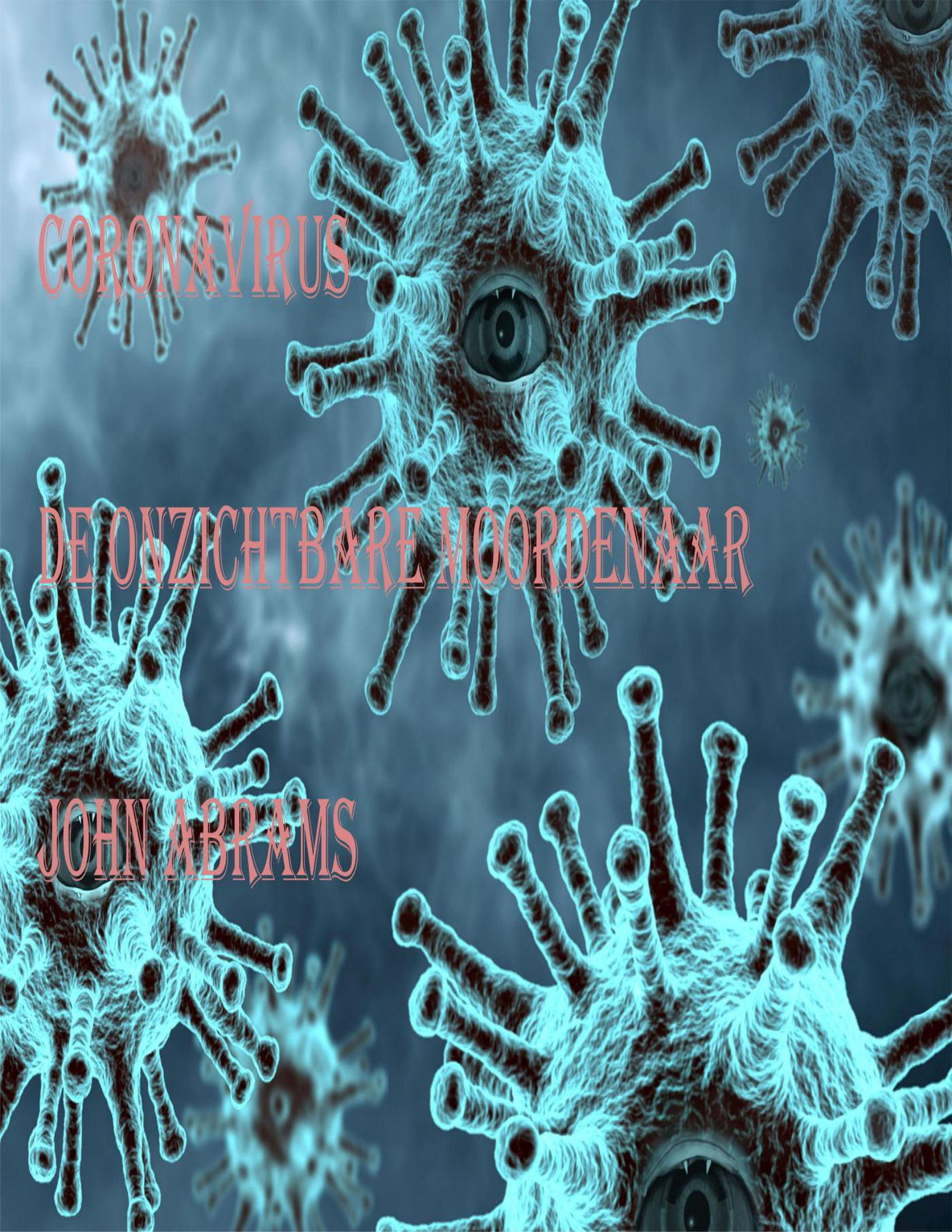




CORONAVIRUS

DE ONZICHTBARE MOORDENAAR

JOHN ABRAMS

# Inhoudsopgave

[Coronavirus De onzichtbare moordenaar](#)

[Testmethoden](#)

[Benaderingen van testen](#)

[Productie en volume](#)

[Nauwkeurigheid](#)

[Doeltreffendheid](#)

[Confirmatoire tests](#)

[Teststatistieken per land](#)

[Planning en risicobeoordeling](#)

[Gevarencontroles](#)

[Prognose](#)

[Oplichting](#)

[Diverse](#)

[Proces](#)

[Tekenen en symptomen](#)

[Oorzaak](#)

[Diagnose](#)

Stappen om de verspreiding van COVID-19 te voorkomen als u ziek bent

# Inhoud

## INHOUD1

## Deel One5

SARS7

History9

Virologie10

## Deel twee11

Virologie13

Epidemiologie19

## Deel drie20

Signs en Symptoms23

Cause25

Transmissie25

Virologie26

## **Pathofysiologie27**

Immunopathologie27

## **Diagnose28**

Detectie van virussen met PCR-tests33

Detectie van het virus met behulp van niet-PCR-tests35

Borst CT-scans en röntgenfoto's35

[Detectie van antilichamen36](#)

[Italië39](#)

[Singapore39](#)

[Anderen39](#)

[Pathologie46](#)

## **[Preventie47](#)**

[Gevarencontroles op de werkplek voor COVID-1949](#)

[Alle werkplekken51](#)

[Werkplekken met een gemiddeld risico51](#)

[Risicovolle zorg- en mortuariumwerkplekken53](#)

## **[Beheer55](#)**

[Medicijnen56](#)

[Persoonlijke beschermingsmiddelen56](#)

[Mechanische ventilatie56](#)

[Acuut respiratoir noodsyndroom57](#)

[Experimentele behandeling58](#)

[Informatietechnologie58](#)

[Psychologische ondersteuning58](#)

## **[Deel Fonze63](#)**

**[Preventie en beheer van psychische aandoeningen65](#)**

[Herinfectie68](#)

**[Geschiedenis69](#)**

**[Epidemiologie69](#)**

## **Maatschappij en cultuur72**

[Het biologische wapen75 van de V.S.](#)

[Anti-Moslim77](#)

[Antisemitisch77](#)

[Spy operatie78](#)

[Bevolkingscontroleregeling78](#)

## **Statistieken79**

## **Medisch81**

## **Overheid86**

[Vleermuissoep92](#)

[\*Simpsons\* voorspelling92](#)

[Corona bier misassociatie92](#)

[Ziekenhuisaandoeningen92](#)

[Terugkeer van wilde dieren92](#)

[Leeuwen bevrijd op straat93](#)

## **Onderzoek94**

[Drug ontwerp en laboratoriumtesten98](#)

## **Therapeutische kandidaten101**

[Mislukte klinische studies104](#)

## **Strategieën105**

## **Initiatieven voor klinische proeven106**

## **Deel Five108**

[Vaccin109](#)

## **Eerdere coronavirus vaccin inspanningen110**

[Behandelingen na infectie113](#)

[COVID-19 drug herbestemming onderzoek115](#)

[Chloroquine115](#)

[Anti-cytokine storm119](#)

[Passieve antilichaamtherapie120](#)

[Deel zes121](#)

## **Epidemiologie123**

[Zaken131](#)

[Sterfgevallen132](#)

[Diagrammen133](#)

[Looptijd137](#)

[Transmissie138](#)

[Virologie139](#)

[Virale testen139](#)

[Beeldvorming140](#)

## **Beheer145**

[Internationale reacties156](#)

## **Impact161**

[Samenwerken169](#)

## Auteursrechtpagina

Hoewel alle voorzorgsmaatregelen zijn genomen bij de voorbereiding van dit boek, neemt de uitgever geen verantwoordelijkheid voor fouten of omissies, of voor schade als gevolg van het gebruik van de hierin opgenomen informatie.

CORONAVIRUS (DE ONZICHTBARE  
MOORDENAAR)

**Eerste editie. 15 april 2020.**

Copyright © 2020 Libera Publishing.

Geschreven door John Abrams.

Coronavirus

*De onzichtbare moordenaar*

John Abrams

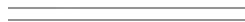
Met zoveel onzekerheid en bezorgdheid rond het recente nieuwe coronavirus, is het gemakkelijk om je hulpeloos te voelen - maar er is iets wat we allemaal kunnen doen om de strijd ertegen te helpen. Afgezien van het houden van veilige en volgende richtlijnen van medische deskundigen, kunnen we allemaal ons deel doen om hulp te krijgen aan mensen en regio's die zijn getroffen.

Door fondsen te werven voor coronavirus hulp inspanningen, of doneren aan een coronavirus relief fund, kunnen we allemaal ons deel doen en bieden broodnodige steun en hulp. Met het groeiende aantal in quarantaine geplaatste gebieden, individuen in deze gebieden hebben essentiële medische hulp en dagelijkse items nodig om door deze nieuwe dreiging te trekken.

Vooruit komen en nu helpen is essentieel om ervoor te zorgen dat iedereen voorbereid is op nieuwe ontwikkelingen. Ik ben belangrijk om iets te doen wat er niet is. Slechts \$ 1 of minder kan ons helpen ons werk voort te zetten.

Steun ons via PayPal Hier:

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



Doe een donatie aan PayPal met het scannen van QR-code hieronder



---

---

Deel één

*Ernstig acuut respiratoir syndroom  
Coronavirus*

## **ERNSTIG ACUUT RESPIRATOIR syndroom**

**coronavirus(SARS-CoV of SARS-CoV-1)** is een stam van het virus dat ernstig acuut respiratoir syndroom (SARS) veroorzaakt. Het is een omhuld, positief-zin, single-stranded RNA virus dat de epitheelcellen in de longen infecteert. Het virus komt in de gastheercel door zich te binden aan de ACE2-receptor. Het infecteert mensen, vleermuizen en palmcivets.. [6]

Op 16 april 2003 heeft de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO), na de uitbraak van SARS in Azië en secundaire gevallen elders in de wereld, een persbericht uitgegeven waarin staat dat het coronavirus dat door een aantal laboratoria werd geïdentificeerd, de officiële oorzaak van SARS was. De Centers for Disease Control and Prevention (CDC) in de Verenigde Staten en het National Microbiology Laboratory (NML) in Canada identificeerden het SARS-CoV genoom in april 2003. Wetenschappers van de Erasmus Universiteit in Rotterdam, Nederland aangetoond dat het SARS coronavirus Koch's postulaten vervulde en het daarmee bevestigde als veroorzaker. In de experimenten ontwikkelden makaken die besmet waren met het virus dezelfde symptomen als menselijke SARS-slachtoffers.

Een pandemie als gevolg van nieuwe coronavirusziekte in 2019 toonde veel gelijkenissen met de SARS-uitbraak, en de virale agent werd geïdentificeerd als de zoveelste stam van het SARS-gerelateerde coronavirus, SARS-CoV-2.

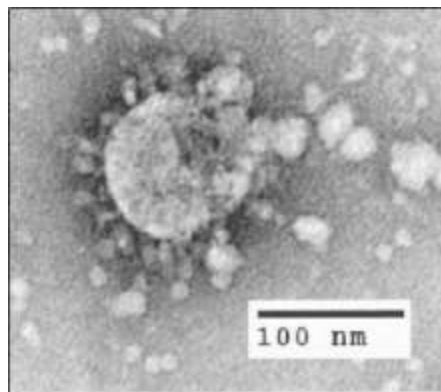
# Sars

## S

---

ARS, OF ERNSTIG ACUUT respiratoir syndroom, is de ziekte veroorzaakt door SARS-CoV. Het veroorzaakt een vaak ernstige ziekte en wordt in eerste instantie gekenmerkt door systemische symptomen van spierpijn, hoofdpijn, koorts, gevolgd in 2-14 dagen door het begin van ademhalings symptomen, voornamelijk hoesten, dyspneu en longontsteking. Een andere veel voorkomende bevinding bij SARS-patiënten is een afname van het aantal lymfocyten die in het bloed circuleren.

In de SARS uitbraak van 2003, ongeveer 9% van de patiënten met bevestigde SARS-CoV infectie overleden. Het sterftecijfer was veel hoger voor 60-plussers, waarbij de sterftecijfers voor deze subgroep van patiënten bijna 50% bedroegen.



elektronenmicroscoopbeeld van SARS virion

## Virusclassificatie

|                   |                                                                                                            |
|-------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| (ongerangschikt): | <u>Virus</u>                                                                                               |
| <i>Rijk:</i>      | <u><i>Riboviria (Riboviria)</i></u>                                                                        |
| Phylum:           | <u><i>incertae sedis</i></u>                                                                               |
| Volgorde:         | <u><i>Nidovirales Nidovirales</i></u>                                                                      |
| Familie:          | <u><i>Coronaviridae</i></u><br><u><i>(Coronaviridae)</i></u>                                               |
| Geslacht:         | <u><i>Betacoronavirus</i></u>                                                                              |
| Soort(en):        | <u><i>Ernstig acuut respiratoir</i></u><br><u><i>syndroom-gerelateerd</i></u><br><u><i>coronavirus</i></u> |
| Stam:             | <b>Ernstig                      acuut</b><br><b>respiratoir      syndroom</b><br><b>coronavirus</b>        |

## Synoniemen

- SARS coronavirus

- SARS-gerelateerd coronavirus
- Ernstig acuut respiratoir syndroom coronavirus

# GESCHIEDENIS

## O

---

ON 12 APRIL 2003, WETENSCHAPPERS werkzaam bij het Michael Smith Genome Sciences Centre in Vancouver klaar met het in kaart brengen van de genetische sequentie van een coronavirus vermoedelijk te worden gekoppeld aan SARS. Het team werd geleid door Marco Marra en werkte in samenwerking met het British Columbia Centre for Disease Control en het National Microbiology Laboratory in Winnipeg, Manitoba, met behulp van monsters van geïnfecteerde patiënten in Toronto. De kaart, door de WHO geprezen als een belangrijke stap voorwaarts in de strijd tegen SARS, wordt gedeeld met wetenschappers wereldwijd via de SGR-website (zie hieronder). Donald Low van Mount Sinai Hospital in Toronto beschreef de ontdekking als zijnde gemaakt met "ongekende snelheid". De sequentie van het SARS coronavirus is sindsdien bevestigd door andere onafhankelijke groepen.

Eind mei 2003, studies van monsters van wilde dieren verkocht als voedsel op de lokale markt in Guangdong, China, vond een stam van SARS coronavirus kan worden geïsoleerd uit gemaskerde palm civets (*Paguma* sp.), maar de dieren niet altijd klinische symptomen vertonen. De voorlopige conclusie was het SARS-virus stak de xenografische barrière van palm civet aan de mens, en meer dan 10.000 gemaskerde palm civets werden gedood in

de provincie Guangdong. Het virus werd ook later gevonden in wasbeer honden (*Nyctereuteus* sp.), fret dassen (*Meilogale* spp.), en huiskatten. In 2005, twee studies geïdentificeerd een aantal SARS-achtige coronavirussen in Chinese vleermuizen. Fylogenetische analyse van deze virussen wees op een grote kans dat SARS coronavirus is ontstaan in vleermuizen en zich rechtstreeks of via dieren op de Chinese markten heeft verspreid. De vleermuizen vertoonde geen zichtbare tekenen van ziekte, maar zijn de waarschijnlijke natuurlijke reservoirs van SARS-achtige coronavirussen. Eind 2006, wetenschappers van het Chinese Centrum voor Ziektebestrijding en Preventie van de Universiteit van Hong Kong en het Guangzhou Centre for Disease Control and Prevention vastgesteld een genetische link tussen de SARS coronavirus verschijnen in civets en mensen, bevestiging van beweringen dat het virus was gesprongen over soorten.

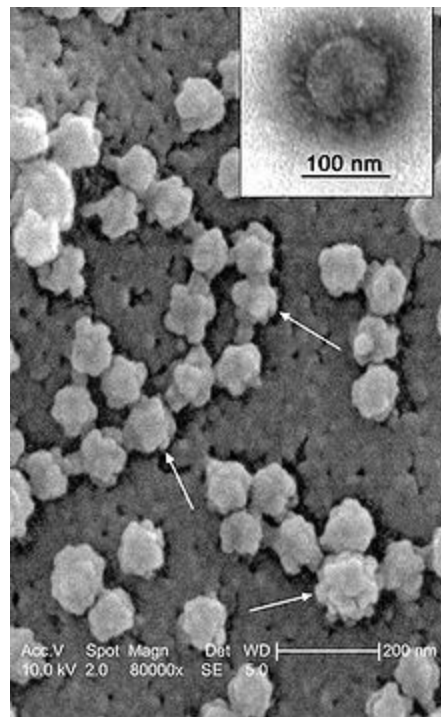
# Virologie

## S

---

ARS-CORONAVIRUS VOLGT de replicatiestrategie die typisch is voor de subfamilie coronavirus. De primaire menselijke receptor van het virus is angiotensin-converterend enzym 2 (ACE2), voor het eerst geïdentificeerd in 2003.

---



SCANNING ELECTRON MICROGRAPH van SARS virions

Deel TWEE

*Ernstig acuut respiratoir syndroom  
Coronavirus 2*

**Ernstig acuut respiratoir syndroom coronavirus 2 (SARS-CoV-2)**, in de volksmond bekend als het **coronavirus** en voorheen bekend onder de voorlopige naam **2019 novel coronavirus (2019-nCoV)**, is een positief-zin single-stranded RNA virus. Het veroorzaakt coronavirusziekte 2019 (COVID-19), een ademhalingsziekte. SARS-CoV-2 is besmettelijk bij de mens, en de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) heeft de lopende pandemie van COVID-19 aangewezen als een volksgezondheidsnoodsituatie van internationaal belang. De stam werd voor het eerst ontdekt in Wuhan, China, dus het wordt soms aangeduid als de "Wuhan virus" of "Wuhan coronavirus". Omdat de WHO het gebruik van namen op basis van locaties ontmoedigt en verwarring met de ziekte SARS te voorkomen, verwijst het soms naar SARS-CoV-2 als "het COVID-19-virus" in de volksgezondheidscommunicatie. Het grote publiek noemt vaak zowel SARS-CoV-2 en de ziekte veroorzaakt "coronavirus", maar wetenschappers gebruiken meestal meer precieze terminologie.

# Virologie

## H

## Infectie

---

UMAN-OP-MENS overdracht van SARS-CoV-2 is bevestigd tijdens de 2019-20 coronavirus pandemie. Transmissie vindt voornamelijk plaats via ademhalingsdruppels van hoest en niesbuien binnen een bereik van ongeveer 1,8 meter ( 6 ft). Indirect contact via verontreinigde oppervlakken is een andere mogelijke oorzaak van infectie. Voorlopig onderzoek wijst uit dat het virus levensvatbaar kan blijven op plastic en staal voor maximaal drie dagen, maar niet langer dan een dag op karton of op koper langer dan vier uur overleeft; het virus wordt geïnactiveerd door zeep, die zijn lipide bilayer destabiliseert. . [32] Viraal RNA is ook gevonden in ontlastingmonsters van geïnfecteerde mensen.

De mate waarin het virus besmettelijk is tijdens de incubatietijd is onzeker, maar onderzoek heeft aangetoond dat de keelholte ongeveer vier dagen na infectie een piek virale belasting bereikt. Op 1 februari 2020 heeft de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) aangegeven dat "overdracht van asymptomatische gevallen waarschijnlijk geen belangrijke transmissiemotor is". Echter, een epidemiologisch model van het begin van de uitbraak in

China suggereerde dat "pre-symptomatische vergieten kan typisch zijn onder gedocumenteerde infecties" en dat subklinische infecties kunnen zijn de bron van een meerderheid van de infecties.

Taxonomisch, SARS-CoV-2 is een stam van ernstige acute *respiratoire syndroom-gerelateerde coronavirus* (SARSr-CoV). Het wordt verondersteld om zoönotische oorsprong te hebben en heeft dichte genetische gelijkenis aan knuppelcoronavirussen, voorstellend het uit een knuppelgedragen virusvoortkwam. [Een tussenliggend dierenreservoir zoals een pangolin wordt ook verondersteld om in zijn inleiding aan mensen betrokken te zijn. Het virus vertoont weinig genetische diversiteit, wat aangeeft dat de spill-over gebeurtenis die SARS-CoV-2 bij mensen introduceert, waarschijnlijk eind 2019 heeft plaatsgevonden.

Epidemiologische studies schatten elke infectie resultaten in 1,4 tot 3,9 nieuwe wanneer er geen leden van de gemeenschap immuun zijn immune en geen preventieve maatregelen genomen. Het virus wordt voornamelijk verspreid tussen mensen door nauw contact en via ademhalingsdruppels geproduceerd door hoesten of niezen. Het komt voornamelijk menselijke cellen binnen door binding aan de receptor angiotensin het omzetten van enzym 2 (ACE2).

# Reservoir

---

DE EERSTE BEKENDE INFECTIES van de SARS-CoV-2 stam werden ontdekt in Wuhan, China. The oorspronkelijke bron van virale overdracht naar de mens blijft onduidelijk, net als de vraag of de stam werd pathogene voor of na de spillover gebeurtenis. Omdat veel van de eerste personen gevonden te zijn besmet door het virus waren werknemers op de Huanan Seafood Market,,it is gesuggereerd dat de stam zou kunnen zijn ontstaan uit de markt. Echter,ander onderzoek geeft aan dat bezoekers kunnen hebben het virus op de markt gebracht, die vervolgens vergemakkelijkt snelle uitbreiding van de infecties.

Onderzoek naar het natuurlijke reservoir van het virus stam die de 2002-2004 SARS uitbraak veroorzaakt heeft geresulteerd in de ontdekking van vele SARS-achtige vleermuis coronavirussen, de meeste afkomstig uit de *Rhinolophus* geslacht van hoefijzer vleermuizen, en twee kernenvirale zuur sequenties gevonden in monsters genomen van *Rhinolophus sinicus* tonen een gelijkenis van 80% naar SARS-CoV-2.Een derde virale nucleïnezuur sequentie van *Rhinolophus affinis*, verzameld in de provincie Yunnan en aangewezen RaTG13, heeft een 96% gelijkenis met SARS-CoV-2.Bats worden beschouwd als de meest waarschijnlijke natuurlijke reservoir van SARS-CoV-2, maar verschillen tussen de vleermuis coronavirus en SARS-

CoV-2 suggereren dat mensen werden besmet via een tussenliggende gastheer.

Een metagenomic studie gepubliceerd in 2019 eerder bleek dat SARS-CoV, de stam van het virus dat SARSveroorzaakt, was de meestverspreide coronavirus onder een steekproef van Sunda pangolins. [50] Op 7 Februari 2020, werd het aangekondigd dat de onderzoekers van Guangzhou een pangolinsteekproef met een virale nucleïnezuurvolgving "99% identiek" aan SARS-CoV-2 hadden ontdekt. [51] Wanneer vrijgegeven, verduidelikten de resultaten dat "het receptor-bindende domein van het S-eiwit van het nieuw ontdekte Pangolin-CoV vrijwel identiek is aan dat van 2019-nCoV, met één aminozuurverschil." [52] Pangolins worden beschermd onder Chinese wet, maar hun het stropen en handel voor gebruik in traditionele Chinese geneeskunde blijft gemeenschappelijk. [53][54]

Microbiologen en genetici in Texas hebben onafhankelijk gevonden bewijs van herassortiment in coronavirussen suggereert betrokkenheid van pangolins in de oorsprong van SARS-CoV-2. [55] Nochtans, delen pangolin coronavirussen tot op heden slechts hoogstens 92% van hun gehele genomen met SARS-CoV-2, makend hen minder gelijkaardig dan RaTG13 aan SARS-CoV-2. [56] Dit is onvoldoende om te bewijzen pangolins om de tussenliggende gastheer te zijn; in vergelijking, het SARS-virus dat verantwoordelijk is voor de uitbraak van 2002-2004 deelde 99,8% van zijn genoom met een bekend civet coronavirus.



HOEFIJZERVLEERMUIZEN behoren tot de meest waarschijnlijke natuurlijke reservoirs van SARS-CoV-2

# Fylogenetica en Taxonomie

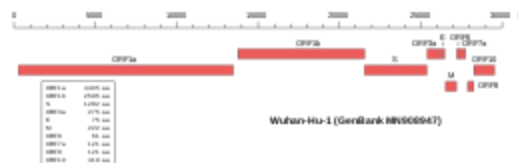
SARS-CoV-2 behoort tot de brede familie van virussen bekend als coronavirussen. Het is een positief-zin single-stranded RNA (+ssRNA)virus. Andere coronavirussen zijn in staat om ziekten te veroorzaken, variërend van verkoudheid common cold tot meer ernstige ziekten zoals het Respiratoir syndroom van het Midden-Oosten (MERS). Het is het zevende bekende coronavirus om mensen te infecteren, na 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, en de originele SARS-CoV. [57]

Net als de SARS-gerelateerde coronavirus stam betrokken bij de 2003 SARS uitbraak, SARS-CoV-2 is een lid van het subgenus *Sarbecovirus* (beta-CoV afstamming B). [58] [59] Zijn opeenvolging van RNA is ongeveer 30.000 basissen in lengte. SARS-CoV-2 is uniek onder bekende betacoronavirussen in de integratie van een polybasic decolleté site, een kenmerk waarvan bekend is dat het pathogeniteit pathogenicity en overdraagbaarheid bij andere virussen verhoogt. [60][61]

Met een voldoende aantal gesequencede genomen is het mogelijk om een fylogenetische boom te reconstrueren van de mutatiegeschiedenis van een familie van virussen. Op 12 januari 2020 waren vijf genomen van SARS-CoV-2 geïsoleerd uit Wuhan en gerapporteerd door het Chinese Center for Disease Control and Prevention (CCDC) en andere instellingen; [62] het aantal genomen steeg tot 42 tegen 30 januari 2020. [63] Een fylogenetische analyse van

die steekproeven toonde aan dat zij "hoogst verwant met hoogstens zeven veranderingen met betrekking tot een gemeenschappelijke voorvader" waren, implicerend dat de eerste menselijke besmetting in November of December 2019 voorkwam. [63] Vanaf 27 Maart 2020, waren 1.495 sars-CoV-2 genomen die op zes continenten worden bemonsterd openbaar beschikbaar. [64]

Op 11 februari 2020 heeft de International Committee on Taxonomie van virussen (ICTV) aangekondigd dat volgens de bestaande regels die hiërarchische relaties tussen coronavirussen berekenen op basis van vijf geconserveerde sequenties van nucleïnezuuren, de verschillen tussen wat toen 2019-nCoV heette en de virusstam van de SARS-uitbraak van 2003 onvoldoende waren om ze afzonderlijke virale soortente maken. Daarom identificeerden ze 2019-nCoV als een stam van ernstig *acuut respiratoir syndroom-gerelateerd coronavirus*. [2]



Genomische organisatie van isolaat Wuhan-Hu-1, de vroegste gesequencede steekproef van SARS-CoV-2

**NCBI genoom-ID**

**MN908947**

**Genoomgrootte**

29.903 bases

**Jaar van voltooiing**

2020