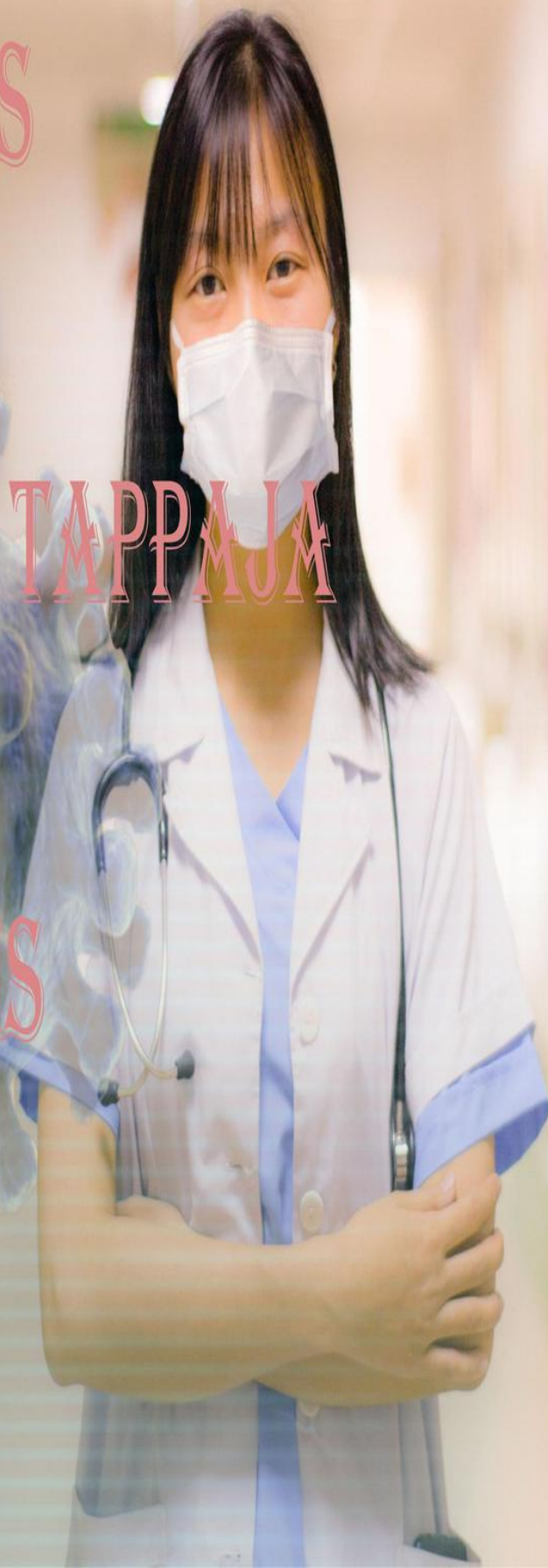


CORONAVIRUS

NÄKYMÄTÖN TAPPAJA

JOHN ABRAMS



Sisällysluettelo

[Coronavirus Näkymätön Killer](#)

[Testausmenetelmät](#)

[Testausmenetelmät](#)

[Tuotanto ja tilavuus](#)

[Tarkkuus](#)

[Tehokkuutta](#)

[Varmistustestaus](#)

[Testaustilastot maittain](#)

[Suunnittelu ja riskinarviointi](#)

[Vaarojen hallinta](#)

[Ennuste](#)

[Huijauksia](#)

[Muut](#)

[Prosessi](#)

[Merkit ja oireet](#)

[Aiheuttaa](#)

[Diagnoosi](#)

Covid-19:n leviämisen estämiseen liittyvät toimenpiteet, jos olet sairas

Sisältö

SISÄLTÖ1

Osa One5

Kävi koulua SARS7

Kävi koulua History9

Virologia10

Toinen osa11

Virologia13

Epidemiologia19

Kolmas osa20

Signs ja Symptoms23

C ause25 (1000) ause

Vaihteisto25

Virologia26

Patofysiologia27

Immunopatologia27

Diagnoosi28

Viruksen havaitseminen PCR-testien avulla33

Viruksen havaitseminen muilla kuin PCR-testeillä35

Rinnassa TT skannaa ja röntgenkuvat35

[Vasta-aineiden osoittaminen36](#)

[Italia39](#)

[Singapore,Arabiemiirikunnat](#)

[Muut39](#)

[Patologia46](#)

[Ennaltaehkäisy47](#)

[Covid-19-luokan työpaikan vaarojenhallintalaitteet 49](#)

[Kaikki työpaikat51](#)

[Keskiriskityöpaikat51](#)

[Korkean riskin terveydenhuolto ja ruumishuone53](#)

[Johtaminen55](#)

[Lääkkeet56](#)

[Henkilönsuojaimet56](#)

[Mekaaninen ilmanvaihto56](#)

[Akuutti hengitysvaikeusoireyhtymä57](#)

[Kokeellinen hoito58](#)

[Tietotekniikka58](#)

[Psykologinen tuki58](#)

[Osa Fmeidän63](#)

[Mielenterveysolojen ehkäiseminen ja hallinta65](#)

[Uudelleentartunta68](#)

[Historia69](#)

[Epidemiologia69](#)

Yhteiskunta ja kulttuuri72

[Yhdysvaltain biologinen ase75](#)

[Muslimien vastainen77](#)

[Antisemitistinen77](#)

[Spy toiminta78](#)

[Väestönvalvontajärjestelmä78](#)

Tilastot79

Lääketieteellinen81

Hallitus86

[Lepakkokeitto92](#)

[*Simpsons ennustus92*](#)

[Corona olut väärinkytkenä92](#)

[Sairaalan olosuhteet92](#)

[Luonnonvaraisten eläinten paluu92](#)

[Lionit vapautettu kaduilla93](#)

Tutkimus94

[Huumeiden suunnittelu ja laboratoriokokeet98](#)

Terapeuttiset ehdokkaat101

[Epäonnistuneet kliiniset tutkimukset104](#)

Strategiat105

Kliinisiä tutkimuksia koskevat aloitteet106

Osa Five108

[Rokote109](#)

Edellinen coronavirus rokotteen ponnisteluja110

Infektion jälkeiset hoidot113

COVID-19 huumeiden repurposing tutkimus115

Klorokiini115

Anti-sytokiini myrsky119

Passiivinen vasta-ainehoito120

Kuudes osa121

Epidemiologia123

Asiat131

Kuolleet132

Kaaviot133

Kesto137

Vaihteisto138

Virologia139

Virustestaus139

Kuvantaminen140

Johtaminen145

Kansainväliset vastaukset156

Vaikutus161

Yhdessä169

Tekijänoikeus-sivu

Vaikka kaikki varotoimet on tehty tämän kirjan laatimisessa, kustantaja ei ota vastuuta virheistä tai puutteista tai vahingoista, jotka johtuvat tässä esitettyjen tietojen käytöstä.

CORONAVIRUS (NÄKYMÄTÖN TAPPAJA)

Ensimmäinen painos. 15. huhtikuuta 2020.

Copyright © 2020 Libera Publishing.

Kirjoittanut John Abrams.

Coronavirus

Näkymätön Tappaja

John Abrams

Niin paljon epävarmuutta ja huolta ympäröivän viime romaanicoronavirus, se on helppo tuntee avuton, mutta on jotain voimme kaikki tehdä auttaa taistelussa sitä vastaan. Sen lisäksi, että pidämme turvassa ja noudatamme lääketieteellisten asiantuntijoiden ohjeita, voimme kaikki tehdä osamme saadaksemme apua ihmisille ja alueille, jotka ovat kärsineet.

Varainhankinnalla coronavirus helpotustoimia, tai lahjoittaa coronavirus helpotus rahasto, voimme kaikki tehdä osamme ja tarjota kaivattua tukea ja tukea. Kun yhä useammat karanteeniin alueilla, yksilöiden näillä alueilla tarvitsevat elintärkeää lääketieteellistä apua ja päivittäinen kohteita läpi tämän uuden uhan.

Eteenpäin pääseminen ja auttaminen nyt on avain siihen, että kaikki ovat valmiita uuteen kehitykseen. Ontärkeää tehdä jotain. Vain 1 dollaria tai vähemmän voi auttaa meitä jatkamaan työtämme.

Tue meitä PayPalin kautta täällä:

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

Tee lahjoitus PayPal ille skannaamalla QR-koodi alla



Ensimmäinen osa

*Vaikea akuutti
hengitystieoireyhtymä Coronavirus*

VAIKEA AKUUTTI HENGITYSTIEOIREYHTYMÄ

coronavirus(SARS-CoV tai **SARS-CoV-1)** on viruskanta, joka virus aiheuttaa vakavaa akuuttia hengitystieoireyhtymää (SARS). Se on vaipallinen, positiivinen-mielessä, yksisäikeinen RNA-virus, joka tarttuu epiteelisolujen keuhkoissa. Virus siirtyy isäntäsoluun sitoutumalla ACE2-reseptoriin. Se tarttuu ihmisiin, lepakoihin ja palmivettiin.. Mitä sinä teet?

Maailman terveysjärjestö (WHO) julkaisi 16 päivänä huhtikuuta 2003 Sars-taudinpurkauksen jälkeen Aasiassa ja muualla maailmassa lehdistötiedotteen, jossa todettiin, että useiden laboratorioden tunnistama coronavirus oli SARSin virallinen syy. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) Yhdysvalloissa ja National Microbiology Laboratory (NML) Kanadassa tunnistaa SARS-CoV genomi huhtikuussa 2003. Tutkijat Erasmus University Rotterdammassa Rotterdam, Alankomaat osoitti, että SARS coronavirus täytti Kochin olettamukset mikä vahvistaa sen aiheuttaja. Kokeissa virustartunnan saaneet makaronit kehittyivät samoihin oireisiin kuin ihmisen SARS-uhrit.

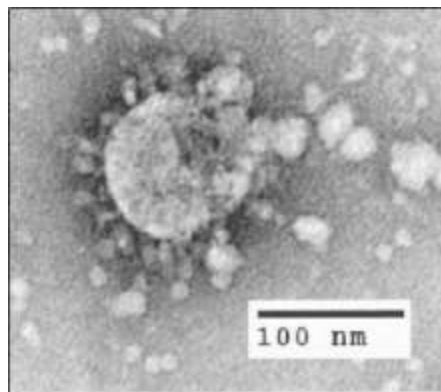
Uusista coronavirustaudeista johtuva pandemia vuonna 2019 osoitti monia yhtäläisyyksiä SARS-taudinpurkaukseen, ja viruslääke tunnistettiin jälleen sars-kantaksi, SARS-CoV-2 SARS-CoV-2.

Sars

S

ARS TAI VAKAVA AKUUTTI hengitystieoireyhtymäön SARS-CoV:n aiheuttamaCoV-sairaus. Se aiheuttaa usein vaikean sairauden ja on merkitty aluksi systeemisiä oireita lihaskipua, päänsärkyä ja kuumetta, jonka jälkeen 2-14 päivää alkaa hengitysteiden oireita, lähinnä yskä, hengenahdistus, ja keuhkokuume. Toinen yleinen löydös SARS- potilailla on veren kierrossa olevien lymfosyyttien määrän väheneminen.

Sars- taudinpurkauksessa vuonna 2003 noin 9% potilaista, joilla oli vahvistettu SARS-CoV- infektio, kuoli. Kuolleisuus oli paljon korkeampi yli 60-vuotiailla, ja kuolleisuus oli 50 prosenttia tämän potilasjoukon osalta.



elektronimikroskooppi kuva SARS virion

Virusluokitus

(luokittelematon): Virus

Valtakunta: Kävi koulua Riboviria

Mitä sinä teet? Kävi koulua incertae
sedis

Tilaa: Nidoviraalit

Perhe: Kävi koulua
Coronaviridae

Suvun: Beetacoronavirus

Lajien: Vaikea akuutti
hengitystieoireyhtymään
liittyvä koronavirus

Kanta: **Vaikea akuutti
hengitystieoireyhtymä
coronavirus**

Synonyymit

- SARS-coronavirus

- SARS-hoitoon liittyvä koronavirus
- Vaikea akuutti hengitystieoireyhtymä coronavirus

HISTORIA

O

12. HUHTIKUUTA 2003 Vancouverissa Michael Smithin genomitiedekeskuksessa työskentelevät tutkijat kartoittivat kruunaviruksen geneettistä sekvenssiä, jonka uskottiin liittyvän SARSiin. Joukkue johti Marco Marra ja työskenteli yhteistyössä British Columbia Centre for Disease Control ja National Microbiology Laboratory Winnipeg, Manitoba, käyttäen näytteitä tartunnansaaneiden potilaiden Torontossa Toronto. Kartta, jota WHO pitää tärkeänä askeleena sarsin torjunnassa, jaetaan tutkijoiden kanssa maailmanlaajuisesti pääsihteeristön verkkosivuston kautta (ks. jäljempänä). Donald Low Mount Sinai sairaala Torontossa kuvattu löytö on tehty "ennennäkemättömän speednopeasti". Muut riippumattomat ryhmät ovat sittemmin vahvistaneet SARS-coronaviruksen sarjan.

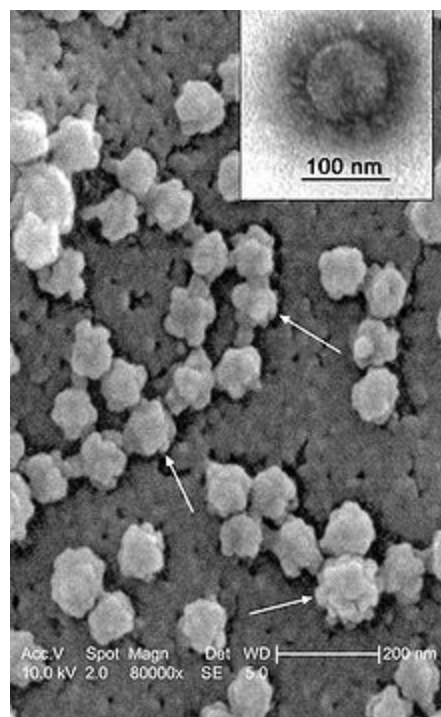
Toukokuun lopulla 2003 tehdyissä tutkimuksissa luonnonvaraisista eläimistä, joita myytiin elintarvikkeina guangdongilaisilla, Kiinalaisilla paikallisilla Guangdongmarkkinoilla, havaittiin SARS-coronaviruskanta, joka voitiin erottaa naamioituneista palmusiivtuista (*Paguma* sp.), mutta eläimillä ei aina ollut kliinisiä oireita. Alustava päätelmä oli SARS-virus ylitti ksenografisen esteen palmivettistä ihmisiin, ja yli 10 000 naamioitua palmisvettä kuoli Guangdongin maakunnassa. Virus löytyi

myöhemmin myös pesukarhukoirista (*Nyctereuteus* sp.), frettimäisistä (*Melogale* spp.) ja kotikissoista. Vuonna 2005 kahdessa tutkimuksessa havaittiin useita SARSin kaltaisia koronaviruksia kiinalaisissa lepakoissa. Näiden virusten fylogeneettinen analyysi osoitti, että SARS-coronavirus on erittäin todennäköisesti peräisin lepakoista ja levinnyt ihmisiin joko suoraan tai Kiinan markkinoilla olevien eläinten välityksellä. Lepakoissa ei ollut näkyviä merkkejä taudista, mutta ne ovat todennäköisesti sars-tyyppisten koronavirusten luonnollisia altaita. Vuoden 2006 lopulla Hongkongin yliopiston ja Hong Kong University Guangzhoun Guangzhou tautien ehkäisyn ja ehkäisyn keskuksen tutkijat perustivat geneettisen yhteyden siveissä ja ihmisissä esiintyvän SARS-coronaviruksen välille ja vahvistivat, että virus oli hypännyt eri lajien välillä.

VIROLOGIA

S

ARS-CORONAVIRUS NOUDATTAA coronavirusalaperheelle tyypillistä replikaatiostrategiaa. Viruksen ensisijainen ihmisen reseptori on angiotensiinikonvertaasin 2 (ACE2), joka tunnistettiin ensimmäisen kerran vuonna 2003.



SARS-VIRIONIEN ELEKTRONIMIKROGRAFI

Toinen osa

*Vaikea akuutti
hengitystieoireyhtymä Coronavirus
2*

Vaikea akuutti hengitystieoireyhtymä coronavirus 2(SARS-CoV-2), joka tunnetaan kolmoisviruksena **coronavirus** ja joka tunnettiin aiemmin nimellä provisional name **2019 uusi coronavirus (2019-nCoV)**, on positiivisen aistinen yksisäikeinen RNA - virus. Se aiheuttaa coronavirustauti 2019 (COVID-19), hengityselinten sairaus. SARS-CoV-2 on tarttuva ihmisillä, ja Maailman terveysjärjestö (WHO) on nimennyt covid-19:n meneillään olevan pandemian kansanterveydelliseksi hätätilaksi. Kanta löydettiin ensimmäisen kerran Wuhanissa, Kiinassa, Wuhanjoten sitä kutsutaan joskus "Wuhan-virukseksi" tai "Wuhan coronavirusiksi". Koska WHO estää nimien käytön sijaintien perusteella ja välttää sekaannusta sars-taudin kanssa, SARSse viittaa joskus SARS-CoV-2:een "COVID-19-viruksena" kansanterveydellisissä tiedonannoissa. Suuri yleisö usein vaatii sekä SARS-CoV-2 ja tauti se aiheuttaa "coronavirus", mutta tutkijat käyttävät yleensä tarkempia termejä.

VIROLOGIA

H

Infektio

SARS-COV-2:N UMAN-TO-human-tartunta transmission on vahvistettu vuosina 2019–20 koronaviruspandemian aikana. Siirto tapahtuu pääasiassa hengitysteiden pisaroita yskää ja aivastaa sisällä noin 1,8 metriä (6 jalkaa). Epäsuora kosketus saastuneiden pintojen kautta on toinen mahdollinen infektion syy. Alustavatutkimus osoittaa, että virus voi olla elinkelpoinen muovilla ja teräksellä enintään kolme päivää, mutta se ei selviydy pahvilla yli yhden päivän ajan tai kuparilla yli neljän tunnin ajan; virus inaktivoituu saippualla, mikä horjuttaa sen lipidien kaksikerrosta. [32] Virus-RNA:ta on löydetty myös tartunnan saaneiden ihmisten ulostenäytteistä.

Se, missä määrin virus on tarttuva ajautumista inkubointijakson aikana, on epävarmaa, mutta tutkimukset ovat osoittaneet, että nielun huippuviruskuorma saavutetaan noin neljän päivän kuluttua infektiosta. Maailman terveysjärjestö (WHO) totesi 1 päivänä helmikuuta 2020, että "oireettomista tapauksista tapahtuva siirto ei todennäköisesti ole merkittävä voimansiirron aihe" -aiheinen. Kuitenkin epidemiologinen malli alussa puhkeamisen Kiinassa ehdotti, että "pre-

oireinen irtoaminen voi olla tyypillistä keskuudessa dokumentoitu infektiota" ja että subkliiniset infektiot ovat saattaneet olla lähde suurin osa infektiota.

Taksonomisesti, SARS-CoV-2 on kanta *vaikea akuutti hengitystieoireyhtymä liittyvä coronavirus* (SARS-CoV). Sen uskotaan olevan zoonoottinen alkuperä ja on lähellä geneettistä samankaltaisuutta bat coronavirusit, mikä viittaa siihen, että se syntyi bat-bornevirus.

[Välieläinten säiliö, kuten pangolin uskotaan myös olevan mukana sen johdannossa ihmisiin. Virus ei juurikaan ole geneettinen monimuotoisuus, mikä osoittaa, että SARS-CoV-2:ta ihmisille käyttöön ottava heijastustapahtuma on todennäköisesti tapahtunut vuoden 2019 lopulla.

Epidemiologiset tutkimukset arvioivat jokaisen infektion tulokset 1,4-3,9 uusia, kun yksikään yhteisön jäsen ei ole immuuni eikä ennaltaehkäiseviä toimenpiteitä toteutettu. Virus leviää ensisijaisesti ihmisten välillä läheisessä kosketuksessa ja yskästä tai aivastaasta syntyvien hengitystiepisaroiden kautta. Se tulee pääasiassa ihmisen soluihin sitoutumalla angiotensiinikonvertaasin 2 (ACE2) reseptoriin.

Säiliö

ENSIMMÄISET TUNNETUT infektiot SARS-CoV-2 kanta löydettiin Wuhan, China. The alkuperäinen lähde virustartuntojen ihmisiin on epäselvä, samoin kuin onko kanta tuli patogeeninen ennen tai jälkeen heijastustapahtuma. Koska monet ensimmäisistä yksilöiden todettu tartunnan virus oli työntekijöiden Huanan Seafood Market,,it on ehdotettu, että kanta olisi voinut olla peräisin markkinoilta. Kuitenkin, muut tutkimukset osoittavat, että kävijät ovat saattaneet tuoda viruksen markkinoille, mikä sitten helpotti nopeaa infektioiden leviämistä.

Tutkimus luonnollinen säiliö viruskannan, joka aiheutti 2002-2004 SARS puhkeaminen on johtanut löytö monet SARS kaltainen bat coronaviruss, useimmat peräisin *Rhinolophus* suvun hevosenkenkä lepakoiden, ja kaksi virusnukleiinihappo sekvenssit löytyy näytteitä otettu *Rhinolophus sinicus* osoittavat yhdennäköisyyttä 80% SARS-CoV-2 .Kolmas virusnukleiinihappo sekvenssi *Rhinolophus affinis*, kerätään Yunnan maakunnassa ja nimetty RaTG13, on 96% yhdennäköisyys SARS-CoV-2. Bats pidetään todennäköisin luonnollinen säiliö SARS-CoV-2, mutta erot bat coronavirus ja SARS-CoV-2 viittaavat siihen, että ihmiset olivat tartunnan kautta välivaiheen isäntä.

Vuonna 2019 julkaistussa metagenomiisessa tutkimuksessa kävi aiemmin ilmi , että SARS- CoV - viruskanta SARS-virusoli laajimmin jaettu coronavirus

Sunda pangoliininäytteenjoukossa. 7. helmikuuta 2020 ilmoitettiin, että Guangzhoun tutkijat Guangzhou olivat löytäneet pangoliininäytteen, jossa oli virusnukleiinihapposekvenssi "99% identtinen" SARS-CoV-2:lle. [51] Vapautuessaan tulokset selvensivät, että "vasta löydetyn Pangolin-CoV: n S-proteiinin reseptorin sitova verkkotunnus on lähes identtinen 2019-nCoV: n kanssa, jossa on yksi aminohappoero." [52] Pangolineja suojellaan Kiinan lainsäädännön mukaisesti, mutta niiden salametsästys ja kaupankäynti perinteisessä kiinalaisessa lääketieteessä traditional Chinese medicine ovat edelleen yleisiä. [53][54] [53][54] [53][54] [5

Mikrobiologit ja geneetikot Texasissa ovat itsenäisesti löytäneet todisteita reassortment coronaviruses viittaa osallistumista pangolins alkuperästä SARS-CoV-2. [55]

Kuitenkin pangolin koronavirusten tähän mennessä todettu olevan vain 92% niiden koko genomeista SARS-CoV-2: lla, mikä tekee niistä vähemmän samankaltaisia kuin RaTG13 SARS-CoV-2: lle. [56] Tämä ei riitä osoittamaan pangoliinia väliisännäksi; vertailussa sars-virus, joka oli vastuussa vuosien 2002–2004 taudinpurkauksesta, jakoi 99,8 prosenttia sen genomista tunnetulla sivetticoronaviruksella.



HEVOSENKENGÄN LEPAKOT ovat yksi todennäköisimmin
luonnon altaat SARS-CoV-2

Fylogenetikka ja taksonomia

SARS-CoV-2 kuuluu laajaan virusperheeseen, jota kutsutaan koronaviruksiksi. Se on positiivinen aistiyksisäikeinen RNA (+ssRNA)-virus. Muut koronavirukset voivat aiheuttaa sairauksia, jotka vaihtelevat flunssasta common cold vakavampiin sairauksiin, kuten Lähi-idän hengitystieoireyhtymään (MERS). Se on seitsemäs tunnettu coronavirus tartuttaa ihmisiä, kun 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, ja alkuperäinen SARS-CoVCoV. Mitä sinä teet?

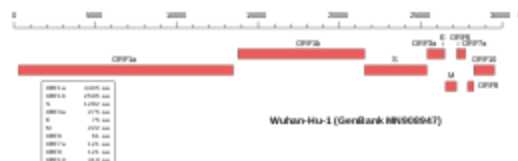
Sars-CoV-2 on sarbecoviruksen (beeta-CoV-linjan B) jäsen *sarbecoviruksen* (beeta-CoV-linjan B) jäsen, kuten sars-kanta. [58][59] Sen RNA-sekvenssi on noin 30 000 pohjan RNA pituinen. SARS-CoV-2 on ainutlaatuinen tunnettujen beeta-coronavirusten joukossa, kun se lisää moniemäksistä pilkkoutumiskohtaa, jonka tiedetään lisäävän patogeenisuutta ja tarttuvuutta muihin viruksiin. [60][61]

Riittävän määrän sekvensoituja genomeja on mahdollista rekonstruoida virusperheen mutaatiohistorian fylogeneettinen puu. 12. tammikuuta 2020 mennessä viisi SARS-CoV-2:n genomia oli eristetty Wuhanista ja kiinantaudinehkäisy- ja -ehkäisykeskus (CCDC) ja muut laitokset ilmoittivat niistä. [62] Genomien määrä kasvoi 42:aan 30 päivään tammikuuta 2020 mennessä. [63]

Näiden näytteiden fylogeneettinen analyysi osoitti, että ne olivat "hyvin sukua enintään seitsemälle mutaatiolle

suhteessa yhteiseen esi-isään", mikä viittaa siihen, että ensimmäinen ihmisen infektio tapahtui marras- tai joulukuussa 2019. [63] Maaliskuun 27 päivänä 2020 lähtien 1 495 sars-CoV-2-genomia, joista näytteet otettiin kuudella mantereella, olivat julkisesti saatavilla. Mitä sinä täällä teet?

Kansainvälinen virusten taksonomiakomitea (ICTV) ilmoitti 11 päivänä helmikuuta 2020, että olemassa olevien sääntöjen mukaan, jotka muodostavat koronavirusten hierarkkiset suhteet viiden säilyneen nukleiinihapposekvenssinperusteella, erotettiin kutsutun 2019-nCoV:n ja vuoden 2003 SARS-taudin puhkeamisen viruskannan välillä conserved sequences eivät riitä erottamaan niitä viruslajeista. Siksi he tunnistivat 2019-nCoV:n vakavan akuutin *hengitystieoireyhtymään liittyvän koronaviruksen* kantana. . Mitä sinä teet?



Wuhan-Hu-1:n genominen organisointi, sars-CoV-2:n varhaisin jaksotettu näyte

NCBI-genomin tunnus

[MN908947](#)
([mn908947](#)).

Genomin koko

29 903 emästä

Valmistumisvuosi

2020

