

CORONAVIRUS

DEN USYNLIGE MORDER

JOHN ABRAMS



Indhold

[Coronavirus \(Den usynlige morder\).](#)

[Prøvningsmetoder](#)

[Tilgange til test](#)

[Produktion og mængde](#)

[Nøjagtighed](#)

[Effektivitet](#)

[Bekræftende test](#)

[Test statistik efter land](#)

[Planlægning og risikovurdering](#)

[Farekontrol](#)

[Prognose](#)

[Svindel](#)

[Diverse](#)

[Proces](#)

[Tegn og symptomer](#)

[Forårsage](#)

[Diagnose](#)

[Trin til at forhindre spredning af COVID-19, hvis du er syg](#)

Indholdet

INDHOLD1

Del One5

SARS7

History9

Virologi10

Anden del11

Virologi13

Epidemiologi19

Tredje del20

Signs og Symptoms23

Cause25

Transmission25

Virologi26

Patofysiologi27

Immunpatologi27

Diagnose28

Påvisning af virus ved hjælp af PCR-test33

Påvisning af virus ved hjælp af ikke-PCR-test35

Ct-scanninger og røntgenbilleder af brystet35

[Påvisning af antistoffer36](#)

[Italien39](#)

[Singapore39](#)

[Andre39](#)

[Patologi46](#)

Forebyggelse47

[Arbejdspladsfarekontrol for COVID-1949](#)

[Alle arbejdspladser51](#)

[Mellemrisikoarbejdspladser51](#)

[Højrisiko-sundhedspleje og lighus53](#)

Ledelse55

[Medicin56](#)

[Personlige værnemidler56](#)

[Mekanisk ventilation56](#)

[Akut respiratorisk distress syndrom57](#)

[Eksperimentel behandling58](#)

[Informationsteknologi58](#)

[Psykologisk støtte58](#)

Del Fvores63

Forebyggelse og håndtering af psykiske lidelser65

[Reinfektion68](#)

Historie69

Epidemiologi69

Samfund og kultur72

[Amerikansk biologisk våben75](#)

[Anti-muslimske77](#)

[Antisemitisk77](#)

[Spion operation78](#)

[Befolkningskontrolordning78](#)

Statistik79

Medicinsk81

Regeringen86

[Bat suppe92](#)

[*Simpsons forudsigelse92*](#)

[Corona øl misassociation92](#)

[Hospitalsforhold92](#)

[Tilbagelevering afdyreliv92](#)

[Lions befriet på gaden93](#)

Forskning94

[Drug design og laboratorieundersøgelser98](#)

Terapeutiske kandidater101

[Mislykkede kliniske studier104](#)

Strategier105

Initiativer til kliniske forsøg106

Del Five108

[Vaccine109](#)

Tidligere coronavirus vaccine indsats110

[Behandlinger efter infektion113](#)

[COVID-19 narkotika repurposing forskning115](#)

[Chloroquin115](#)

[Anti-cytokin storm119](#)

[Passiv antistofbehandling120](#)

[Del seks121](#)

Epidemiologi123

[Sag131](#)

[Dødsfald132](#)

[Diagrammer133](#)

[Varighed137](#)

[Transmission138](#)

[Virologi139](#)

[Viral testning 139](#)

[Billedbehandling140](#)

Ledelse145

[Internationale svar156](#)

[Indvirkning161](#)

[Samarbejde169](#)

Siden Ophavsret

Mens alle forholdsregler er blevet truffet i udarbejdelsen af denne bog, udgiveren påtager sig intet ansvar for fejl eller udeladelser, eller for skader som følge af brugen af oplysningerne heri.

CORONAVIRUS (DEN USYNLIGE MORDER)

Første udgave. 15. april 2020.

Ophavsret © 2020 Libera Publishing.

Skrevet af John Abrams.

Coronavirus

Den usynlige morder

John Abrams

Med så meget usikkerhed og bekymring omkring den seneste roman coronavirus, er det nemt at føle sig hjælpeløs, men der er noget, vi alle kan gøre for at hjælpe kampen mod det. Bortset fra at holde sikker og efter retningslinjer fra medicinske eksperter, kan vi alle gøre vores del for at få hjælp til mennesker og regioner, der er blevet ramt.

Ved fundraising for coronavirus nødhjælpsindsats, eller donere til en coronavirus nødhjælpsfond, kan vi alle gøre vores del og yde hårdt tiltrængt støtte og støtte. Med det stigende antal karantæneområder har personer på disse områder brug for livsvigtig lægehjælp og daglige ting for at kunne gennemføre denne nye trussel.

At komme videre og hjælpe nu er nøglen til at sikre, at alle er forberedt på nye udviklinger. Jeger ikke vigtigt at gøre noget nejw. Bare \$ 1 eller mindre kan hjælpe os med at fortsætte vores arbejde.

Støt os gennem PayPal her:

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

Lav en donation til PayPal med scanning af QR-kode nedenfor



Første del

*Svær akut luftvejssyndrom
Coronavirus*

ALVORLIG AKUT RESPIRATORISK syndrom coronavirus (SARS-CoV eller SARS-CoV-1) er en virusstamme, virus der forårsager svær akut respiratorisk syndrom (SARS). Det er en indhyllet, positiv-sense, enkeltstrenget RNA-virus, som inficerer epitelceller i lungerne. Virussen kommer ind i værtscellen ved at binde sig til ACE2-receptoren. Det inficerer humansmennesker, flagermus, og palme civets. [6]

april 2003 udsendte Verdenssundhedsorganisationen Asia (WHO) en pressemeddelelse om, at den coronavirus, som en række laboratorier havde identificeret, var den officielle årsag til SARS. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) i USA og National Microbiology Laboratory (NML) i Canada identificeret SARS-CoV genom i april 2003. Forskere ved Erasmus University i Rotterdam, Nederlandene viste, at SARS coronavirus opfyldt Koch's postulater og dermed bekræfte det som det udløsende middel. I forsøgene udviklede makaker inficeret med virus de samme symptomer som menneskelige SARS-ofre.

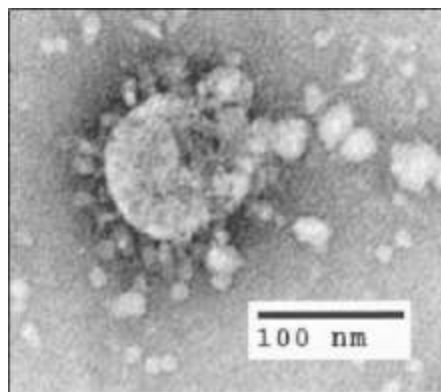
En pandemi på grund af novelcoronavirus sygdom i 2019 viste mange ligheder med SARS udbruddet, og det virale stof blev identificeret som endnu en stamme af SARS-relaterede coronavirus, SARS-CoV-2.

Sars

S

ARS, ELLER SVÆR AKUT respiratorisk syndrom, er sygdommen forårsaget af SARS-CoV. Det forårsager en ofte alvorlig sygdom og er i første omgang præget af systemiske symptomer på muskelsmerter, hovedpine og feber, efterfulgt i 2-14 dage af udbrud af luftvejssymptomer, hovedsagelig symptomer, mainly hoste, dyspnø, og lungebetændelse. Et andet almindeligt fund hos SARS-patienter er et fald i antallet af lymfocytter, der cirkulerer i blodet.

I SARS-udbruddet i 2003 døde ca. 9 % af patienterne med bekræftet SARS-CoV-infektion. Dødeligheden var meget højere for personer over 60 år, med dødeligheden nærmer sig 50% for denne delmængde af patienter.



elektronmikroskopbillede af SARS-virion

Klassificering af virus

(ikke
rangeret):

Virus

Realm:

Riboviria (Riboviria)

Phylum:

incertae sedis

Rækkefølge:

Nidovirale lægemidler

Familie:

Coronaviridae (Coronaviridae)

Slægten:

Betacoronavirus

Arter:

*Svær akut respiratorisk
syndrom-relaterede
coronavirus*

Stamme:

**Svær akut respiratorisk
syndrom coronavirus**

Synonymer

- SARS coronavirus
- SARS-relateret coronavirus
- Svær akut respiratorisk syndrom coronavirus

HISTORIE

O

N 12 APRIL 2003, FORSKERE, der arbejder på Michael Smith Genome Sciences Centre i Vancouver færdig kortlægning den genetiske sekvens af en coronavirus menes at være knyttet til SARS. Holdet blev ledet af Marco Marra og arbejdede i samarbejde med British Columbia Center for Disease Control og National Microbiology Laboratory i Winnipeg, Manitoba, ved hjælp af prøver fra inficerede patienter i Toronto. Kortet, der af WHO hyldes som et vigtigt skridt fremad i kampen mod SARS, deles med forskere over hele verden via GSC's websted (se nedenfor). Donald Low af Mount Sinai Hospital i Toronto beskrev opdagelsen som havende været gjort med "hidtil uset hastighed". Sekvensen af SARS coronavirus er siden blevet bekræftet af andre uafhængige grupper.

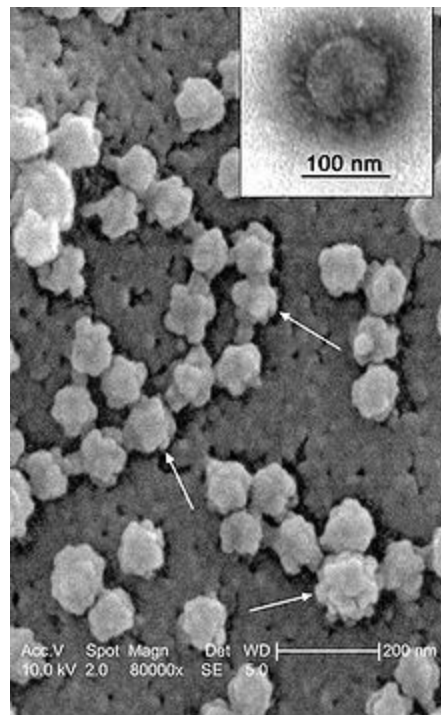
I slutningen af maj 2003, undersøgelser fra prøver af vilde dyr, der sælges som fødevarer på det lokale marked i Guangdong, Kina, fandt en stamme af SARS coronavirus kunne isoleres fra maskerede palme civets (*Paguma* sp.), men dyrene ikke altid vise kliniske tegn. Den foreløbige konklusion var SARS-virus krydsede xenografiske barriere fra palme civet til mennesker, og mere end 10.000 maskerede palme civets blev dræbt i Guangdong-provinsen. Virussen blev også senere fundet i vaskebjørn hunde (*Nyctereuteus* sp.), ilder grævlinger (*Melogale* spp.), og

indenlandske katte. I 2005, to undersøgelser identificeret en række SARS-lignende coronaviruses i kinesiske flagermus. Fylogenetisk analyse af disse vira viste en høj sandsynlighed for, at SARS coronavirus stammede fra flagermus og spredte sig til mennesker enten direkte eller gennem dyr, der holdes på kinesiske markeder. Flagermusene viste ingen synlige tegn på sygdom, men er de sandsynlige naturlige reservoirer af SARS-lignende coronaviruses. I slutningen af 2006 etablerede forskere fra det kinesiske center for sygdomskontrol og forebyggelse af Hong Kong University og Guangzhou Center for Disease Control and Prevention en genetisk forbindelse mellem SARS coronavirus, der optræder i civets og mennesker, hvilket bekræfter påstande om, at virussen var sprunget over arter.

VIROLOGY

S

ARS-CORONAVIRUS FØLGER replikation strategi typisk for coronavirus underfamilie. Den primære humane receptor af virus er angiotensin-konvertere enzym 2 (ACE2), først identificeret i 2003.



SCANNING ELECTRON MICROGRAPH af SARS virions

Anden del

*Svær akut luftvejssyndrom
Coronavirus 2*

Svær akut respiratorisk syndrom coronavirus 2 (SARS-CoV-2), daglig dag kendt som **coronavirus** og tidligere kendt under det foreløbige navn **2019 nye coronavirus (2019-nCoV)**, er en positiv sans enstrenget RNA-virus. Det forårsager coronavirus sygdom 2019 (COVID-19), en luftvejssygdom. SARS-CoV-2 er smitsom hos mennesker, og Verdenssundhedsorganisationen (WHO) har udpeget den igangværende pandemi af COVID-19 en folkesundhedskrise af international bekymring. Stammen blev først opdaget i Wuhan, Kina, så det er undertiden benævnt "Wuhan virus" eller "Wuhan coronavirus". Fordi WHO fraråder brugen af navne baseret på steder og for at undgå forveksling med sygdommen SARS, det undertiden refererer til SARS-CoV-2 som "COVID-19 virus" i den offentlige sundhed kommunikation. Den brede offentlighed ofte kalder både SARS-CoV-2 og den sygdom, det forårsager "coronavirus", men forskerne typisk bruger mere præcis terminologi.

VIROLOGY

H

Infektion

UMAN-TIL-HUMAN overførsel af SARS-CoV-2 er blevet bekræftet under coronaviruspandemien for 2019-20. Transmission sker primært via respiratoriske dråber fra hoste og nys inden for en rækkevidde på ca. 1,8 meter. Indirekte kontakt via forurenede overflader er en anden mulig årsag til infektion. Indledende forskning viser, at virus kan forblive levedygtig på plast og stål i op til tre dage, men ikke overlever på pap i mere end en dag eller på kobber i mere end fire timer; virussen er inaktiveret af sæbe, som destabiliserer sin lipid tolags. destabilises [32] Viral RNA er også blevet fundet i afføringsprøver fra smittede mennesker.

I hvor høj grad virussen er smitsom i inkubationstiden, er usikker, men forskning har vist, at svælget når peak viral belastning cirka fire dage efter infektion. februar 2020 anførte Verdenssundhedsorganisationen (WHO), at "overførsel fra asymptomatiske tilfælde sandsynligvis ikke er en væsentlig drivkraft for transmission". Men en epidemiologisk model i begyndelsen af udbruddet i Kina foreslog, at "præsymptomatisk udgydelse kan være typisk blandt dokumenterede infektioner", og at subkliniske

infektioner kan have været kilden til et flertal af infektioner.

Taksonomisk, SARS-CoV-2 er en stamme af svær akut respiratorisk syndrom-relaterede coronavirus (SARSr-CoV). Det menes at have zoonotisk oprindelse og har tæt genetisk lighed med bat coronaviruses, hvilket tyder på det fremgik af en flagermus-bårne virus. En mellemliggende dyr reservoir såsom en pangolin menes også at være involveret i dens indførelse til mennesker. Virussen viser lidt genetisk mangfoldighed, hvilket indikerer, at spillover-hændelsen, der introducerer SARS-CoV-2 til mennesker, sandsynligvis vil have fundet sted i slutningen af 2019.

Epidemiologiske undersøgelser anslår hver infektion resulterer i 1,4 til 3,9 nye, når ingen medlemmer af samfundet er immune og ingen forebyggende foranstaltninger. Virussen spredes primært mellem mennesker gennem tæt kontakt og via respiratoriske dråber fremstillet af hoste eller nys. Det kommer hovedsageligt ind i humane celler ved at binde sig til receptoren angiotensin konvertere enzym 2 (ACE2).

Reservoir

DE FØRSTE KENDTE INFEKTIONER fra SARS-CoV-2 stamme blev opdaget i Wuhan, China. The oprindelige kilde til viral transmission til mennesker er fortsat uklart, som gør, om stammen blev patogene før eller efter spillover begivenhed. Fordi mange af de første personer, der blev fundet at være smittet med virus var arbejdstagere på Huanan Seafood Market, er det blevet foreslået, at stammen kunne stamme fra markedet. Men, anden forskning viser, at besøgende kan have indført virus på markedet, som derefter lettet hurtig udvidelse af infektioner.

Forskning i den naturlige reservoir af virus stamme, der forårsagede 2002-2004 SARS udbruddet har resulteret i opdagelsen af mange SARS-lignende bat coronaviruses, mest med oprindelse i *Rhinolophus* slægten af hestesko flagermus, og to virale nukleinsyre sekvenser fundet i prøver taget fra *Rhinolophus sinicus* viser en lighed på 80% til SARS-CoV-2. En tredje viral nukleinsyre sekvens fra *Rhinolophus affinis*, indsamlet i Yunnan provinsen og udpeget RaTG13, har en 96% lighed med SARS-CoV-2. Bats betragtes som den mest sandsynlige naturlige reservoir af SARS-CoV-2, men forskellene mellem bat coronavirus og SARS-CoV-2 tyder på, at mennesker blev smittet via en mellemliggende vært.

En metagenomisk undersøgelse offentliggjort i 2019 tidligere afsløret, at SARS-CoV, stammen af virus, der forårsager SARS, var den mest udbredte coronavirus blandt

en prøve af Sunda pangolins. februar 2020 blev det annonceret, at forskere fra Guangzhou havde opdaget en pangolinprøve med en viral nukleinsyresekvens "99% identisk" med SARS-CoV-2. [51] Når de frigives, resultaterne præciseret, at "receptor-bindende domæne af S-protein af den nyopdagede Pangolin-CoV er næsten identisk med 2019-nCoV, med en aminosyre forskel." [52] Pangogolitter er beskyttet i henhold til kinesisk lovgivning, men deres krybskytteri og handel til brug i traditionel kinesisk medicin er stadig almindelig. [53][54]

Mikrobiologer og genetikere i Texas har uafhængigt fundet tegn på reassortment i coronaviruses tyder inddragelse af pangolitter i oprindelsen af SARS-CoV-2. [55] Pangolin coronaviruses, der hidtil kun har fundet 92% af hele deres genomer med SARS-CoV-2, hvilket gør dem mindre ens end RaTG13 til SARS-CoV-2. [56] Dette er utilstrækkeligt til at bevise, at pangogoiner er den mellemliggende vært; til sammenligning delte SARS-virus, der var ansvarlig for udbruddet i 2002-2004, 99,8 % af genomet med en kendt civet coronavirus.



HESTESKO FLAGERMUS er blandt de mest sandsynlige naturlige reservoirer af SARS-CoV-2

Fylogenetik og taksonomi

SARS-CoV-2 tilhører den brede familie af virus kendt som coronaviruses. Det er en positiv-sense enkelt-strandede RNA (+srna)virus. Andre coronaviruses er i stand til at forårsage sygdomme lige fra forkølelse common cold til mere alvorlige sygdomme som Mellemøsten luftvejssyndrom (MERS). Det er den syvende kendte coronavirus at inficere mennesker, efter 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, og den oprindelige SARS-CoV. [57]

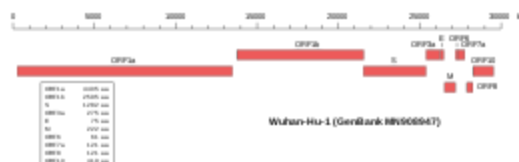
Ligesom sars-relaterede coronavirus stamme impliceret i 2003 SARS udbruddet, SARS-CoV-2 er medlem af subgenus *Sarbecovirus* (beta-CoV afstamning B). [58][59] Dens RNA-sekvens er ca. 30.000 baser i længden. SARS-CoV-2 er unik blandt kendte betacoronavirus i dets inkorporering af et polybasic spaltningssted, en egenskab, der er kendt for at øge patogenicitet og overførbarehed i andre vira. [60] [61]

Med et tilstrækkeligt antal sekvenserede genomerer det muligt at rekonstruere et fylogenetisk træ af mutationshistorien for en virusfamilie. januar 2020 var fem genomer af SARS-CoV-2 blevet isoleret fra Wuhan og rapporteret af det kinesiske Center for Disease Control and Prevention (CCDC) og andre institutioner; [62]

antallet af genomer steg til 42 i 2020. [63] En fylogenetisk analyse af disse prøver viste, at de var "meget beslægtede med højst syv mutationer i forhold til en fælles

forfader", hvilket antyder, at den første infektion hos mennesker fandt sted i november eller december 2019. marts 2020 var 1.495 SARS-CoV-2-genomer, der blev udtaget prøver af på seks kontinenter, offentligt tilgængelige. [64]

februar 2020 meddelte Den Internationale Komité for Taksonomi af Vira (ICTV), at ifølge de eksisterende regler, der beregner hierarkiske relationer mellem coronaviruses på grundlag af fem bevarede sekvenser af nukleinsyrer, varforskellene mellem det, der dengang blev kaldt 2019-nCoV, og virusstammen fra SARS-udbruddet i 2003 utilstrækkelige til at gøre dem til separate virusarter. Derfor identificerede de 2019-nCoV som en stamme af *svær akut respiratorisk syndrom-relateret coronavirus*.. [2]



Genomisk organisering af isolerewuhan-Hu-1, den tidligste sekvenserede prøve af SARS-CoV-2

NCBI-genom-id

MN908947

Genomstørrelse

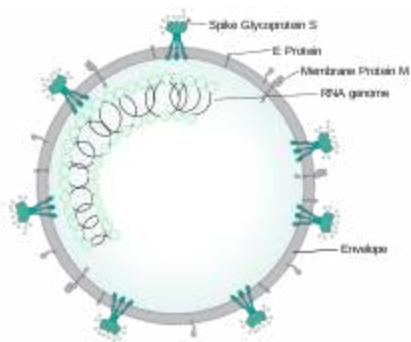
29.903 baser

Afslutningsår

2020

STRUKTUREL BIOLOGI

Hver SARS-CoV-2 virion er ca. 50-200 nanometer i diameter. Ligesom andre coronaviruses har SARS-CoV-2 fire strukturelle proteiner, kendt som S (spike), E (kuvert), M (membran) og N (nukleocapsid)proteiner; N-proteinet holder RNA-genomet, og S-, E- og M-proteinerne skaber sammen den virale kuvert..^[65] Spike-proteinet, som er blevet afbildet på atomniveau ved hjælp af kryogen elektronmikroskopi,^{[66][67]} er det protein, der er ansvarligt for at lade virussen binde sig til og smelte med membranen i membrane en værtscelle.



STRUKTUREN AF EN SARS-CoV virion