



CORONAVIRUS

DIE ONSIGBARE

MOORDENAAR

JOHN ABRAMS

Inhoudsopgawe

[CORONAVIRUS \(Die onsigbare moordenaar\).](#)

[Toets metodes](#)

[Benaderings tot toetsing](#)

[Produksie en volume](#)

[Akkuraatheid](#)

[Doeltreffendheid](#)

[Bevestigings-toetsing](#)

[Toets statistieke per land](#)

[Beplanning en risiko-assessering](#)

[Risiko beheer](#)

[Prognose](#)

[Swendelary](#)

[Diverse](#)

[Proses](#)

[Tekens en simptome](#)

[Veroorsaak](#)

[Diagnose](#)

Stappe om te help voorkom die verspreiding van COVID-19
as jy siek is

Inhoud

INHOUD1

Klap een5

SARS7

Geskiedenis 9

Virologie10

Klop twee11

Virologie13

Epidemiologie19

Deel drie20

Signs and Symptoms23

Cagebruik25

Transmissie25

Virologie26

Patofysiologie27

Immunopatologie27

Diagnose28

Opsporing van die virus met behulp van PCR toetse33

Opsporing van die virus met behulp van nie-PCR toetse35

Bors CT skanderings en radiografieke35

[Opsporing van teenliggaampies36](#)

[Italië39](#)

[Singapoer39](#)

[Ander39](#)

[Patologie46](#)

Voorkoming47

[Werkplek gevaar beheer vir COVID-1949](#)

[Alle werkplekke51](#)

[Medium-risiko werkplekke51](#)

[Hoë-risiko gesondheidsorg en moraris werkplekke53](#)

Bestuur55

[Medikasie56](#)

[Persoonlike beskermende toerusting56](#)

[Meganiese ventilasie56](#)

[Akute respiratoriese nood sindroom57](#)

[Eksperimentele behandeling58](#)

[Inligtingstegnologie58](#)

[Sielkundige ondersteuning58](#)

Deel vier63

**Voorkoming en bestuur van geestesgesondheid
toestande65**

[Herinfeksie68](#)

Geskiedenis69

Epidemiologie69

Samelewing en kultuur72

[AMERIKAANSE biologiese wapen75](#)

[Anti-Moslem77](#)

[Antisemitiese77](#)

[Spioen operasie78](#)

[Bevolkingskontrole skema78](#)

Statistiek79

Mediese81

Regering86

[Bat sop92](#)

[Simpsons *voorspelling*92](#)

[Corona Beer misassociation92](#)

[Hospitaaltoestande92](#)

[Terugkeer van wildlewe92](#)

[Leeus word bevry op die strate93](#)

Navorsing94

[Dwelmontwerp en laboratorium toets98](#)

Terapeutiese kandidate101

[Mislukte kliniese studies104](#)

Strategieë105

Inisiatiewe vir kliniese proewe106

Deel vyf 108

[Entstof109](#)

Vorige Corona entstof pogings110

Post-infeksie behandelings113

COVID-19 Drug heroorwegend navorsing115

Chloroquine115

Anti-sitokoeie storm119

Passiewe teenliggaamapie120

Deel ses121

Epidemiologie123

Gevalle131

Sterftes132

Diagramme133

Duur137

Oordrag138

Virologie139

Virale toetsing139

Beelding140

Bestuur145

Internasionale response156

Impak161

Werk saam169

Kopieregbladsy

Terwyl elke voorsorgmaatreël in die voorbereiding van hierdie boek geneem is, aanvaar die uitgewer geen verantwoordelikheid vir foute of weglatings nie, of vir skadevergoeding as gevolg van die gebruik van die inligting hierin vervat nie.

CORONA (DIE ONSIGBARE MOORDENAAR)

Eerste uitgawe. April 15, 2020.

Kopiereg © 2020 Libera Publishing.

Geskryf deur John Abrams.

Coronavirus

Die onsigbare moordenaar

John Abrams

MET SOVEEL ONSEKERHEID en besorgdheid rondom die onlangse roman Corona, is dit maklik om hulpeloos te voel – maar daar is iets wat ons almal kan doen om die stryd daarteen te help. Afgesien van die behoud van veilige en volgende riglyne van mediese kundiges, ons kan almal ons deel doen om hulp te kry om mense en streke wat geraak is.

Deur fondsinsameling vir Corona verligting pogings, of skenk aan 'n Corona verligting fonds, ons kan almal ons deel doen en verskaf broodnodige ondersteuning en hulp. Met die toenemende aantal Gekwarantende gebiede het individue in hierdie areas noodsaaklik mediese hulp en dag-tot-dag-items om deur hierdie nuwe bedreiging te trek.

Om voort te gaan en te help, is die sleutel om seker te maak almal is voorbereid vir nuwe ontwikkelinge. Ekis belangrik om iets te doen niew. Net \$1 of minder kan ons help om ons werk voort te sit.

Ondersteun ons deur PayPal hier:

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

Maak 'n skenking aan PayPal met
skandering van QR-kode hieronder



Deel een

*Ernstige akute respiratoire
sindroom Corona*

Ernstige akute respiratoriese sindroom Corona

(**SARS-in** of **SARS-in-1**) is 'n stam van virus wat ernstige akute respiratoriese sindroom (SARS) veroorsaak. Dit is 'n omhul, positiewe sin, enkel-gestrand RNA virus wat die epiteelselle binne die longe besmet. Die virus gaan die gasheer sel deur binding aan die ACE2 reseptor. Dit besmet mense, vlermuise, en palm civeeartse. [6]

Op 16 April 2003, na aanleiding van die uitbreek van SARS in Asië en sekondêre gevalle elders in die wêreld, het die Wêreldgesondheidsorganisasie (WGO) 'n persverklaring uitgereik wat verklaar dat die CORONA wat deur 'n aantal laboratoriums geïdentifiseer is, die amptelike oorsaak van SARS was. Die sentrums vir siektebeheer en-voorkoming (CDC) in die Verenigde State en die Nasionale Mikrobiologie laboratorium (NML) in Kanada het die SAID-in- genoom in April 2003 geïdentifiseer. WETENSKAPLIKES aan Erasmus Universiteit in Rotterdam, Nederland het getoon dat die SAID Corona vervul Koch se postulate daardeur bevestig dit as die veroorsakende agent. In die eksperimente, macaques besmet met die virus ontwikkel dieselfde simptome as menslike SARS slagoffers.

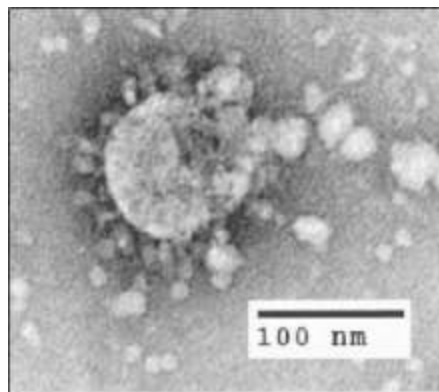
'N pandemie as gevolg van 'n Coronavirale siekte in 2019 het baie ooreenkomste met die SARS-uitbreking getoon, en die virale agent is nog geïdentifiseer as nog 'n stam van die SARS-verwante Corona, SARS-in-2.

Sars

S

ARS, OF ERNSTIGE AKUTE respiratoriese sindroom, is die siekte wat veroorsaak word deur SARS-in. Dit veroorsaak 'n dikwels ernstige siekte en is aanvanklik gekenmerk deur sistemiese simptome van spierpyn, hoofpyn, en koors, gevolg in 2-14 dae deur die aanvang van respiratoriese simptome, hoofsaaklik hoes, dispnea, en longontsteking. Nog 'n algemene bevinding in SARS-pasiënte is 'n afname in die aantal limfosiete wat in die bloed sirkuleer.

In die SAID-uitbreek van 2003 het sowat 9% van pasiënte met bevestigde SARS-in infeksie gesterf. Die sterftesyfer was veel hoër vir die meer as 60 jaar oud, met sterftesyfer wat 50% nader vir hierdie substel van pasiënte.



elektronmikroskoop beeld van SARS virion

Virus klassifikasie

(ongegeranskik): Virus

Realm: *Riboviria*

Filum *incertae sedis*

Bestelling: *Nidovirales*

Familie: *Coronaviridae*

Genus: *Betacoronavirus*

Spesies: *Ernstige* *akute*
respiratoriese sindroom-
verwante Corona

Stam: **Ernstige** **akute**
respiratoriese
sindroom Corona

Sinonieme

- SARS Corona
- SARS-verwante Corona
- Ernstige akute respiratoriese sindroom Corona

GESKIEDENIS

O

ON 12 APRIL 2003, WETENSKAPLIKES werksaam by die Michael Smith genoom Wetenskappe sentrum in Vancouver klaar kartering die genetiese volgorde van 'n CORONA geglo om gekoppel te wees aan SARS. Die span is gelei deur Marco marra en het gewerk in samewerking met die Britse Columbia Sentrum vir siektebeheer en die Nasionale Mikrobiologie laboratorium in winnipeg, manitoba, met behulp van monsters van besmette pasiënte in Toronto. Die kaart, begroet deur die WGO as 'n belangrike stap vorentoe in die veg van SARS, word gedeel met wetenskaplikes wêreldwyd via die GSC webwerf (sien onder). Donald low van Mount Sinai hospitaal in Toronto beskryf die ontdekking as gemaak met "ongekende spoed". Die volgorde van die SARS Corona is sedertdien deur ander onafhanklike groepe bevestig.

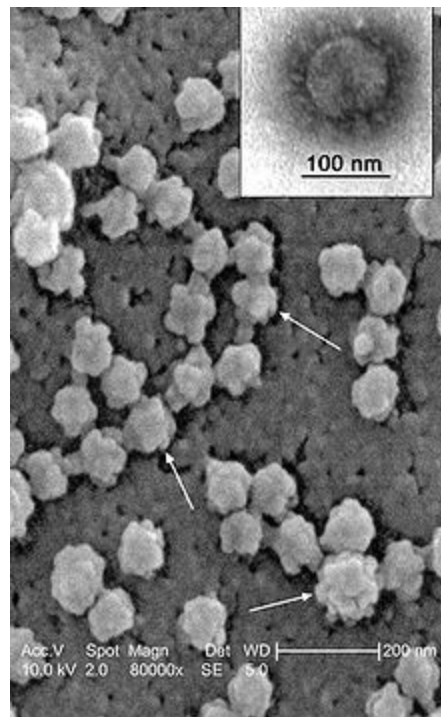
In die laat Mei 2003, studies van monsters van wilde diere verkoop as voedsel in die plaaslike mark in KwaZulu-Natal, China, gevind dat 'n stam van SARS Corona kan geïsoleer word van gemaskeerde palm civeeartse (*paguma* SP), maar die diere het nie altyd toon kliniese tekens. Die voorlopige gevolgtrekking was die SARS virus gekruis die xenografiese versperring van palm civet aan die mens, en meer as 10 000 gemaskeerde palm civeeartse is vermoor in KwaZulu-Natal Provinsie. Die virus is ook later gevind in Raccoon honde (*nyctereuteus* SP), krimpvarkie robbevelle (*melogale* spp.), en binnelandse katte. In 2005

het twee studies 'n aantal SARS-agtige koronaviruses in Chinese vlermuisegeïdentifiseer. Phylogenetiese analise van hierdie virusse dui op 'n hoë waarskynlikheid dat die SAID Corona in vlermuise ontstaan het en versprei het aan mense hetsy direk of deur diere wat in Chinese markte gehou word. Die vlermuise het nie enige sigbare tekens van die siekte toon nie, maar is die waarskynlike natuurlike reservoires van SARS-agtige koronaviruses. In die laat 2006, wetenskaplikes van die Chinese Sentrum vir siektebeheer en voorkoming van Hong Kong Universiteit en die Guangzhou Sentrum vir siektebeheer en voorkoming het 'n genetiese skakel tussen die SARS Corona verskyn in civeeartse en mense, bevestig eise dat die virus het gespring oor spesies.

Virologie

S

ARS-CORONA VOLG DIE replikasie strategie tipies van die Corona subfamilie. Die primêre menslike reseptor van die virus is angiotensien-omskakeling ensiem 2 (ACE2), eerste geïdentifiseer in 2003.



SKANDERING ELEKTRONMICROGRAAF van SARS virions

Deel twee

*Ernstige akute respiratoire
sindroom Corona 2*

Ernstige akute respiratoriese sindroom Corona 2

(**SARS-in-2**), algemeen bekend as die **Corona** en voorheen bekend deur die voorlopige naam **2019 roman Corona (2019-nCoV)**, is 'n positiewe sin enkel-gestrand RNA virus. Dit veroorsaak corona Disease 2019 (covid-19), 'n respiratoriese siekte. SARS-in-2 is aansteeklik in die mens, en die Wêreldgesondheidsorganisasie (WGO) het die deurlopende pandemie van covid-19 'n openbare gesondheidsnoodgeval van internasionale kommeraangewys. Die stam is die eerste keer ontdek in Wuhan, China, so dit word soms na verwys as die "Wuhan virus" of "Wuhan Corona". Omdat die wat die gebruik van name ontmoedig gebaseer op lokatte sand om verwarring met die siekte SARS te vermy SARS, dit verwys soms na SARS-in-2 as "die covid-19 virus" in openbare gesondheid kommunikasie. Die algemene publiek noem dikwels beide SARS-in-2 en die siekte wat dit veroorsaak "Corona", maar wetenskaplikes gebruik tipies meer akkurate terminologie.

Virologie

H

Infeksie

UMAN-TOT-MENSLIKE oordrag van SARS-in-2 is tydens die 2019-20 Corona pandemiebevestig. Transmissie vind hoofsaaklik via respiratoriese druppels uit coughmunisipaliteite en nies binne 'n reeks van ongeveer 1,8 meter (6 voet). Indirekte kontak via besmette oppervlakke is nog 'n moontlike oorsaak van infeksie. Voorlopige navorsing dui daarop dat die virus lewensvatbaar kan bly op plastiek en staal vir tot drie dae, maar nie op karton oorleef vir meer as een dag of op koper vir meer as vier ure; die virus is geaktiveer deur seep, wat sy lipied bilayer destabiliseer. [32] virale RNA is ook gevind in stoel monsters van besmette mense.

Die mate waartoe die virus aansteeklik is gedurende die inkubasisperiode, is onseker, maar navorsing het aangedui dat die farynx die piek virale lading ongeveer vier dae na infeksie bereik. Op 1 Februarie 2020 het die Wêreldgesondheidsorganisasie (WGO) aangedui dat "transmissie van asimptomatiesse gevalle waarskynlik nie 'n groot drywer van oordrag is nie". Egter, 'n epidemiologiese model van die begin van die uitbreek in China het voorgestel dat "pre-simptomatiesse beurtkrag kan tipies

onder gedokumenteerd infeksies wees" en dat subkliniese infeksies kan die bron van 'n meerderheid van infeksies gewees het.

Taksonies, SARS-in-2 is 'n stam van *ernstige akute respiratoriese sindroom-verwante Corona* (sarsr-in). Daar word geglo dat zoonotiese oorsprong het en sluit genetiese ooreenkoms met bat coronaviruses, wat daarop dui dat dit uit 'n bat-borne virusgekom het. [1] 'n intermediêre dierereservoir soos 'n ietermagog is ook vermoedelik betrokke by sy Inleiding tot die mens. Die virus toon min genetiese diversiteit, wat aandui dat die spilliefhebber geleentheid bekendstelling van SARS-in-2 aan die mens sal waarskynlik plaasgevind het in die laat 2019.

Epidemiologiese studies beraam elke infeksie resultate in 1,4 te 3,9 nuwe mense wanneer geen lede van die gemeenskap is immuun en geen voorkomende maatreëls geneem. Die virus is hoofsaaklik versprei tussen mense deur middel van naby kontak en via respiratoriese druppels afkomstig van hoes of nies. Dit gaan hoofsaaklik uit menslike selle deur binding aan die reseptor angiotensien omskakeling ensiem 2 (ACE2).

Reservoir

DIE EERSTE BEKENDE infeksies van die SAID-in-2-stam is in Wuhan, China, ontdek. die oorspronklike bron van virale oordrag aan die mens bly onduidelik, want of die stam patogeniese geword het pathogenic voor of na die spilliefhebber gebeurtenis. Omdat baie van die eerste individue wat gevind word om besmet te word deur die virus was werkers by die Huanan seekos mark, dit is voorgestel dat die stam kan ontstaan het uit die mark. Ander navorsing dui egter daarop dat besoekers die virus aan die mark kon bekend gemaak het, wat dan 'n vinnige uitbreiding van die infeksies gefasiliteer het.

Navorsing oor die natuurlike reservoir van die virus stam wat die 2002 veroorsaak-2004 die uitbreek het gelei tot die ontdekking van baie SARS-agtige bat coronaviruses, die meeste oorsprong in die *Rhinolophus* genus van perdeskoen vlermuise, en twee virale nukleolus suur rye gevind in monsters geneem uit *Rhinolophus sinicus* toon 'n ooreenkoms van 80% aan SARS-in-2. 'n derde virale nucleïïensuur volgorde van *Rhinolophus kleintuna*, versamel in Yunnan Provinsie en aangewys RaTG13, het 'n 96% ooreenkoms met SARS-in-2. vlermuise word beskou as die mees waarskynlike natuurlike reservoir van SARS-in-2, maar verskille tussen die vlermuis Corona en SARS-in-2 stel voor dat mense besmet is via 'n intermediêre gasheer.

A metagenomiese studie gepubliseer in 2019 voorheen aan die lig gebring dat SARS-in, die stam van die virus wat SARSveroorsoek, was die mees verspreide Corona onder 'n monster van sunda pangolins. [50] op 7 Februarie 2020

is aangekondig dat navorsers van Guangzhou 'n ietermagog monster ontdek het met 'n virale nucleïïensuur-reeks "99% identies" aan SARS-in-2. [51] toe vrygelaat, die resultate verduidelik dat "die reseptor-bindende domein van die S proteïen van die nuutontdekte pangolin-in is feitlik identies aan dié van 2019-nCoV, met een aminosuur verskil." [52] pangolins is beskerm onder Chinese Wet, maar hul stropery en handel vir gebruik in tradisionele Chinese medisyne bly algemeen. [53] [54]

Mikrobioloë en genetici in Texas het onafhanklik bewyse gevind van die herliortment in coronaviruses wat dui op die betrokkenheid van PANGOLINS in die oorsprong van SARS-in-2. [55] maar ietermagog coronaviruses het tot op datum slegs in die meeste 92% van hul hele genomes met die SAID-in-2, wat hulle minder soortgelyke as RaTG13 aan SARS-in-2, gemaak het. [56] dit is onvoldoende om te bewys dat pangolins die intermediêre gasheer is; in VERGELYKING, die SARS virus verantwoordelik vir die 2002-2004 uitbreek gedeel 99,8% van sy genoom met 'n bekende civet Corona.



PERDESKOEN VLERMUISE is onder die mees waarskynlike
natuurlike reservoirs van SARS-in-2

Phylogenetika en taksonomie

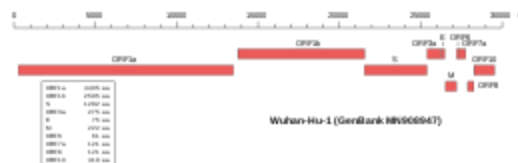
SARS-in-2 behoort aan die breë familie van virusse bekend as coronaviruses. Dit is 'n positiewe-sin enkel-gestrand RNA (+ssrna) virus. Ander coronaviruses in staat is om veroorsaak siektes wat wissel van die gewone verkoue tot meer ernstige siektes soos Midde-Ooste respiratoriese sindroom (MERS). Dit is die sewende bekende Corona om mense te besmet, na 229e, NL63, OC43, HKU1, MERS-in, en die oorspronklike SARS-in. [57]

Soos die SARS-verwante Corona spanning wat betrokke is in die 2003 SARS-uitbreking, is SARS-in-2 'n lid van die subgenus *sarbecovirus* (beta-in geslagb). [58] [59] sy RNA - reeks is ongeveer 30 000 basisse in lengte. SARS-in-2 is uniek onder bekende betakels, in sy inlywing van 'n polybasiese Cleavage-webwerf, 'n eienskap wat bekend patogenisiteit en oordraagbaarheid in ander virusse verhoog word. [60] [61]

Met 'n voldoende aantal opeenvolgende genomes, is dit moontlik om 'n phylogenetiese boom van die mutasie geskiedenis van 'n familie van virusse te herkonstrueer. Teen 12 Januarie 2020 is vyf genomes van SARS-in-2 van Wuhan geïsoleer en deur die Chinese Sentrum vir siektebeheer en voorkoming (ccdc) en ander instellings gerapporteer; [62] die getal genomes het teen 30 Januarie 2020 tot 42 gestyg. [63] 'n phylogenetiese analise van daardie monsters het gewys dat hulle "hoogs verwant is aan die meeste sewe mutasies relatief tot 'n algemene voorouer", wat impliseer dat die

eerste menslike infeksie in November of Desember 2019 plaasgevind het. [63] vanaf 27 maart 2020, 1 495 SARS-in-2 genomes is op ses kontinente beskikbaar gestel. [64]

Op 11 Februarie 2020 het die internasionale komitee oor taksonomie van virusse (ictv) aangekondig dat volgens bestaande reëls wat hiërargiese verhoudings onder coronaviruses bereken op grond van vyf behoue rye nukleolus sure, die verskille tussen wat dan 2019-nCoV genoem word en die virus- stam van die 2003 SARS-uitbreking was onvoldoende om hulle te laat skei virale spesies. Daarom, hulle geïdentifiseer 2019-nCoV as 'n stam van *ernstige akute respiratoriese sindroom-verwante Corona*. [2]



Genomiese organisasie van isoleer Wuhan-hu-1, die vroegste opeenvolg monster van SARS-in-2

NCBI GENOOM ID

MN908947

Genoom grootte

29 903 basisse

Jaar van voltooiing

2020