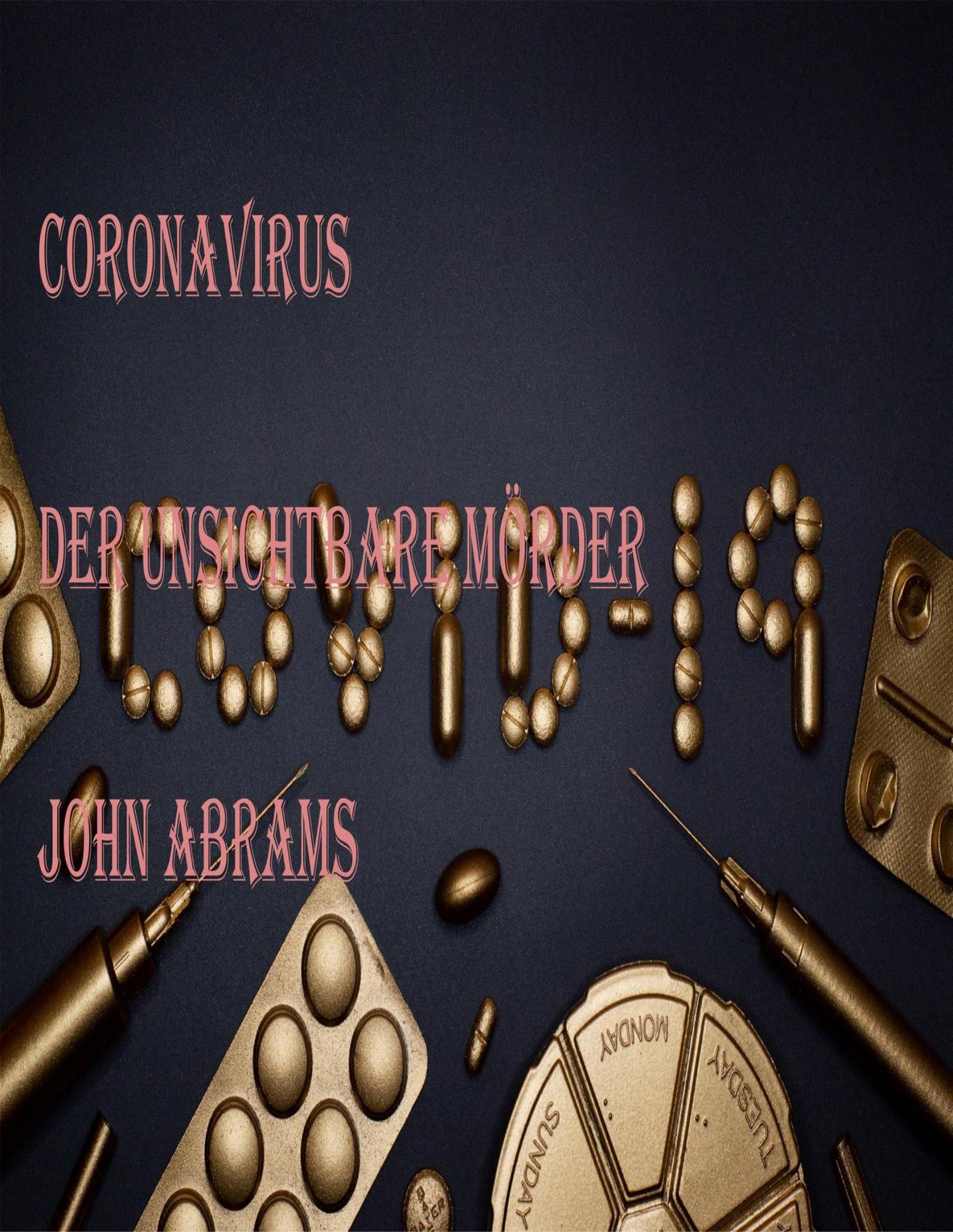


CORONAVIRUS

DER UNSICHTBARE MÖRDER

JOHN ABRAMS



# Inhaltsverzeichnis

[Coronavirus Der unsichtbare Killer](#)

[Testmethoden](#)

[Ansätze zum Testen](#)

[Produktion und Volumen](#)

[Genauigkeit](#)

[Wirksamkeit](#)

[Bestätigungstests](#)

[Testen von Statistiken nach Ländern](#)

[Planung und Risikobewertung](#)

[Gefahrenkontrollen](#)

[Prognose](#)

[Betrug](#)

[Sonstige](#)

[Prozess](#)

[Anzeichen und Symptome](#)

[Ursache](#)

[Diagnose](#)

Maßnahmen, um die Ausbreitung von COVID-19 zu verhindern, wenn Sie krank sind

# Inhalt

## INHALT1

### Teil One5

SARS7

History9

Virologie10

### Teil 211

Virologie13

Epidemiologie19

### Teil 320

Signs und SYmptoms23

Auseuse25

Getriebe25

Virologie26

### **Pathophysiologie27**

Immunpathologie27

### **Diagnose28**

Erkennung von Viren mit PCR-Tests33

Erkennung von Viren mit Nicht-PCR-Tests35

Brust CT Scans und Röntgenaufnahmen35

[Nachweis von Antikörpern36](#)

[Italien39](#)

[Singapur39](#)

[Sonstige39](#)

[Pathologie46](#)

## **Prävention47**

[Gefährdungskontrolle am Arbeitsplatz für COVID-1949](#)

[Alle Arbeitsplätze51](#)

[Arbeitsplätze mit mittlerem Risiko51](#)

[Hochrisiko-Gesundheits- und Leichenhallenarbeitsplätze53](#)

## **Verwaltung55**

[Medikamente56](#)

[Persönliche Schutzausrüstung56](#)

[Mechanische Belüftung56](#)

[Akutes Atemnotsyndrom57](#)

[Experimentelle Behandlung58](#)

[Informationstechnologie58](#)

[Psychologische Betreuung58](#)

[Teil Funsere63](#)

**Prävention und Behandlung psychischer  
Erkrankungen65**

[Wiederinfektion68](#)

**Geschichte69**

**Epidemiologie69**

## **Gesellschaft und Kultur72**

[US-biologische Waffe75](#)

[Antimuslim77](#)

[Antisemitisch77](#)

[Spionageoperation78](#)

[Bevölkerungskontrollsystem78](#)

## **Statistik79**

## **Medizinische81**

## **Regierung86**

[Fledermaussuppe92](#)

[\*Simpsons Vorhersage92\*](#)

[Corona Bier Fehlzuordnung92](#)

[Krankenhausbedingungen92](#)

[Rückkehr der Tierwelt92](#)

[Löwen auf den Straßen befreit93](#)

## **Forschung94**

[Arzneimitteldesign und Labortests98](#)

## **Therapeutische Kandidaten101**

[Gescheiterte klinische Studien104](#)

## **Strategien105**

## **Initiativen für klinische Studien106**

## **Teil Five108**

[Impfstoff109](#)

## **Vorherige Coronavirus-Impfstoffbemühungen110**

Nach-Infektionsbehandlungen113

COVID-19 Arzneimittelrepartheronforschung115

Chloroquin115

Antizytokinsturm119

Passive Antikörpertherapie120

Teil 6121

## **Epidemiologie123**

Rechtssachen131

Nekrolog132

Diagramme133

Dauer137

Getriebe138

Virologie139

Virale Tests139

Bildgebung140

## **Verwaltung145**

## **Internationale Antworten156**

## **Wirkung161**

Zusammenarbeit169

## Copyright-Seite

Während bei der Erstellung dieses Buches alle Vorkehrungen getroffen wurden, übernimmt der Herausgeber keine Verantwortung für Fehler oder Auslassungen oder für Schäden, die sich aus der Nutzung der hierin enthaltenen Informationen ergeben.

CORONAVIRUS (DER UNSICHTBARE KILLER)

**Erste Ausgabe. 15. April 2020.**

Copyright © 2020 Libera Publishing.

Geschrieben von John Abrams.

Coronavirus

*Der unsichtbare Mörder*

John Abrams

Bei so viel Unsicherheit und Sorge um das neuartige Coronavirus ist es leicht, sich hilflos zu fühlen – aber es gibt etwas, was wir alle tun können, um den Kampf dagegen zu unterstützen. Abgesehen von der Sicherheit und den Richtlinien von medizinischen Experten können wir alle unseren Teil dazubearbeiten, Hilfe für die betroffenen Menschen und Regionen zu erhalten.

Durch Spenden für die Befreiung von Coronaviren oder spenden wir an einen Coronavirus-Hilfsfonds, können wir alle unseren Teil dazu beitragen und dringend benötigte Unterstützung und Hilfe leisten. Angesichts der wachsenden Zahl von isolierten Gebieten benötigen Einzelpersonen in diesen Gebieten lebenswichtige medizinische Hilfe und alltägliche Gegenstände, um diese neue Bedrohung zu bewältigen.

Es ist der Schlüssel, um sicherzustellen, dass alle auf neue Entwicklungen vorbereitet sind. Ich bin nicht wichtig, etwas zu tun, das nichtw. Nur 1 Dollar oder weniger können uns helfen, unsere Arbeit fortzusetzen.

Unterstützen Sie uns über PayPal hier:

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

---

Machen Sie eine Spende zu PayPal mit Scannen von QR-Code unten

---



Teil eins

*Schweres akutes Atemwegssyndrom  
Coronavirus*

## **DAS SCHWERE AKUTE RESPIRATORISCHES SYNDROM**

**Coronavirus(SARS-CoV** oder **SARS-CoV-1)** ist ein Virusstamm, der ein schweres akutes Atemwegssyndrom (SARS) verursacht. Es ist ein umhülltes, positiv-sinnliches, einsträngiges RNA-Virus, das die Epithelzellen in der Lunge infiziert. Das Virus gelangt durch Bindung an den ACE2-Rezeptor in die Wirtszelle. Es infiziert Menschen, Fledermäuse und Palmzivets.. [6]

Am 16. April 2003 veröffentlichte die Weltgesundheitsorganisation (WHO) nach dem Ausbruch von SARS in Asien und Sekundärfällen in anderen Teilen der Welt eine Pressemitteilung, in der sie erklärte, dass das von einer Reihe von Laboratorien identifizierte Coronavirus die offizielle Ursache von SARS sei. Die Centers for Disease Control and Prevention (CDC) in den Vereinigten Staaten und das National Microbiology Laboratory (NML) in Kanada identifizierten im April 2003 das SARS-CoV-Genom. Wissenschaftler der Erasmus-Universität in Rotterdam, Niederlande zeigten, dass das SARS-Coronavirus Kochs Postulate erfüllte und es damit als Erreger bestätigte. In den Experimenten entwickelten mit dem Virus infizierte Makaken die gleichen Symptome wie menschliche SARS-Opfer.

Eine Pandemie aufgrund einer neuartigen Coronavirus-Krankheit im Jahr 2019 zeigte viele Ähnlichkeiten mit dem SARS-Ausbruch, und der Virusagent wurde als ein weiterer Stamm des SARS-bezogenen Coronavirus SARS-CoV-2 identifiziert.

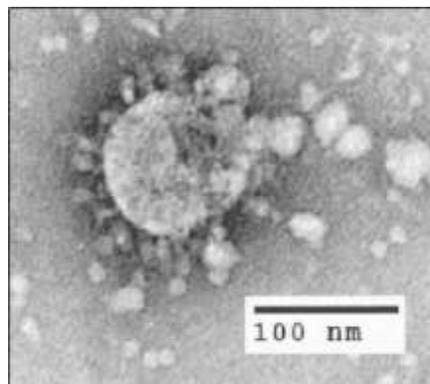
# Sars

## S

---

ARS, ODER SCHWERES akutes Atemwegssyndrom, ist die Krankheit, die durch SARS-CoV verursacht wird. Es verursacht eine oft schwere Krankheit und ist zunächst durch systemische Symptome von Muskelschmerzen, Kopfschmerzen und Fieber gekennzeichnet, gefolgt in 2-14 Tagen durch das Auftreten von Atemwegssymptomen, vor allem Husten, Dyspnoe und Lungenentzündung. Ein weiterer häufiger Befund bei SARS-Patienten ist eine Abnahme der Anzahl der im Blut zirkulierenden Lymphozyten.

Beim SARS-Ausbruch 2003 starben etwa 9 % der Patienten mit bestätigter SARS-CoV-Infektion. Die Sterblichkeitsrate war bei den über 60-jährigen viel höher, wobei die Sterblichkeitsrate bei dieser Gruppe von Patienten bei 50 % lag.



## Elektronenmikroskopbild von SARS virion

### Virusklassifizierung

(unrangig):	<u>Virus</u>
<i>Reich:</i>	<u><i>Riboviria</i></u>
Stamm:	<u><i>incertae sedis</i></u>
Bestellung:	<u><i>Nidovirale</i></u>
Familie:	<u><i>Coronaviridae</i></u>
Gattung:	<u><i>Betacoronavirus</i></u>
Spezies:	<u><i>Schweres</i></u> _____ <u><i>akutes</i></u> <u><i>respiratoratorissyndrombedingtes</i></u> <u><i>Coronavirus</i></u>
Belastung:	<b>Schweres</b> <b>akutes</b> <b>Atemwegssyndrom</b> <b>Coronavirus</b>

### Synonyme

- SARS-Coronavirus
- SARS-bezogenes Coronavirus

- Schweres akutes Atemwegssyndrom Coronavirus

# GESCHICHTE

## O

---

Am 12. APRIL 2003 BEENDETEN Wissenschaftler am Michael Smith Genome Sciences Centre in Vancouver die Kartierung der genetischen Sequenz eines Coronavirus, von dem angenommen wird, dass es mit SARS in Verbindung steht. Das Team wurde von Marco Marra geleitet und arbeitete in Zusammenarbeit mit dem British Columbia Centre for Disease Control und dem National Microbiology Laboratory in Winnipeg, Manitoba, mit Proben von infizierten Patienten in Toronto. Die Karte, die von der WHO als wichtiger Schritt nach vorn im Kampf gegen SARS gepriesen wird, wird über die GSC-Website mit Wissenschaftlern weltweit geteilt (siehe unten). Donald Low vom Mount Sinai Hospital in Toronto beschrieb die Entdeckung als "beispiellose Geschwindigkeit". Die Sequenz des SARS-Coronavirus wurde seitdem von anderen unabhängigen Gruppen bestätigt.

Ende Mai 2003 fanden Studien von Proben von Wildtieren, die als Nahrung auf dem lokalen Markt in Guangdong, China, verkauft wurden, heraus, dass ein Stamm des SARS-Coronavirus aus maskierten Palmzivets (*Paguma sp.*) isoliert werden konnte, aber die Tiere zeigten nicht immer klinische Anzeichen. Die vorläufige Schlussfolgerung war, dass das SARS-Virus die xenografische Barriere von Palmzivet zum Menschen überquerte und mehr als

10.000 maskierte Palmzivets in der Provinz Guangdong getötet wurden. Das Virus wurde später auch bei Waschbärhunden (*Nyctereuteus* sp.), Frettchendschwegern (*Melogale* spp.) und Hauskatzen gefunden. Im Jahr 2005 identifizierten zwei Studien eine Reihe von SARS-ähnlichen Coronaviren bei chinesischen Fledermäusen. Die phylogenetische Analyse dieser Viren deutete auf eine hohe Wahrscheinlichkeit hin, dass das SARS-Coronavirus von Fledermäusen stammt und sich entweder direkt oder durch Tiere auf chinesischen Märkten auf den Menschen ausbreitet. Die Fledermäuse zeigten keine sichtbaren Anzeichen von Krankheit, aber sind die wahrscheinlichen natürlichen Reservoirs von SARS-ähnlichen Coronaviren. Ende 2006 stellten Wissenschaftler des Chinesischen Zentrums für die Kontrolle und Prävention von Krankheiten der Universität Hongkong und des Guangzhou Centre for Disease Control and Prevention eine genetische Verbindung zwischen dem SARS-Coronavirus bei Zivetten und Menschen her und bestätigten Behauptungen, dass das Virus über Arten gesprungen sei.

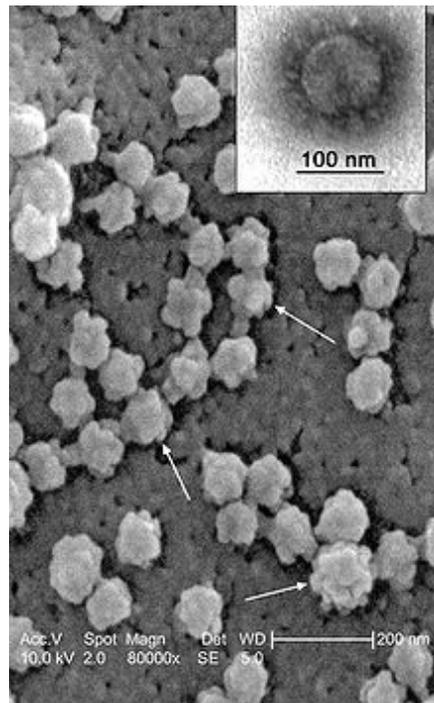
# Virologie

## S

---

ARS-CORONAVIRUS FOLGT der für coronavirus die Coronavirus-Unterfamilie typischen Replikationsstrategie. Der primäre menschliche Rezeptor des Virus ist das Angiotensin-convertierende Enzym 2 (ACE2), das erstmals 2003 identifiziert wurde.

---



RASTERELEKTRONENMIKROSKOPIE von SARS-Virionen

Teil ZWEI

*Schweres akutes Atemwegssyndrom  
Coronavirus 2*

**Schweres akutes Atemwegssyndrom Coronavirus 2 (SARS-CoV-2)**, umgangssprachlich als **Coronavirus** bekannt und zuvor unter dem vorläufigen Namen **2019-nCoV** bekannt, ist ein positiv-sinnliches einsträngiges RNA-Virus. Es verursacht Coronavirus-Krankheit 2019 (COVID-19), eine Atemwegserkrankung. SARS-CoV-2 ist beim Menschen ansteckend, und die Weltgesundheitsorganisation (WHO) hat die anhaltende Pandemie von COVID-19 zu einem Public Health Emergency of International Concern erklärt. Der Stamm wurde zuerst in Wuhan, China, entdeckt, so wird es manchmal als "Wuhan-Virus" oder "Wuhan Coronavirus" bezeichnet. Da die WHO von der Verwendung von Namen abschreckt, die auf Standorten basieren und Verwechslungen mit der Krankheit SARS vermeiden, bezeichnet sie SARS-CoV-2 manchmal als "das COVID-19-Virus" in der Kommunikation im Bereich der öffentlichen Gesundheit. Die breite Öffentlichkeit nennt häufig sowohl SARS-CoV-2 als auch die Krankheit, die es verursacht, "Coronavirus", aber Wissenschaftler verwenden in der Regel eine genauere Terminologie.

# Virologie

## H

### Infektion

---

UMAN-ZU-MENSCH-ÜBERTRAGUNG transmission von SARS-CoV-2 wurde während der Coronavirus-Pandemie 2019/20 bestätigt. Die Übertragung erfolgt in erster Linie über Atemtröpfchen von Husten und Niesen in einer Reichweite von etwa 1,8 Metern. Ein indirekter Kontakt über kontaminierte Oberflächen ist eine weitere mögliche Infektionsursache. Vorläufige Untersuchungen deuten darauf hin, dass das Virus auf Kunststoff und Stahl bis zu drei Tage lebensfähig bleiben kann, aber nicht länger als einen Tag auf Karton oder länger als vier Stunden auf Kupfer überlebt; das Virus wird durch Seife inaktiviert, was seine Lipid-Bilayer destabilisiert. [32] Virale RNA wurde auch in Stuhlproben von Infizierten gefunden.

Der Grad, in dem das Virus während der Inkubationszeit infektiös ist, ist ungewiss, aber die Forschung hat gezeigt, dass der Rachen etwa vier Tage nach der Infektion die maximale Viruslast erreicht. Am 1. Februar 2020 teilte die Weltgesundheitsorganisation (WHO) mit, dass "die Übertragung von asymptomatischen Fällen wahrscheinlich kein wichtiger Übertragungstreiber ist". Ein epidemiologisches Modell vom Beginn des Ausbruchs in China deutete jedoch darauf hin, dass

"vorsymptomatische Vergießen typisch für dokumentierte Infektionen sein kann" und dass subklinische Infektionen die Ursache für die Mehrheit der Infektionen gewesen sein könnten.

Taxonomisch ist SARS-CoV-2 ein Stamm des *schweren akuten respiratorischen Syndrom-bedingten Coronavirus* (SARSr-CoV). Es wird geglaubt, um zoonotischen Ursprünge haben und hat eine enge genetische Ähnlichkeit mit Fledermaus-Coronaviren, was darauf hindeutet, dass es aus einem Fledermaus-übertragenen Virusentstanden. [Ein mittleres Tierreservoir wie ein Pangolin wird auch an seiner Einführung in den Menschen beteiligt. Das Virus weist eine geringe genetische Vielfalt auf, was darauf hindeutet, dass das Spillover-Ereignis, das SARS-CoV-2 für den Menschen einführt, wahrscheinlich Ende 2019 aufgetreten ist.

Epidemiologische Studien schätzen jedes Infektionsergebnis auf 1,4 bis 3,9 neue Ergebnisse, wenn keine Mitglieder der Gemeinschaft immun sind und keine präventiven Maßnahmen ergriffen werden. Das Virus wird hauptsächlich durch engen Kontakt und über Atemtröpfchen, die durch Husten oder Niesen entstehen, zwischen Menschen verbreitet. Es gelangt hauptsächlich in menschliche Zellen durch Bindung an den Rezeptor Angiotensin-Converting-Enzym 2 (ACE2).

# Reservoir

---

DIE ERSTEN BEKANNTEN Infektionen des SARS-CoV-2-Stamms wurden in Wuhan, China, entdeckt. Die ursprüngliche Quelle der viralen Übertragung auf den Menschen bleibt unklar, ebenso wie ob der Stamm vor oder nach dem Spillover-Ereignis pathogen wurde. Da viele der ersten Personen, die mit dem Virus infiziert waren, Arbeiter auf dem Huanan Seafood Market, it waren, wurde vermutet, dass der Stamm vom Markt stammen könnte. Jedoch, andere Untersuchungen zeigen, dass Besucher das Virus auf den Markt eingeführt haben können, was dann eine schnelle Expansion der Infektionen erleichtert.

Die Erforschung des natürlichen Reservoirs des Virusstamms, der den SARS-Ausbruch 2002–2004 verursachte, hat zur Entdeckung vieler SARS-ähnlicher Fledermauskoronaviren geführt, die am häufigsten aus der *Rhinolophus-Gattung* von Hufeisenfledermäusenstammen, und zwei virale Nukleinsäuresequenzen, die in Proben aus *Rhinolophus sinicus* gefunden wurden, zeigen eine Ähnlichkeit von 80% mit SARS-CoV-2. Eine dritte virale Nukleinsäuresequenz aus *Rhinolophus affinis*, gesammelt in der Provinz Yunnan und raTG13, hat eine 96%ige Ähnlichkeit mit SARS-CoV-2. Bats gelten als das wahrscheinlichste natürliche Reservoir von SARS-CoV-2, aber Unterschiede zwischen dem Fledermaus-Coronavirus und SARS-CoV-2 deuten darauf hin, dass Menschen über ein Zwischenhost-Zwischenland infiziert wurden.

Eine metagenomische Studie, die 2019 veröffentlicht wurde, hatte zuvor gezeigt, dass SARS-CoV, der Stamm des Virus, der SARSverursacht, das am weitesten verbreitete Coronavirus unter einer Probe von Sunda Pangolin war. [50] Am 7. Februar 2020 wurde bekannt, dass Forscher aus Guangzhou eine Pangolin-Probe mit einer viralen Nukleinsäuresequenz "99% identisch" mit SARS-CoV-2 entdeckt hatten. [51] Bei der Veröffentlichung stellten die Ergebnisse klar, dass "die Rezeptor-bindende Domäne des S-Proteins des neu entdeckten Pangolin-CoV praktisch identisch mit der von 2019-nCoV ist, mit einem Aminosäureunterschied." amino acid [52] Pangolins sind nach chinesischem Recht geschützt, aber ihre Wilderei und ihr Handel für den Einsatz in der traditionellen chinesischen Medizin bleiben weit verbreitet. [53][54]

Mikrobiologen und Genetiker in Texas haben unabhängig voneinander Beweise für eine Neusortierung in Coronaviren gefunden, die auf eine Beteiligung von Pangolinen am Ursprung von SARS-CoV-2 hindeuten. [55] Pangolin-Coronaviren, die bisher gefunden wurden, teilen jedoch höchstens 92 % ihres gesamten Genoms mit SARS-CoV-2, wodurch sie weniger ähnlich als RaTG13 zu SARS-CoV-2 sind. [56] Dies reicht nicht aus, um zu beweisen, dass Pangoline der Zwischenwirt sind; im Vergleich dazu teilte das SARS-Virus, das für den Ausbruch 2002–2004 verantwortlich war, 99,8 % seines Genoms mit einem bekannten Zivert-Coronavirus.



HUFEISENNASE gehören zu den wahrscheinlichsten natürlichen Reservoirs von SARS-CoV-2

# Phylogenetik und Taxonomie

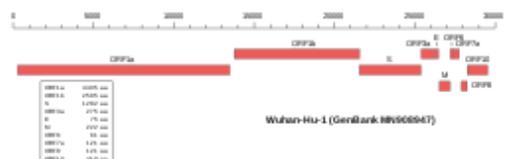
SARS-CoV-2 gehört zur breiten Familie von Viren, die als Coronaviren bekannt sind. Es ist ein positiv-sinnliches einsträngiges RNA-Virus (+ssRNA). Andere Coronaviren sind in der Lage, Krankheiten zu verursachen, die von Erkältung bis hin zu schwereren Krankheiten wie dem Middle East Respiratory Syndrom (MERS) Middle East respiratory syndrome reichen. Es ist das siebte bekannte Coronavirus, das Menschen infiziert, nach 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, und dem ursprünglichen SARS-CoV. [57]

Wie der SARS-bezogene Coronavirus-Stamm, der in den SARS-Ausbruch 2003 verwickelt war, ist SARS-CoV-2 ein Mitglied der Untergattung *Sarbecovirus* (Beta-CoV-Linie B). [58][59] Seine RNA-Sequenz ist etwa 30.000 Basen lang. SARS-CoV-2 ist einzigartig unter den bekannten Betacoronaviren in seiner Integration einer polybasistischen Spaltungsstelle, ein Merkmal, das bekanntermaßen die Pathogenität und Übertragbarkeit bei anderen Viren erhöht. [60][61]

Mit einer ausreichenden Anzahl von sequenzierten Genomen ist es möglich, einen phylogenetischen Baum der Mutationsgeschichte einer Familie von Viren zu rekonstruieren. Bis zum 12. Januar 2020 wurden fünf Genome von SARS-CoV-2 von Wuhan isoliert und vom Chinese Center for Disease Control and Prevention (CCDC) und anderen Institutionen gemeldet; [62] Die Zahl der Genome stieg bis zum 30. Januar 2020 auf 42. [63] Eine

phylogenetische Analyse dieser Proben zeigte, dass sie "in hohem Maße mit höchstens sieben Mutationen im Vergleich zu einem gemeinsamen Vorfahrenverwandtwaren", was darauf hindeutet, dass die erste menschliche Infektion im November oder Dezember 2019 aufgetreten ist. [63] Am 27. März 2020 waren 1.495 SARS-CoV-2-Genome, die auf sechs Kontinenten untersucht wurden, öffentlich zugänglich. [64]

Am 11. Februar 2020 gab das Internationale Komitee für Taxonomie von Viren (ICTV) bekannt, dass nach den bestehenden Regeln, die hierarchische Beziehungen zwischen Coronaviren auf der Grundlage von fünf konservierten Sequenzen von Nukleinsäuren berechnen, die Unterschiede zwischen dem, was damals 2019-nCoV genannt wurde, und dem Virusstamm aus dem SARS-Ausbruch von 2003 nicht ausreichten, um sie zu getrennten Virusarten zu machen. Daher identifizierten sie 2019-nCoV als Stamm strain des schweren *akuten respiratorischen Syndrom-bezogenen Coronavirus*. [2]



Genomische Organisation des Isolats Wuhan-Hu-1, der frühesten sequenzierten Probe von SARS-CoV-2

**NCBI Genom-ID**

**MN908947**

**Genomgröße**

**29.903 Basen**

**Jahr der Fertigstellung**

2020