



Коронавирус

Невидимият убиец

Джон Ейбрамс

Съдържание

[Коронавирус \(Невидимият убиец\).](#)

[Методи на изпитване](#)

[Подходи за изпитване](#)

[Производство и обем](#)

[Точност](#)

[Ефективността](#)

[Потвърдителна проверка](#)

[Статистически данни за тестване по държави](#)

[Планиране и оценка на риска](#)

[Контрол на опасностите](#)

[Прогноза](#)

[Измами](#)

[Разни](#)

[Процес](#)

[Признаци и симптоми](#)

[Причина](#)

[Диагноза](#)

Стъпки за предотвратяване на разпространението на COVID-19 при болни

Съдържанието

СЪДЪРЖАНИЕ1

Част None5

200 000 sar57

100 000лв.

Вирусология10

Част две11

Вирусология13

Епидемиология20

Част три20

Си Symptoms23

Ссе използва25

Предаване наданни 25

Вирусология26

Патофизиология27

Имунопатология27

Диагностика на

Откриване на вирус с PCR тестове33

Откриване на вирус с помощта на неPCR тестове35

Скенер и рентгенография на гръдния кош35

Откриване на антитела36

Италия39

С.Анансие в Сингапур 40

Други39

Патология46

Превенция47

Контрол на опасностите на работната среда за COVID-1949

Всички работни места51

Среднорискови работни места51

Високорискови здравни и мортуционни работни места53

Управление на управлението55

[Медикаменти56](#)

[Лични предпазни средства57](#)

[Механична вентилация56](#)

[Остър респираторен дистрес синдром57](#)

Експериментално лечение58

[Информационни технологии60](#)

[Психологическа подкрепа58](#)

Част Fнаш63

Профилактика и управление на психичните заболявания65

[Повторно заразяване68](#)

История на историята69

Епидемиология69

Общество и култура72

[Биологично оръжие75](#)

[Антимюсюлски77](#)

[Антисемитски77](#)

[Операция шпионин78](#)

[Схема за контрол на популацията78](#)

Статистика79

Медицински преглед81

Правителство86

[Супа от прилепи92](#)

[Симпсън прогнози100](#)

[Коронско берено misassociation92](#)

[Болнични условия92](#)

[Връщане на диви животни92](#)

[Лъвовете са освободени по улиците93](#)

Научни изследвания94

[Разработване на лекарствен продукт и лабораторни тестове98](#)

Терапевтични кандидати101

Неуспешни клинични проучвания104

Стратегии105 за

Инициативи за клинични изпитвания106

Частive108 F

Ваксина109

Предишни усилия за коронавирусна ваксина110

Лечение след инфекция113

COVID-19 репетитиране на изследвания115

Хлорохин115

Антицитокин буря119

Пасивна антитяло терапия120

Част 6121

Епидемиология123

Дела131

Смъртни случаи132

Диаграми133

Продължителност137

Предаване на данни138

Вирусология139

Вирусно изследване139

Образна диагностика140

Управление на управлението145

Международни отговори156

Въздействие161

Съвместна работа169

Страница с авторски права

Въпреки че всяка предпазна мярка е взета при изготвянето на тази книга, издателят не поема отговорност за грешки или пропуски, или за вреди, произтичащи от използването на съдържащата се в нея информация.

Coronavirus (невидимия убиец)

Първо издание. 15 април 2020 г.

Авторски права © 2020 Издателство Libera.

Написано от Джон Ейбрамс.

Коронавирус

Невидимият убиец

Джон Ейбрамс

С толкова много несигурност и загриженост около скорошната нова коронавирус, лесно е да се чувствате безпомощни – но има нещо, което всички можем да направим, за да помогнем на борбата срещу него. Освен да се запази безопасността и следване на насоки от медицински експерти, ние всички можем да направим нашата част, за да получите помощ за хора и региони, които са били засегнати.

Чрез набиране на средства за усилията за подпомагане на короната вирус, или чрез даряване на фонд за подпомагане на короната вирус, всички ние можем да направим нашата част и да предоставим така необходимата подкрепа и помощ. С нарастващия брой на карантината, физическите лица в тези области се нуждаят от жизненоважна медицинска помощ и ежедневни предмети, за да се извадят през тази нова заплаха.

Да се подготвим напред и да помагаме сега е от ключово значение, за да се гарантира, че всички са подготвени за нови разработки. Нее важно да правя нещо. Само \$1 или по-малко може да ни помогне да продължим работата си.

Подкрепа чрез PayPal Тук:

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

Направете дарение в PayPal със
сканиране на QR code по-долу



Част първа
*Тежък остър респираторен
синдром коронавирус*

Тежък остър респираторен синдром
коронавирус (ТОРС-CoV или SARS-CoV-1) е щам на вируса, който причинява тежък остър респираторен синдром virus (SARS). Това е обвит, положителен смисъл, едноверижен РНК вирус, който заразява епителните клетки в белите дробове. Вирусът влиза в приемащата клетка чрез свързване с ACE2 рецептора. Инфектира хората, прилепите и палмовите цветове.. [6]

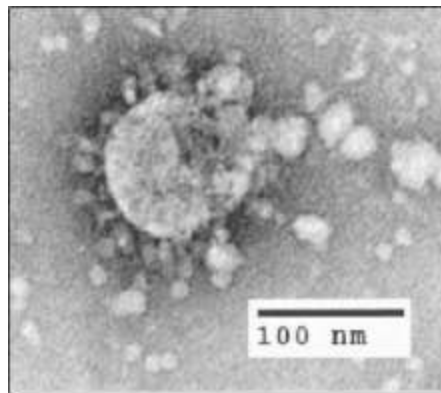
На 16 април 2003 г., след избухването на ТОРС в Азия и вторични случаи на други места по света, Световната здравна организация (СЗО) публикува прессъобщение, в което се посочва, че коронавирусът, идентифициран от редица лаборатории, е официалната причина за ТОРС. Центровете за контрол и превенция на заболяванията (CDC) в САЩ и Националната лаборатория за микробиология (NML) в Канада идентифицират генома НАТОР-КоВ през април 2003 г. Учените в Университета "Еразъм" в Ротердам, Холандия доказват, че коронавирусът на ТОРС е изпълнил постулатите на ТОРС, като по този начин го потвърждава като причинителен агент. В експериментите, макаките, заразени с вируса, развиват същите симптоми като човешките ТОРС жертви.

Пандемията, дължаща се на НОВА коронавирусна болест през 2019 г., показва много прилики с огнището на ТОРС, а вирусният агент е идентифициран като още един щам на свързания с ТОРС коронавирус, ТОРС-CoV-2.

Торс

SARS или тежък остър респираторен синдромезаболяване, причинено от ТОРС-CoV. Той причинява често тежко заболяване и се характеризира първоначално от системни симптоми на мускулна болка, главоболие и треска, последвано след 2-14 дни от появата на респираторни симптоми, главно кашлица, диспнея и пневмония. Друга често срещана находка при пациенти с ТОРС е намаляване на броя на лимфоцитите, циркулиращи в кръвта.

В огнището на ТОРС от 2003 г. около 9% от пациентите с потвърдена ТОРС-CoV инфекция е починала. Смъртността е много по-висока при тези над 60 години, като смъртността достига 50% за тази подгрупа пациенти.



електронен микроскоп изображение на SARS virion

Класификация на вирусите

Не е ли Вирус

така?

Реалност:: Рибовирия

По-късно,
когато се седми
задушава,

Поръчка: Нидовирусни

Семейни: Коронавир

Род: Бетакоронавирус

Видове: Остър остър респираторен
синдром, свързан с
коронавирус

Щам: **Тежък остър**
респираторен синдром
коронавирус

Синоними

- Коронавирус на ТОРС
- Свързан с сардовир
- Тежък остър респираторен синдром коронавирус

История

На 12 Април 2003, учени, работещи в Центъра за геном на михайство Smith във Ванкувър завърши картографирането на генетичната последователност на коронавируса, смята, че е свързана с ТОРС. Екипът е воден от Марко Мара и работи в сътрудничество с Центъра за контрол на заболяванията на Британска Колумбия и Националната лаборатория по микробиология в Уинипег, Манитоба, използвайки проби от заразени пациенти в Торонто. Картата, приветствана от СЗО като важна стъпка напред в борбата с ТОРС, се споделя с учени те по целия свят чрез уебсайта на ГСС (виж по-долу). Болница Доналд Лоу от Маунт Синай в Торонто описва откритието като направено с "безпрецедентна скорост". След това последователността на коронавируса на SARS е потвърдена от други независими групи.

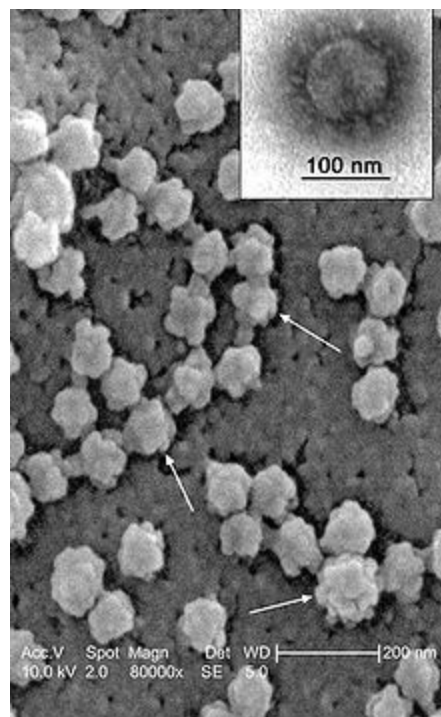
В края на май 2003 г. проучвания от проби от диви животни, продавани като храна на местния пазар в Гуандун, Китай, установиха, че щам на КОРОНАвируса на SARS може да бъде изолиран от маскирани палмови цивти (*Paguma* sp.), но животните не винаги показват клинични признаци. Предварителното заключение е, че вирусът НАРС премина ксенографската бариера от палмова цивета на хората, а над 10 000 маскирани палмови цвети са убити в провинция Гуандун. Вирусът е открит по-късно и при миещи се кучета (*Nyctereuteus* sp.), порове язовци (*Melogale* spp.) и домашни котки. През 2005 г. две проучвания установиха редица

подобни на ТОРС коронавируси в китайски тела. Филогенетичният анализ на тези вируси показва висока вероятност коронавирусът на SARS да е с произход от прилепите и да се разпространява директно или чрез животни, държани на китайските пазари. Прилепите не показват видими признаци на заболяване, а са вероятните естествени резервоари на подобни на ТОРС коронавируси. В края на 2006 г. учени от Китайския център за контрол и профилактика на болестите на Хонг Конг и Центъра за профилактика и контрол на заболяванията в Гуанджоу установяват генетична връзка между коронавируса на SARS, появяваща се в цивети и хора, потвърждавайки, че вирусът е скочил през видовете.

Вирусология

S

ARS-Coronavirus следва стратегията за репликация, типична за коронавируса подсемейство. Основният човешки рецептор на вируса е ангиотензин-конвертиращия ензим 2 (ACE2), идентифициран за първи път през 2003 г.



Сканиране на електронен микрограф на SARS вириони

Част ВТОРА

*Тежък остър респираторен
синдром коронавирус 2*

Тежък остър респираторен синдром
коронавирус 2 (SARS-CoV-2), разговорно известен като **коронавирус** и преди това известен с временното име **2019 нов коронавирус (2019-nCoV)**, е положителен сетивен сетива едноверижни РНК вирус. Той причинява коронарусна болест 2019 (COVID-19), респираторно заболяване. SARS-CoV-2 е заразна при хората, а Световната здравна организация (СЗО) е определила продължаващата пандемия на COVID-19 за извънредна ситуация от международно значение за общественото здраве. Щамът е открит за първи път в Ухан, Китай, така че понякога се нарича "Вирус ухан" или "Ухан коронавирус". Тъй като СЗО възпира използването на имена въз основа на места и да се избегне объркване с ТОРС SARS болестта, понякога се отнася до ТОРС-CoV-2 като "вируса НАВИД-19" в съобщенията за общественото здраве. Широката общественост често нарича ТОРС-CoV-2 и болестта, която причинява "коронавирус", но учените обикновено използват по-точна терминология.

Вирусология Н Инфекция

предаването transmission на ТОРС-CoV-2 е потвърдено по време на коронавирусна пандемия 2019-20.

Предаването се осъществява предимно чрез дихателни капчици от кашлица и кихане в диапазона от около 1,8 метра (6 фута). Непряк контакт чрез замърсени повърхности е друга възможна причина за инфекция. Предварителните изследвания показват, че вирусът може да остане жизнеспособен за пластмаса и стомана за период до три дни, но не оцелява върху картон повече от един ден или върху мед за повече от четири часа; вирусът се инактивира от сапун, който дестабилизира липидния му двуслой..

[32] Вирусарна РНК е открита и в проби от изпражнения от заразени хора.

Степента, до която вирусът е инфекциозен по време на инкубационния период, е несигурна, но изследванията показват, че фаринкса достига пиковия вирусен товар приблизително четири дни след инфекцията. На 1 февруари 2020 г. Световната здравна организация (СЗО) посочи, че "предаването от асимптоматични случаи вероятно не е основен двигател на предаването". Епидемиологичен модел на началото на огнището в Китай обаче предполага, че "предсимптоматичното проливане може да бъде типично за документираните инфекции" и че

субклиничните инфекции може да са източник на повечето инфекции.

Таксономично,ТОРС-CoV-2 е щам на остър *остър респираторен синдром коронавирус* (SARSr-CoV). Смята се, че има зоонозен произход и има близка генетична прилика с прилепите коронавируси, предполага, че е излязъл от вирус, поразен от прилеп.. [Междинен животински резервоар като панголин също се смята, че да участва в неговото въвеждане на хората. Вирусът показва малко генетично разнообразие, което показва, че събитието на разпространение на SARS-CoV-2 на хора вероятно е настъпило в края на 2019.

Епидемиологичните проучвания изчисляват, че всяка инфекция води до 1.4 до 3.9 нови, когато нито един от членовете на общността не е имунизирани и не са взети превантивни мерки. Вирусът се разпространява предимно между хората чрез близък контакт и чрез дихателни капчици, получени от кашлица или кихане. Той влиза главно в човешките клетки чрез свързване с рецептор ангиотензин конвертиращия ензим 2 (ACE2).

Резервоар

Първите известни инфекции от щама HATOP-CoV-2 са открити в Ухан, Китай. Оригиналният източник на вирусно предаване на хора остава неясно, както и дали щамът става патогенен преди или след събитието на разливане. Тъй като много от първите хора, намерени да бъдат заразени от вируса са работници в пазара на морски дарове Huanan, е било предполагаемо, че щамът може да са били с произход от пазара. Въпреки това, други изследвания показват, че посетителите може да са въвели вируса на пазара, което след това улесни бързото разширяване на инфекциите.

Изследванията на естествения резервоар на вирусния щам, който е причинил появата на SARS за 2002-2004 г. доведе до откриването на много подобни на TOPC коронавируси, най-с произход от род *Rhinolophus* на подкови прилепи и двете вирусни нуклеинови кисели поредици, открити в проби, взети от *Rhinolophus sinicus*, показват прилика от 80% на SARS-Co V-2. Третата последователност на вирусната нуклеинова киселина от *Rhinolophus affinis*, събрана в провинция Юннан и определена RaTG13, има 96% прилика с SARS-CoV-2. Bats се считат за най-вероятно естественият резервоар на TOPC-CoV-2, но разликите между коронавируса на прилепите и SARS-CoV-2 предполагат, че хората са били заразени чрез междинен приемник.

Метагеномното проучване, публикувано през 2019 г. преди това, показва, че TOPC-CoV, щамът на вируса,

който причинява ТОРС, е най-широко разпространеният коронавирус сред проба от Sunda панголини.. На 7 февруари 2020 г. е обявено, че изследователи от Гуанджоу са открили панголинна проба с поредица от вирусни нуклеинови киселини "99% идентични" с ТОРС-CoV-2. [51] Когато се освобождават, резултатите поясняват, че "рецептор-свързващ домейн на S протеин на новооткритите Pangolin-CoV е почти идентичен с този на 2019-nCoV, с една аминокиселина разлика." [52] Панголините са защитени по силата на китайското законодателство, но техните браконьерство и търговия за употреба в традиционната китайска медицина остава често срещана. [5]

Микробиолозите и генетиците в Тексас са открили независимо данни за преасносение в коронавируси, предполагащи участието на панголини в произхода на SARS-CoV-2. [55] Въпреки това, коронавируса на панголина, открит досега, имат дял само 92% от целия си геном с ТОРС-CoV-2, което ги прави по-малко подобни на RaTG13 на SARS-CoV-2. [56] Това не е достатъчно, за да се докаже, че панголини са междинни гостоприемници; в сравнение с това вирусът SARS, отговорен за епидемия през 2002–2004 г., е споделян 99,8% от генома си с известен цинетовирус.



Подкововите прилепи са сред най-вероятните
естествени резервоари на SARS-CoV-2

Филогенетика и таксономия

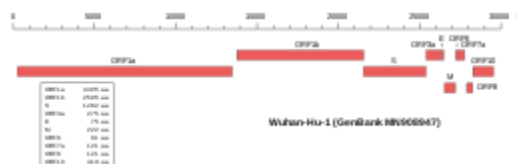
SARS-CoV-2 принадлежи към широката фамилия вируси, известни като коронавируси. Това е вирус с положителен смисъл на едноверижна РНК (+ssRNA). Други коронавируси са способни да причинят заболявания, вариращи от обикновена настинка до тежки заболявания като близкия изток респираторен синдром (MERS). Това е седмият известен коронавирус да зарази хора, след 229E, NL63, OC43, HKU1, MERS-CoV, и оригиналният SARS-CoV. [10]

Подобно на щама, свързан с коронавируса, свързан с ТОРС, замесен в огнището на ТОРС 2003, SARS-CoV-2 е член на subgenus *Sarbecovirus* (бета-CoV линия В). [58] Неговата РНК последователност е около 30 000 бази на дължина. SARS-CoV-2 е уникален сред известните бетакоронавируси при включването му в многоосновен сайт за разцепване, характеристика, известна като повишаване на патогенността и предаваемостта при други вируси. [6]

С достатъчен брой последователни геномие възможно да се реконструира филогенно дърво от историята на мутациите на семейство вируси. До 12 януари 2020 г. пет геноми на ТОРС-CoV-2 са били изолирани от Ухан и докладвани от Китайския център за контрол и профилактика на заболяванията (CCDC) и други институции; [62] броят на геномите се увеличава до 42 до 30 януари 2020 г. [63] Филогенетичният анализ на тези проби показва, че те са "силно свързани с най-много седем мутации спрямо общ предшественик", което означава, че първата човешка

инфекция е настъпила през ноември или декември 2019. [63] Към 27 март 2020 г. са на разположение общо 1 495 геноми на ТОРС-CoV-2. [64]

На 11 февруари 2020 г. Международната комисия по таксономия на вируси (ICTV) обяви, че според съществуващите правила, които изчисляват йерархичните отношения между коронавируса в основата на пет запазени последователности от нуклеинови киселини, разликите между това, което тогава се нарича 2019-nCoV и вирусния щам от избухването на ТОРС от 2003 г. не са достатъчни, за да ги направят отделни вирусни видове. Поради това те идентифицират 2019-nCoV като щам на остър остър респираторен синдром, свързан с коронавирус. [2]



Геномичната организация на изолат Ухан-Ху-1, най-ранната проба с

NCBI геном ID

C. Несели

Размер на генома

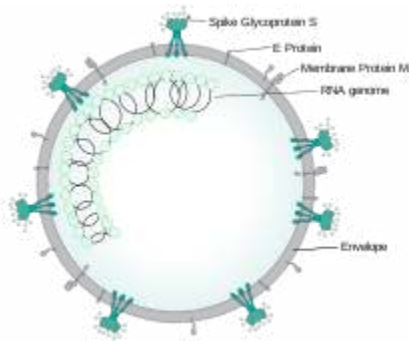
29 903 основи

Година на завършване

2020

Структурна биология

Всеки virion SARS-CoV-2 е с диаметър приблизително 50–200 нанометра. Подобно на други коронавируси, SARS-CoV-2 има четири структурни протеини, известни като S (скок), E (обвивка), M (мембрана), и N (нуклеокапсид) протеини; N протеинът държи генома на РНК, а S, E и M протеините заедно създават вирусния плик. [65] Шиповият протеин, който е бил заснет на атомно ниво с помощта на криогенна електронна микроскопия, [66] е протеинът, който позволява на вируса да се прикрепя към и да се прилепва с мембраната на клетката-приемник.



Структура на SARS-CoV virion



хометример с шипов елизатор с един протеинов
подвъзел, а домейнът на свързване на ACE2 е в

Протеиновото моделиране на експерименти върху протеина на вируса скоро предполага, че ТОРС-CoV-2 има достатъчен афинитет към рецепторния ангиотензин конвертиращ ензим 2 (ACE2) върху човешките клетки, за да ги използва като механизъм за въвеждане на клетки.. [68] До 22 януари 2020 г. група в Китай, работеща с пълния геном на вируса и група в СЪЕДИНЕНИТЕ щати, използвайки обратни генетици независимо и експериментално демонстрира, че ACE2 може да действа като рецептор за ТОРС-CoV-2. Проучванията показват, че SARS-CoV-2 има по-голям афинитет към човешкия ACE2 от оригиналния щам на ВИРУСА НА ТОРС. [66] SARS-CoV-2 може да използва и басигин, за да помогне при въвеждането на клетки. [73]

