

Koronawirus mógł się szerzyć już we wrześniu

19 kwietnia 2020

Dane o COVID-19 z [raportu nr 89 WHO](#) z 18 kwietnia 2020 r.:

- 2 160 207 – potwierdzone przypadki zachorowań od początku pandemii;
- 85 678 – potwierdzone przypadki zachorowań z ostatniej doby;
- 146 088 – łączna liczba zgonów od początku pandemii;
- 6 710 nowe przypadki zgonów z ostatnich 24 godzin.

Dzienna liczby wykrytych zarażeń WZROSŁA.

Dzienna liczba zgonów SPADŁA.

Mapa i dane WHO o aktualnej sytuacji na całym świecie [TUTAJ](#).

Choć oficjalnie koronawirus został wykryty na targu rybnym w Wuhan z końcem grudnia zeszłego roku, to brytyjscy naukowcy twierdzą, że mógł on się już pojawić znacznie wcześniej – nawet we wrześniu. Naukowcy podejrzewają też, że wirus dosyć szybko mutuje.[PE]

Naukowcy Uniwersytetu Cambridge starają się prześledzić ścieżki rozprzestrzeniania się koronawirusa i dotrzeć do miejsca, gdzie pojawił się on raz pierwszy. Wszystko to dlatego, że coraz mniej prawdopodobna wydaje się teza, że SARS-CoV-2 po raz pierwszy „przeskoczył” na człowieka na jednym z targów rybnych w Wuhan. Brytyjczycy wyróżnili trzy główne typy koronawirusa, obecne w różnych częściach świata, i na tej podstawie doszli do wniosku, że SARS-CoV-2 zaczął się rozprzestrzeniać nie z końcem grudnia 2019 r., ale gdzieś w okresie między 13 września a 7 grudnia.[PE]

O badaniach brytyjskich naukowców pod kierownictwem dr Petera

Forstera napisał tygodnik „Newsweek”. Badania te wykazały, że koronawirus typu A jest oryginalnym genomem wirusa, który pojawił się u ludzi, a także że jest on najbliższy koronawirusowi występującemu u nietoperzy. Koronawirusa typu A znaleziono u pacjentów w Chinach i Ameryce, ale nie jest to najczęstszy typ SARS-CoV-2, który masowo zarażał obywateli Chin. W samym Wuhan najczęstszym typem patogenu był koronawirus typu B, który rozprzestrzenił się także w Europie kontynentalnej i Wielkiej Brytanii. W Europie dosyć powszechny jest również koronawirus typu C, który zdominował dodatkowo zachorowania w Australii i Singapurze.[PE]

Naukowcy w Cambridge coraz bardziej przekonują się do tezy, że SARS-CoV-2 nie pojawił się po raz pierwszy w Wuhan, ponieważ koronawirusa typu A znaleziono aż w 7 na 11 przebadanych próbek w prowincji Guandong (oddalonej od Hubei o ok. 800 km). Jednocześnie w samym mieście Wuhan dominującym typem wirusa był wirus typu B. O wątpliwościach dotyczących początków epidemii coraz więcej pisze się także w cenionym czasopiśmie naukowym „The Lancet”. Niedawno na łamach czasopisma ukazał się artykuł, w którym mowa jest o tym, że wielu pierwszych potwierdzonych pacjentów, którzy zachorowali na COVID-19, nie było nawet w pobliżu słynnego już targu rybnego.[PE]

Tymczasem okazuje się, że przyczyną „niewytłumaczalnych” ciężkich przypadków COVID-19 może być genetyczna predyspozycja pacjentów, powiedział francuski immunolog, profesor Jean-Laurent Casanova w wywiadzie dla „Le Monde”. „W przypadku zakażenia SARS-CoV-2 występują rzadkie przypadki ciężkich postaci, w tym przypadki śmiertelne, u dzieci, młodzieży i stosunkowo młodych dorosłych. Oznacza to, że nie mówimy tu o dwóch głównych czynnikach ryzyka: podeszłym wieku i chorobach przewlekłych. Te niewyjaśnione przypadki wskazują na istnienie czynników genetycznych, które wpływają na reakcję na wirusa” – wyjaśnił Casanova.[SN]

Według niego, taka hipoteza głosi, że stosunkowo młodzi pacjenci mogą mieć predyspozycje genetyczne, które nie

objawiają się przed pierwszym kontaktem z wirusem, ale następnie prowadzą do ciężkiej postaci choroby i konieczności poddania pacjenta intensywnej terapii. „Zgodnie z tą hipotezą w momencie kontaktu z infekcją wyjawia się twój fenotyp, istniejąca w nim wrażliwość genów. Dlatego naszym celem jest identyfikacja odmian genomu, które mogą wyjaśnić występowanie ciężkich postaci zachorowania” – powiedział profesor.[SN]

Casanova zauważył, że przez około 20 lat jego zespół podtrzymywał hipotezę, że wszystkie choroby zakaźne są związane z czynnikiem genetycznym. Według niego teoria istnienia bazy genetycznej chorób zakaźnych potwierdzono badaniami genetyki klasycznej w latach 1905-1945. „W ciągu ostatnich 25 lat kilka grup naukowców zidentyfikowało wariacje genetyczne, które prowadzą do selektywnej podatności na niektóre choroby zakaźne wśród dzieci, młodzieży i młodych dorosłych” – dodał immunolog. Zespół Casanovy, który kieruje laboratorium genetyki chorób zakaźnych w Paryżu i Nowym Jorku, bada obecnie rolę predyspozycji genetycznych w podatności na koronawirusy.[SN]

Źródła: [PolishExpress.co.uk](https://polishexpress.co.uk) [PE], [pl.SputnikNews.com](https://pl.sputniknews.com) [SN]

Kompilacja 2 wiadomości i uzupełnienie: WolneMedia.net