

LA MALINTERPRETACIÓN DE LOS VIRUS II:

PRINCIPIO Y FIN DE LA CORONACRISIS

Artículo original en Alemán:

<https://wissenschaftplus.de/uploads/article/wissenschaftplus-fehldeutung-virus-teil-2.pdf>

La definición de SARS y de Corona, o Covid19 declara que la neumonía se considera el cuadro clínico que caracteriza a la enfermedad.

Si se pueden detectar patógenos conocidos asociados a la neumonía, la neumonía se considera “típica”, sino es considerada una neumonía “atípica”.

Uno de los dos factores decisivos para el SARS y la crisis del corona, es que al menos un 20-30% de todas las neumonías es atípica. Las causas de la neumonía atípica se conocen claramente y por lo tanto NO pueden ser atribuidas a un virus desconocido.

Éste hecho es suprimido por infectólogos y virólogos, y es la base del actual miedo y pánico, debido a que se ha creado la impresión entre los afectados, el público y los políticos, de que la neumonía atípica podría ser particularmente peligrosa y a menudo fatal debido a que no existen medicamentos o vacunas para la supuesta nueva enfermedad.

Desde el momento en el que se ofrecieron los test para el supuesto nuevo virus, cosa que se ha ocultado por aquellos involucrados, que también testan a las personas sanas como “positivas”, el numero de casos se ha incrementado automáticamente. Al principio, las personas con neumonía típica fueron incluidas también, después cada vez más y más personas con otras patologías. Ésto es considerado como una prueba práctica de la expansión del virus. Automáticamente más y más enfermedades se han añadido a la “neumonía atípica” original, y éste “síndrome” se ha expuesto como la “nueva enfermedad viral”.

El otro hecho decisivo, no sólo para el SARS y la crisis del corona, es que los virólogos que claman que los virus causan enfermedades están ocultando una situación abiertamente engañosa por razones comprensibles. El procedimiento de test para el virus ofrecido, es un método de detección genética. Las secuencias genéticas que usan para el test de detección no han sido aisladas de un virus. Han aislado secuencias genéticas típicas, que son liberadas en grandes cantidades cuando los tejidos y células mueren. Éstas secuencias generalmente cortas, componentes del metabolismo humano, son la base para posteriores trabajos de laboratorio. Sólo con la ayuda de programas informáticos, los virólogos son capaces de construir largas hebras de material genético a partir de muchas secuencias genéticas cortas. Éstas se presentan después como si fuesen hebras de ADN viral reales. Ésta es la razón por la que se obtienen resultados positivos en el test repetidamente, incluso en individuos sanos.

Para evitar refutarse a sí mismos, éstos virólogos han ignorado constantemente dos reglas prescritas por la ciencia. Una es verificar constantemente todas las afirmaciones por uno mismo. La otra es testar todas las suposiciones y métodos empleados a través de experimentos de control. Si hubiesen llevado a cabo éstos experimentos de control, se hubiesen dado cuenta de que TODAS las secuencias genéticas cortas que sólo asocian mental o virtualmente a hebras de un genoma viral, se originan en el metabolismo humano y no provienen de fuera, de un supuesto virus.

El impulso de la crisis del corona se desencadenó a raíz del mensaje de un joven oftalmólogo el 30 de Diciembre del 2019 en internet, que se propagó inmediatamente y con mucha rapidez. Les dijo a unos amigos que en su hospital, varias personas se encontraban en cuarentena debido a que siete casos de SARS habían sido confirmados; debían tener cuidado y protegerse a sí mismos.

El Profesor Christian Drosten del Charité de Berlin, escuchó esto e inmediatamente puso en marcha el desarrollo de procedimientos de test para virus del SARS, antes de que estuviese claro siquiera o pudiese haberse aclarado si las noticias de China acerca del SARS eran ciertas y habían sido comprobadas, y especialmente, antes de que los virólogos chinos hubiesen publicado sus resultados.

Los virólogos acreditados de la Comisión de Control de Enfermedades China (CCDC), publicaron sus resultados el 24 de Enero del 2020 y el 3 de Febrero del 2020. Informaron acerca del aislamiento de muchas secuencias genéticas cortas, que unidas formando una secuencia, podían representar la hebra genética de un nuevo tipo de virus. Los autores han señalado expresamente (así como el resto de virólogos involucrados hasta la fecha), que los experimentos absolutamente necesarios, que hubiesen hecho posible afirmar que ésta es de hecho la hebra genética de un virus patógeno, no se han llevado a cabo todavía. Al contrario, los virólogos chinos, incluso apuntan de forma explícita a que la hebra genética construida, guarda un 90% de similaridad con las hebras genéticas de los principales virus corona de los murciélagos, que son inofensivos y se conocen desde hace décadas.

El 21 de Enero del 2020 (3 días antes de la primera publicación del CCDC), la OMS recomendó a todas las naciones el uso de los test desarrollados por el Profesor Drosten, afirmando que éste había desarrollado un procedimiento de test fiable para el virus que se estaba propagando rápidamente en China. El profesor Drosten, ignorando las reglas claramente definidas del procedimiento científico que son parte de su contrato de trabajo, y violando las leyes del pensamiento y la lógica de la virología, ha provocado el incremento y la globalización del pánico a la epidemia china.

1. El principio de la crisis corona

Cuando el joven oftalmólogo Li Wenliang informó a siete doctores en Wuhan a través de WhatsApp, el 30 de Diciembre del 2019, que varias personas estaban en cuarentena en el hospital y que siete casos de SARS habían sido confirmados, que debían tener cuidado y protegerse a sí mismos, no lo hizo con la intención de provocar el pánico. Si lo hubiese querido así, hubiese publicado su advertencia en Internet y avisado al público. Uno de los siete receptores de su mensaje privado de WhatsApp, publicó una captura de pantalla (una foto del mensaje) en Internet sin ser consciente de las posibles consecuencias. Por supuesto, ésta información se propagó rápidamente a través de China y después también al resto del mundo.

Ésta comunicación desencadenó una ola de miedo, pánico y solicitudes de información a las autoridades sanitarias chinas y al gobierno debido al pánico a una crisis de SARS como la del 2003, que la Organización Mundial de la Salud (O.M.S.) clasificó como “amenaza global”, el 12 de Marzo del 2003. Como resultado, el gobierno de Pekin envió a Wuhan a una “fuerza de reacción rápida” consistente en epidemiólogos y virólogos del Centro de Control de Enfermedades Chino (CCDC) el 31 de Diciembre del 2019 para proporcionar soporte a las autoridades sanitarias locales y de los alrededores de la provincia de Hubei. El objetivo era comprobar y verificar las alegaciones acerca del estallido de una epidemia. De ser real el estallido de la epidemia, debían controlar la situación adecuadamente.

En la primera publicación acreditada por los autores del CCDC, en los resultados de su estudio “A New Coronavirus of Patients with Pneumonia in China,2019”(1), se declara que no hay una acumulación de casos de neumonía atípica (pacientes con neumonía de causa desconocida). Declaran que los pacientes existentes pueden ser agrupados en un “clúster”, un grupo con características comunes. La característica común era la más o menos frecuente visita a un mercado de venta al por mayor de pescado de Wuhan. Lo pequeño que era éste grupo de pacientes con neumonía atípica realmente, puede apreciarse en el hecho de que el CCDC sólo extrajo frotis y fluidos del tracto respiratorio inferior de cuatro pacientes, con el fin de hallar patógenos conocidos o desconocidos.

Mientras tanto, el pánico en Wuhan y en las áreas colindantes se incrementó considerablemente. Incluso las medidas policiales, con la solicitud al oftalmólogo Li Wenliang el 3 de Enero del 2020, de que firmase un mandato punitivo que le comprometía a no difundir nada acerca de un posible brote de SARS, no pudieron frenar el peligroso agravamiento de las dinámicas de pánico. El 10 de Enero del 2020 Wenliang, y poco después también sus padres, desarrollaron síntomas de neumonía. Li Wenliang se aisló a sí mismo porque estaba convencido de que se había infectado con el virus del SARS el día anterior. Ésto a su vez aumentó el pánico.

Los médicos que le atendían llevaron a cabo un gran número de test diferentes, todos los cuales resultaron ser negativos. A medida que su estado de salud se deterioraba y que más y más gente mostraba públicamente su interés por su evolución, los test se siguieron realizando hasta que por primera vez, un test para el SARS fue estimado positivo el 30 de Enero del 2020. El desastre de la escalada del pánico del SARS, que mutó en la crisis global del corona, tomó su rumbo.

Li Wenliang difundió éste resultado a través de Internet con las siguientes palabras: “Hoy el test de ácido nucleico ha resultado “positivo”, las cosas se han decantado, finalmente me han diagnosticado”.

Ésta declaración disparó el pánico ya existente. Todo se fue completamente fuera de control cuando él publicó su declaración de cese y desista del 3 de Enero del 2020 firmada en Internet. Ésta publicación de su cese y desista, muy peligrosa para él, fue y sigue siendo considerada por toda la gente presa del pánico, como la prueba de que existe una nueva epidemia de SARS, debido a que un médico, afectado él mismo, continuó informando y advirtiendo al público a pesar de las amenazas de castigos. El pánico se incrementó aún más debido a que la salud de Li Wenliang se deterioró a pesar del empleo intensivo de varias sustancias antibióticas, y al público se le hizo partícipe de esto regularmente. La situación estuvo a punto de dispararse debido a que el anuncio de su muerte fue más que caótico y contradictorio. Ésta fue, y aún es, la razón central por la que el público chino y a escala global asumió que otro estallido de SARS se había producido en Wuhan, que recientemente se ha transformado en una nueva epidemia, una pandemia con un nuevo nombre, Covid19.

2. La primera de las dos posibles causas del miedo de Li Wenliang

El miedo del oftalmólogo Li Wenliang está basado en los eventos del 2003 en China, cuando científicos occidentales afirmaron que un cúmulo de casos de neumonía atípica se había producido en el sur de China, dos días después de la creación intelectual de la hebra genética de un supuesto nuevo virus (SARS-CoV-1), donde el Profesor Drosten estuvo significativamente involucrado,(2). El Profesor Drosten ofreció un supuesto procedimiento de prueba, un supuesto test para éste supuesto virus,(3). Aproximadamente 800 personas con neumonía atípica, neumonía en la que no se detecta ningún patógeno conocido, pero que dieron “positivo” con el test del Profesor Drosten, murieron (posiblemente debido a un tratamiento incorrecto y excesivo) con el diagnóstico de SARS, en lugar de “neumonía atípica”.

La base para que el miedo al SARS se haya mantenido e incrementado hasta el 2019 se encuentra en dos publicaciones, en 2013⁴ y 2017⁵, que desencadenaron las especulaciones acerca de la posible aparición de nuevos SARS corona virus.

Los autores de ambas publicaciones afirmaron que la existencia de secuencias genéticas cortas en murciélagos sanos, se podía interpretar como la evidencia de componentes de un virus. Ésas secuencias genéticas cortas, podrían tener similitudes con éstas secuencias genéticas cortas que se declaró que eran supuestos componentes del SARS coronavirus-1(SARS-CoV-1) en el 2003. SARS significa Síndrome Respiratorio Agudo Severo, que es otra descripción de los síntomas de la neumonía atípica.

Se dice que éstas hebras genéticas mentales (convertidas en realidad) podrían desarrollarse también en la realidad y formar un virus real. Tal virus, que se afirma que está presente en murciélagos y otros animales salvajes, pero que sin embargo es inofensivo, podría saltar a los humanos a través de mordeduras, contacto o consumo y convertirse en un asesino mortal. En los humanos, éste virus inofensivo podría, a través de cambios (mutaciones), convertirse en un nuevo SARS coronavirus que podría realmente causar una enfermedad. Un evento de éste tipo y la resultante ola de enfermedades, tales como la neumonía atípica, deben esperarse en cualquier momento.

Hasta la fecha, los virólogos no han sido capaces de aislar un virus SARS de ningún paciente, murciélago, otro animal, o en el laboratorio, ni han sido capaces de identificar una hebra genética intacta y completa de un virus SARS. La suposición de los virólogos de que existen también hebras genéticas virales en la realidad, que están construidas de la misma forma que las hebras genéticas compuestas a partir de secuencias genéticas cortas, no ha sido confirmada todavía. Aunque la realmente simple técnica estándar para determinar la longitud de las secuencias genéticas lleva estando disponible mucho tiempo, no ha sido posible demostrar la existencia y la presencia de una hebra genética completa de un virus SARS de ninguna otra forma.

Los miedos incitados masivamente por éstas afirmaciones falsas, fueron la base para los temores del oftalmólogo Li Wenliang, así como de otros médicos e infectólogos, no sólo en Wuhan. Éstas afirmaciones son la razón por la que los epidemiólogos y virólogos del CCDC se han estado centrando en buscar secuencias genéticas similares desde el 31 de Diciembre del 2019, a las que fueron identificadas como componentes del SARS coronavirus en el 2003 (ver detalles más abajo).

3. La segunda de las posibles causas del miedo de Li Wenliang

Las crisis del SARS y del Corona comenzaron con la afirmación en los medios de comunicación de que existía una acumulación de pacientes con neumonía atípica. Ésta afirmación nunca fue confirmada. Sólo se declaró que la neumonía atípica que se dio podía ser explicada por la supuesta aparición de un nuevo virus, porque algunas de las personas con neumonía atípica tuvieron contacto con mercados animales.

Para confirmar la suposición de que un virus desconocido podía ser la causa de la neumonía atípica, se suprimieron hechos conocidos descritos en la literatura médica y científica. Existen varias causas y de amplio espectro de neumonía atípica no infecciosa. Éstas causas hacen que la neumonía atípica sea más letal que la neumonía típica por varias razones.

Entre éstas causas se encuentran la inhalación de gases tóxicos, disolventes y sustancias. También la penetración de alimentos, bebidas o contenidos estomacales, que entran en los pulmones en caso de desordenes de deglución o inconsciencia, pueden causar neumonía severa (neumonía por aspiración). El agua solamente, es suficiente si entra en los pulmones de una persona que se ahoga, para causar una neumonía atípica severa. Otra causa es el amplio espectro reconocido de malfunciones inmunológicas, tales como alergias y reacciones autoinmunes. También es conocido que la radiación desencadena una inflamación de los pulmones en el cáncer, que no puede ser distinguida de la neumonía típica. La neumonía congestiva es particularmente bien conocida en las personas mayores. La desarrollan debido a la retención de líquidos (edema), estancia prolongada en cama, debilidad cardíaca y/o renal, que puede conducir a una ventilación y circulación sanguínea inadecuadas en los pulmones, y como consecuencia directa, a una inflamación de los pulmones, es decir, neumonía atípica.

Lógicamente, una combinación de causas que de otra forma serían poco críticas, también causan neumonía atípica. Una neumonía atípica puede cambiar rápidamente a neumonía típica si se produce una colonización secundaria de los pulmones inflamados. Ésta es la razón por la que el porcentaje de neumonía atípica, es probablemente más alto que el estimado 20-30%.

Los estudios de las cinco personas documentadas en las dos publicaciones relevantes para la crisis del corona,(6), no investigaron la posible presencia o historial, signos, mecanismos y efectos de éstas causas conocidas de la neumonía atípica. Los virólogos no hacen esto habitualmente de todas formas, y los miembros del CCDC no fueron capaces de hacerlo, incluso bajo las circunstancias de pánico que se dieron. Excluir la mención a la neumonía atípica, es un caso de negligencia profesional seria e impide el correcto tratamiento de los pacientes. Las personas afectadas corren el riesgo de ser tratadas incorrectamente con un cocktail de sustancias antibióticas con numerosos efectos secundarios, que especialmente en caso de sobredosis, es capaz de causar la muerte de los pacientes por sí mismo. El pánico puede incluso ser fatal en un plazo muy corto de tiempo, no sólo en casos de problemas cardiovasculares.

La respuesta a la pregunta crucial de si se ha detectado realmente un nuevo virus, o si solamente están haciendo pasar pequeños trozos de material genético producidos naturalmente en el cuerpo, como componentes de un virus o malinterpretándolos como tales, es decisivo, para que la crisis del corona pueda ser conducida a un rápido final. Igual que con el H1N1, los causantes de la crisis del corona dicen que sólo puede finalizarse mediante la vacunación. Pero la idea de la vacunación ha sido refutada, al igual que la idea de los virus.

Es de ayuda para la evaluación y la clasificación de los eventos que rodean al surgimiento y al mantenimiento de la crisis del Corona, traer a la memoria la ya olvidada pandemia de gripe porcina del 2009, cuando la mayoría de la población fue preparada para ser vacunada contra los supuestos virus de la gripe porcina. Después hubo un retraso en la entrega anunciada de las vacunas. Las vacunas no podían ser rellenadas en jeringas listas para usar, debido a que los nuevos potenciadores de la sustancia activa, que se estaban usando por primera vez, dañaron la mezcla de la vacuna y la volvieron inutilizable. Por lo tanto, se llenaron ampollas con la vacuna para 10 personas por unidad, en las que los potenciadores de la sustancia activa sólo podían ser añadidos justo antes del acto de la vacunación. Durante éste tiempo, se dio a conocer que los potenciadores de la sustancia activa, llamados adyuvantes, sin los que una vacuna no podía desplegar sus efectos, eran nuevos y no habían sido testados. Se pudo saber que éstos nuevos amplificadores de medicamentos consistían en nanopartículas. Se sabe que las nanopartículas son muy reactivas debido a su diminuto tamaño y se usan por lo tanto como catalizadores en muchas reacciones químicas. En procesos técnicos, por ejemplo, hacen que las superficies se comporten de una manera completamente diferente a la que puede obtenerse a través de métodos convencionales. Después se supo que la Canciller Alemana Angela Merkel y las Fuerzas Armadas Alemanas, iban a recibir ésta vacuna, pero sin el ingrediente de la nueva nanopartícula activa, mientras la policía y la población, iban a recibir la vacuna con las nanopartículas no testadas.

Como resultado, el 93% de la población rechazó la vacuna producida para ellos. Sólo el 7% de los Alemanes se administró la vacuna. El metabolismo humano no puede metabolizar y excretar nanopartículas. Debido a ésta negativa de casi toda la población, la gripe porcina desapareció de la noche a la mañana, como por arte de magia, de los medios de comunicación, y las vacunas desaparecieron en los altos hornos.

(Se permite una pequeña polémica: sorprendentemente, el virus de la gripe porcina H1N1 salió disparado al galope, no afectó a más personas, no hizo que la gente en el escenario se enfermase, y se detuvo su presencia en los medios. Quizá el virus de la gripe porcina se haya convertido en el virus de la gripe del pescado, para nadar río arriba en los cuerpos de los salmones, sólo para golpear de nuevo en el mercado de pescados de Wuhan con fuerzas renovadas).

Los epidemiólogos, infectólogos y virólogos implicados, han aprendido de los fracasos del plan pandémico, que no alcanzó el pico de vacunación. Analizaron las causas y publicaron sus hallazgos y sus recomendaciones para el futuro en la publicación N°12 del Bundesgesundheitsblatt. El significativo título de éste número fue “Pandemias. Lecciones aprendidas”, que significa tanto como: Las lecciones que hemos aprendido del debate de la gripe porcina H1N1.

Algunos de los artículos contenidos en éste número, están disponibles en Internet,(8), pero los más importantes no lo están. Las recomendaciones clave para el manejo de las pandemias son:

- Asegurarse de que los expertos no se contradicen entre sí en discusiones públicas
- Implicación temprana de medios de comunicación líderes y redes sociales
- Control de Internet

Ésto es con el fin de prevenir que declaraciones y críticas pongan en peligro el consenso y la aceptación de las medidas políticas y sociales. ¡Éstas recomendaciones han sido ésta vez implementadas con éxito!, Internet está censurado; las críticas se excluyen considerándolas insultos, entre otras cosas. Los argumentos convincentes que han llegado al dominio público y que cuestionan la supuesta pandemia, simplemente no se abordan. Los medios de comunicación y los políticos, sólo escuchan a un experto, el Profesor Drosten. La única “crítica” hacia él, presentada por un virólogo del VIH, tenía como propósito reforzar la afirmación central de la existencia de un nuevo tipo de virus, el SARS CoV-2.

4. La globalización del pánico al virus SARS chino y la preparación del rumbo hacia la crisis del corona por el Profesor Drosten

El Profesor Christian Drosten del Charite de Berlin, afirma que desde el 1 de Enero del 2020, ha desarrollado un método de detección genética con el que puede probar con fiabilidad la presencia del nuevo coronavirus en humanos (9).

El 21 de Enero del 2020, la O.M.S, recomendó el test que él había desarrollado a los chinos y a todas las naciones, como un procedimiento de prueba fiable para detectar la propagación del supuesto nuevo coronavirus (10).

Con el fin de; a) ser capaces de entender qué suposiciones y qué acciones forman la base para las afirmaciones del Profesor Drosten, y, b) para comprobar si sus conclusiones acerca del desarrollo de un procedimiento de test seguro para el nuevo coronavirus están lógicamente y científicamente demostradas o no, o incluso si han sido refutadas, es necesario explicar los términos y las técnicas empleadas para presentar su argumento y para analizar las dos publicaciones decisivas a las que el Profesor Drosten se refiere.

- ¿Cómo se detecta un virus?,¿ y un coronavirus?
- ¿Cómo se detectan las secuencias en éste contexto?
- ¿Cómo funcionan los métodos de detección de secuencias conocidos como PCR, RT-PCR y RT-PCR en tiempo real?
- ¿Cuándo puede la detección de la presencia de secuencias en humanos, ser usada como prueba de la presencia de virus?
- ¿Cómo se prueba científicamente la existencia de un virus?

Términos:

- En ciencia, un virus es definido por su material genético específico, que es único a éste virus.
- Al material genético de un virus también se le conoce cómo hebra genética viral, molécula genética viral o su genoma.
- El material genético viral de un virus, contiene en secuencia, varias secuencias genéticas para la formación de las diversas proteínas virales, conocidas como genes virales.
- El material genético de un virus puede consistir en cualquiera de los dos tipos de moléculas genéticas, ADN o ARN.
- Los coronavirus se caracterizan por el hecho de que consisten en una molécula específica de ARN cubierta por una envoltura.
- El material genético de un virus concreto es definido por su longitud precisamente determinada, y por la determinación exacta de la estructura de la hebra del genoma viral.
- La composición del material genético de un virus resulta de la determinación exacta del número y la secuencia específica de los cuatro bloques de construcción en los que consiste el material genético. Los cuatro bloques de construcción de un material genético se llaman nucleótidos.
- Al proceso para determinar la secuencia específica de los cuatro bloques de construcción de un material genético se le llama secuenciación.
- Al resultado de determinar la secuencia de los bloques de construcción de un material genético, se le conoce como secuencia o secuencia genética.
- Los virus patógenos se caracterizan por el hecho de que su secuencia genética es única y no está presente en organismos sanos.
- Con el fin de ser capaces de detectar y determinar la presencia del material genético de un virus, éste virus debe ser aislado y estar presente en su forma pura, de acuerdo a las leyes de pensamiento y a la lógica que precede a cualquier hecho científico como regla fundamental, de forma que las secuencias genéticas que no son específicas de las células, sean malinterpretadas como los componentes de un virus.
- Sólo es posible determinar la secuencia de una sustancia genética si ésta está presente en forma de ADN.
- Para determinar la secuencia de una sustancia genética que está presente en forma de ARN, debe ser primero convertida bioquímicamente en ADN.
- Al proceso de convertir una sustancia genética de ARN a ADN, se le llama “transcripción inversa” o “transcripción reversa” y se abrevia en inglés como “RT”.

-Las técnicas utilizadas por el Profesor Drostén y las primeras conclusiones:

-La presencia y la longitud de un material genético se determina separándolo longitudinalmente en un campo eléctrico. Los fragmentos cortos migran más rápido, los fragmentos más largos lo hacen más despacio. Al mismo tiempo, con el fin de determinar la longitud del material genético que ha de ser examinado, diferentes longitudes de material genético de longitud conocida son añadidos. Ésta fiable técnica estándar para la detección y determinación de la longitud de un material genético se llama “electroforesis en gel”.

-Si la concentración de cierto material genético es demasiado baja para ser detectada por la técnica de “electroforesis en gel”, éste puede ser amplificado a voluntad a través de una técnica de multiplicación ilimitada de ADN conocida como Reacción en Cadena de la Polimerasa. De ésta forma, ADN indetectable mediante la electroforesis en gel, puede hacerse visible. Éste es un prerrequisito para hacer el material genético accesible para posteriores investigaciones, especialmente para la posterior determinación decisiva de su longitud y secuencia.

-A éste método se le conoce también como PCR para abreviar. El inventor de la técnica PCR, Kary Mullis, que fué galardonado con el Premio Nobel de Química en 1993 por ésta técnica, dejó claro desde el principio que su técnica era muy propensa a los errores. En su discurso del Premio Nobel, que está documentado en la página web del Comité del Premio Nobel, también declaró que no existen pruebas científicas reales, verificables, de que la sustancia genética, llamada el genoma, del VIH, realmente cause una inmunodeficiencia o alguna de las varias patologías, que son englobadas inadmisiblemente bajo el término de “SIDA”, y son tratadas con quimioterapia altamente tóxica. Afirmó que sólo existe consenso entre los científicos participantes, en que el VIH podría desencadenar una deficiencia inmunitaria.

-Con el fin de poder reproducir una molécula de ADN con la técnica PCR, es necesario conocer la composición, la secuencia del ADN. El ADN sólo puede ser multiplicado por PCR, si fragmentos genéticos cortos producidos artificialmente son adheridos al principio y al final del ADN, y que corresponden exactamente a la secuencia del principio y del final del ADN que se quiere multiplicar. Éstos fragmentos cortos de ADN producidos artificialmente son por consiguiente llamados cebadores o iniciadores, las moléculas iniciadoras de la PCR. Están compuestas de una longitud promedio de 24 a 30 nucleótidos (los bloques de construcción de la sustancia genética). Por lo tanto, la PCR no puede ser empleada para detectar secuencias desconocidas o virus desconocidos. Solamente la determinación de la secuencia de un virus hace posible que se pueda desarrollar un test PCR para la detección de una secuencia genética originaria de un virus.

-En las etapas tempranas de la PCR, sólo era posible determinar la cantidad de ADN amplificado a través de la electroforesis en gel, una vez la reacción de amplificación de la PCR había sido detenida. En éste tiempo, ciertos tintes han sido añadidos a las enzimas y sustancias requeridas para la PCR. La detección de éstos tintes en el transcurso de la PCR, muestra qué concentraciones de ADN propagado artificialmente se han producido aproximadamente y cuanto ADN había realmente presente al inicio de la PCR. Debido a que la cantidad de ADN producido artificialmente puede ser determinada mientras la técnica PCR sigue aún en marcha, a ésta extensión de la técnica PCR se le conoce como “PCR en tiempo real”. A la “PCR en tiempo real” que es precedida por otro paso, la conversión del ARN en ADN a través de la “transcripción reversa”(RT), se le llama por lo tanto, “RT-PCR en tiempo real”.

-El Profesor Drosten emplea la técnica “RT-PCR en tiempo real” en el test que ha desarrollado para la detección del nuevo coronavirus. Para éste propósito, seleccionó secuencias genéticas cortas de un banco de datos en Internet, el 1 de Enero del 2020, que se atribuyen a virus del SARS. En base a éstas secuencias de fragmentos genéticos cortos, que son interpretadas como posibles componentes de virus del SARS, él diseñó las secuencias iniciadoras de la PCR decisivas para la PCR, con el fin de detectar el “todavía” desconocido virus en China, con su “RT-PCR en tiempo real”.

-Cuando el 10 y 12 de Enero del 2020 aparecieron las primeras compilaciones de secuencias en Internet, que fueron posteriormente modificadas y publicadas el 24 de Enero del 2020(11), ésto representó el resultado de los dos primeros intentos de identificar el aún desconocido virus. Los virólogos del CCDC usaron programas de ordenador para combinar las secuencias de fragmentos genéticos cortos teóricamente, para ensamblar una posible hebra genética. Los virólogos del CCDC afirman en las dos publicaciones que no hay evidencias de que esas secuencias sugeridas puedan realmente causar enfermedades. El 10 de Enero, y el 12 de Enero del 2020, las propuestas de secuencia chinas, estaban aún pendientes de validación, y no habían sido aún sometidas al proceso estricto de verificación científica que se prescribe en éstos casos.

-El hecho de que la Organización Mundial de la Salud (OMS) recomiende el test de detección PCR desarrollado por el profesor Drosten para la detección del nuevo virus, el 21 de Enero del 2020, antes incluso de la publicación de los dos primeros estudios con las propuestas de secuencia chinas, demuestra un primer hecho: el Profesor Drosten usó datos no verificados científicamente para su rápidamente globalizado test PCR del nCoV del 2019, que fue recalificado como SARS-CoV-2, el 7 de Febrero del 2020(12), con la participación del Profesor Drosten.

-La recalificación del 7 de febrero del 2020 del nombre “nCoV” al de “SARS-CoV-2”, una mera presunción de un posible virus defectuoso o inofensivo, convertido en un patógeno peligroso, dio al público la impresión de que un virus SARS real había sido descubierto en China, que causaba una enfermedad peligrosa, a saber, el Síndrome Agudo Respiratorio Severo (SARS), y que había matado al nuevo ídolo de China, Li Wenliang, que mermó el liderazgo del partido. Con esto, el Profesor Drosten y sus colegas del grupo de nomenclatura de virus, consumaron las expectativas de la población, que había sido aterrorizada hasta el tuétano: “finalmente diagnosticado”. Ésta expectativa fue suscitada por la inercia del pánico de masas desencadenado por el Dr. Li Wenliang y fue completada aparentemente por el Profesor Drosten. El factor decisivo a la hora de evaluar ésta actuación, es el hecho de que en aquel momento, todos los virólogos involucrados directamente, testificaron-y aun lo testifican hoy día-, que no existe ninguna evidencia de que éste nuevo virus realmente cause ninguna enfermedad. ¿O es que sólo aparece en paralelo a la enfermedad, en los procesos de curación, después de los procesos de curación, en algunos individuos sanos, en muchos individuos sanos, o en todos los individuos?

Éste hecho sólo, prueba que el Profesor Drosten ha cruzado claramente la frontera reconocible de la acción científicamente justificada, hacia un perceptible y trascendental fraude. Tampoco le va a resultar posible excusarse a sí mismo utilizando una revista para la publicación de su procedimiento de test el 23 de Enero del 2020(13), que no ha verificado las afirmaciones que allí se vierten, antes de publicarlas.

5. Preguntas decisivas para la rápida terminación de la Coronacrisis

La pregunta central y terminantemente decisiva, es si el Profesor Drosten ha cumplido con sus obligaciones científicas, que son parte de su contrato de trabajo(14), y ha verificado consistentemente todas las afirmaciones realizadas en su publicación acerca de el método de detección que desarrolló y las declaraciones públicas basadas en esto.

A partir de ésta responsabilidad científica central nacen tres preguntas vitales:

¿Comprobó el Profesor Drosten si las secuencias genéticas, que son la base de su procedimiento de test y que recibió de los virólogos chinos, son secuencias que realmente tienen su origen en un virus?

¿Llevó a cabo el Profesor Drosten los experimentos de control que son obligatorios en la investigación científica y que demuestran si las secuencias que empleó realmente tienen su origen en un virus?

¿Llevó a cabo los experimentos de control necesarios para comprobar si las secuencias que él asignó a un nuevo virus, son de hecho secuencias que son producidas en cada metabolismo, quizá incluso en plantas como las papayas tanzanas(15) o que se producen en unas circunstancias de incremento metabólico durante las enfermedades?

¿En base a qué supuestos, experimentos y experimentos de control puede el Profesor Drosten afirmar que su procedimiento de test, mediante el cual sólo es capaz de detectar áreas parciales de dos genes del genoma de un total de diez genes del corona virus, detecta un virus completo, activo y causante de enfermedades?, ¿y no sólo fragmentos de un virus, después de una supuesta lucha victoriosa del sistema inmune o la presencia de virus “defectuosos”, “incompletos” o “inofensivos” en nuestro material genético, que son típicos y que forman un 50% de la masa genética de nuestros cromosomas?

Las respuestas afloran de las acciones documentadas del Profesor Drosten, durante el desarrollo del procedimiento de test y de las documentadas inacciones del Profesor Drosten hasta el día de hoy. El virólogo, Profesor Drosten, que desarrolló el método de detección para el nuevo coronavirus (primero llamado nCoV del 2019, después, a partir del 7 de febrero del 2020 llamado SARS-CoV-2), describe el desarrollo del método de testeo, en un estudio publicado el 23 de Enero del 2020(16). En la página 3 de éste artículo, columna izquierda, 8 líneas empezando desde abajo, describe el primer y decisivo paso de su aproximación: “Antes de que se hiciesen públicas las secuencias del virus de casos del nCoV del 2019, nos apoyamos en relatos provenientes de las redes sociales, que anunciaban la detección de un virus tipo SARS. Por lo tanto, hemos asumido que un CoV relacionado con el SARS está involucrado en el estallido”. Ésto significa que el Profesor Drosten y sus colegas, han asumido, basados en relatos de las redes sociales, que un coronavirus relacionado con el SARS podría estar involucrado en el supuesto estallido de neumonía atípica. En aquel momento, no había disponibles datos clínicos que avalasen semejante suposición. ¿Cual fue su siguiente paso? “Descargamos todas las secuencias virales completas y parciales relacionadas con el SARS(longitud promedio >400 nucleótidos) disponibles en GenBank, el 1 de Enero del 2020”

Continúa en la columna derecha de la página 3, tercera línea empezando por arriba:
“Alineamos éstas secuencias [Nota mía, Stefan Lanka: en base a una secuencia estándar del virus del SARS], y usamos las secuencias alineadas para desarrollar nuestro test(figura S1 en el suplemento de ésta publicación). “Después de la publicación de la primera secuencia del nCoV del 2019 en virological.org, seleccionamos tres test basados en lo bien que se ajustaban al genoma del nCoV del 2019(figura 1). (“Descargamos todas las secuencias virales totales o parciales relacionadas con el SARS(if>400nt) disponibles en GenBank el 1 de Enero del 2020[... .] Éstas secuencias fueron alineadas y el alineamiento fue utilizado para un diseño de ensayo (Figura Suplementaria S1). Tras la publicación de la primera secuencia del nCoV del 2019 en virological.org, tres ensayos fueron seleccionados en base a lo bien que se ajustaban al genoma del nCoV del 2019(Figura 1).

A partir de éstas explicaciones, se pueden extraer respuestas, conclusiones y consecuencias claras:

I. ¿Comprobó el Profesor Drosten si las secuencias genéticas que son la base para su procedimiento de test y que recibió de los virólogos chinos, eran realmente secuencias que tenían su origen en un virus? ¿La respuesta es no! No fue capaz de comprobar si las secuencias empleadas pertenecían a un virus, ya que las dos publicaciones decisivas que describen la extracción de las secuencias de genes utilizadas por él, no estaban disponibles antes de que lanzase al mercado su test.

II. ¿Condujo el Profesor Drosten los experimentos de control obligatorios en la investigación científica y que demuestran si las secuencias que empleó tienen realmente su origen en un virus? ¿Llevó a cabo los experimentos de control que demuestran si las secuencias que él atribuye a un nuevo virus, son de hecho secuencias que ocurren en cada metabolismo, quizá incluso en plantas, o si éstas se producen en mayor número en el metabolismo de las enfermedades?

La respuesta es: ¡No! Ni él, ni los virólogos del CCDC, ni otros, han demostrado llevar a cabo éstos necesarios experimentos de control hasta la fecha, y si lo han hecho, no lo han publicado. Para éstos experimentos de control decisivos, secuencias cortas de genes provenientes del metabolismo de una persona sana se deben usar para secuenciarlos. Éstas secuencias de genes cortas, al igual que las secuencias de genes provenientes de las personas enfermas, deben ser ensambladas con los mismos programas informáticos, para formar la hebra genética larga de un virus. Éste experimento, o bien nunca se ha llevado a cabo, o bien nunca se ha publicado. No existe siquiera una mención a ésta prueba de control obligatoria, que emana de las leyes de pensamiento y lógica de la virología, que tiene como finalidad controlar los propios resultados como consecuencia. En el mismo momento en el que ésta prueba se lleve a cabo y se publique, la crisis del Corona se acabará inmediatamente.

El otro test de control, que está basado en la lógica científica, es el testeo intensivo de muestras clínicas de personas con enfermedades diferentes a las atribuidas al virus, utilizando el método PCR desarrollado(RT-PCR en tiempo real). Éstos experimentos de control adicionales, que son lógicamente necesarios para establecer la validez de un procedimiento de test, es decir, para comprobar si es valido y concluyente, no se han llevado a cabo hasta la fecha, ni siquiera han declarado haberlos realizado. Por ésta razón, los desarrolladores y productores de éstos procedimientos de test, han tomado sus medidas de seguridad, insertando en la caja la información correspondiente, por ejemplo, que los test deben ser usados solamente para estudios de laboratorio, y que no son aptos para el diagnóstico.

Puedo predecir con certeza, que las personas que liberan una cantidad mayor de secuencias genéticas, de un tejido como el epitelio escamoso, por ejemplo pacientes con patologías de riñón, van a dar un resultado “positivo” en el test, en el 100% de los casos, con la PCR desarrollada por el Profesor Drosten, a mínimo que la cantidad de la muestra sea multiplicada y concentrada un poco. Es muy probable que todos los organismos puedan incluso dar positivo en el test.

Hago un llamamiento a los bioquímicos, bioinformáticos, virólogos y especialistas en cultivos celulares, para que lleven a cabo éstos experimentos de control, los publiquen y me informen acerca de los mismos. He diseñado un experimento de control que excluye desde el comienzo la excusa de que el material de muestra utilizado ha sido contaminado con el virus SARS-CoV-2 antes o durante el experimento de control.

Las costas para la realización de los experimentos de control están cubiertas si a mi y a otros observadores neutrales se nos permite estar presentes durante la realización de los experimentos de control y que cada paso sea documentado. Por favor, contactar con el editor para los detalles de contacto. Los resultados pondrán fin a la coronacrisis inmediatamente. No sirve de nada si sólo yo presento los resultados de los experimentos de control.

III. ¿En base a qué supuestos, experimentos y experimentos de control puede el Profesor Drosten afirmar que su procedimiento de test, con el que solamente detecta areas parciales de sólo dos genes, de un genoma con un total de diez genes del coronavirus, detecta un virus completo, activo y causante de enfermedades, y no solamente fragmentos de un virus, después de una agradablemente exitosa batalla del sistema inmune o a través de la presencia de numerosos virus “defectuosos”, “incompletos” e “inofensivos”en nuestro material genético?

El Profesor Drosten no consideró estas cuestiones lógicas para nada, ya que no aparecen en ninguna parte en sus publicaciones y afirmaciones. La detección de secuencias de genes cortas solamente, de una larga hebra de genoma viral, nunca puede probar la presencia de un virus intacto y por lo tanto multiplicable. Para poder considerar válido este test PCR, primero hay que llevar a cabo estudios, cuyos resultados muestren que la detección de secuencias genéticas cortas automáticamente prueba la presencia de una hebra genética íntegra e intacta de un virus. Estos estudios lógicamente convincentes, no se han llevado a cabo ni mencionado hasta la fecha.

La Profesora Karin Mölling, viróloga pionera en el campo de los virus asociados a las células, que son considerados endógenos, inofensivos, incompletos o defectuosos, describe las medidas adoptadas al inicio de la crisis del corona como injustificables. Ella ha mostrado tanto en publicaciones como en un libro(17), que la mitad del material genético de los humanos, es decir, la mitad de las secuencias que componen nuestros cromosomas, consisten en secuencias de genes virales inactivos o defectuosos. Lo que no sabe, o se calla, es el hecho de que el metabolismo produce constantemente grandes cantidades de secuencias genéticas de ARN de cualquier composición, que no aparecen en forma de secuencias de ADN en los cromosomas. Este hecho pone en cuestión las afirmaciones de la existencia de todos los virus ARN, tales como los coronavirus, el virus del Ebola, el del VIH, el virus del Sarampión, o los virus SARS. Este hecho, es también la razón por la que se emplean experimentos de control para poner fin inmediatamente, no sólo a la crisis del corona, sino también al miedo y al mal empleo que hace toda la virología de los supuestos virus patógenos. Puedo asegurarnos que los fenómenos y causas reales de las infecciones atribuidas a virus, han sido probados en el sentido “positivo” de la palabra “ciencia”. Para esto, os remito al artículo previo “La Malinterpretación de los Virus” publicado en la revista WissenschaftPlus N° de Enero del 2020, que puede ser adquirido también en formato pdf. Y por supuesto, a las numerosas contribuciones previas acerca de este tema. La continuación, “La Malinterpretación de los Virus III” vendrá después.

Fuentes:

- (1) A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJ-Moa2001017. Published on 24.1.2020.
- (2) The responsibility of a virologist. Is Christian Do victims or perpetrators rust? Published in the blog of the Friedens activists Peter Frey, peds-ansichten.de on 26.5.2020.
- SARS, Wikipedia. https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_Akutes_Atmwegssyndrom (entry of 29.5.2020);
- (4) Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*. Volume 503, 2013, pp. 535-538, doi:10.1038/nature12711;
- (5) Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. Ben Hu, Lei-Ping Zeng, Xing-Lou Yang et al, *PLoS Pathogens*. 13(11): e1006698, doi:10.1371/journal.ppat.1006698;
- (6) See source 1 and: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>. Published on 3.2.2020;
- (7) Pathological endings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420-22. Published Online February 17, 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X);
- (8) *Bundesgesundheitsblatt*, issue no. 12, December 2010. *Pandemics. Lessons learned* <https://link.springer.com/journal/103/53/12>;
- (9) Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten and colleagues. *Euro Surveill*. 2020;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Published on 23.1.2020.
- (10) Diagnostics: First test for novel coronavirus developed. *Medica magazine* of 21.1.2020. <https://www.medica.de/ene/News/Archive/Diagnostics>;
- (11) See 6; (12) Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses - a statement of the Coronavirus Study Group. *bioRxiv preprint* doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>; (13) See 9;
- (14) §2 Principles of Good Scientific Practice: (1) among others "to consistently doubt all results oneself" and "to observe the recognized principles of scientific work in the individual disciplines. In: New version of the Statutes of Charité - Universitätsmedizin Berlin to ensure Good Scientific Practice of June 20, 2012 (AMB Charité No. 092, p. 658) To be found at: https://www.charite.de/leadadmin/user_upload/portal/charite/press/publications/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf;
- (15) For examples of how the public is dealing with the findings that fruits are also tested "positive" for SARS-Cov-2, see: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-goat-tanzania-test-100.html>
- (16) See 9; (17) See the book by Karin Mölling with the interesting title "Viruses: More Friends Than Foes", 420 pages, which was also published in German in 2016

