



Stefan

Lanka

Virus: un error de interpretación (parte I)



Traducción oficial realizada por el equipo de materialdeNMG bajo el permiso de su autor
Stefan Lanka

El sarampión como ejemplo

Distinto a lo que la mayoría cree, no existe tal cosa como un virus causante de enfermedades. Las suposiciones sobre la existencia de los virus se basan en erradas interpretaciones que hemos arrastrado históricamente y no en engaños o en malas prácticas deliberadas, como yo mismo había supuesto antes. En la actualidad, nuevos y mejores hallazgos “científicos” explican el origen, el tratamiento y la prevención de todo tipo de enfermedades, no sólo las “virales”. Incluso, fenómenos tales como la aparición –simultánea o cercana en el tiempo– de síntomas que hasta ahora habían sido interpretados como consecuencia de un contagio por transmisión de patógenos, pueden ser explicados desde otra perspectiva gracias a estos nuevos hallazgos. El resultado supone una nueva concepción de la vida que realmente viene de antiguo, y de la integración cósmica de todos los procesos.

Esta “nueva”, o mejor dicho redescubierta, manera de ver las cosas sólo puede surgir fuera de la “ciencia”, entre otros motivos, porque los implicados en las instituciones científicas no cumplen con el primer y más importante deber científico, que no es otro que cuestionar y dudar constantemente de todo. De otra manera, ya hubiesen descubierto que las interpretaciones erróneas no sólo llevan mucho tiempo construyéndose, sino que, además, debido a los procesos “anticientíficos” de los años 1858, 1953 y 1954, se han convertido en un dogma.

La transición hacia una nueva explicación de la salud, la enfermedad y la curación sólo será posible en la medida en la que todos los terapeutas y científicos implicados puedan mantener su reputación intacta con ello. Abundan explicaciones, tanto desde el punto de vista histórico como desde la nueva concepción de la biología y de la vida, para todo tipo de emociones, de ignorancia y de comportamientos. Y ésta es la segunda buena nueva; la reversión y el perdón son tanto más efectivos cuando mejor se puedan comprender las cosas y aprender para el futuro.

Sin embargo, me consta que, para mucha gente, puede ser difícil de aceptar intelectualmente la explicación de la realidad que ofrezco en este artículo, en particular para aquellos directamente implicados en el tema, como son los médicos, los virólogos o aquellos empleados en el sector de la salud en general, y en especial para quienes han sido afectados por

diagnósticos erróneos o que, debido a éstos, hayan perdido a seres queridos. La propia dinámica de las teorías de la infección, como en el caso del siDA, BsE, sArs, MErs, Corona y las diversas gripes animales, puede desembocar en el colapso del orden público; por tanto, pido por favor que todos aquellos que lleguen a descubrir los hechos concernientes a la “no existencia” de los supuestos virus, traten el tema de una manera lo más sistemática, objetiva y desprovista de emociones posible.

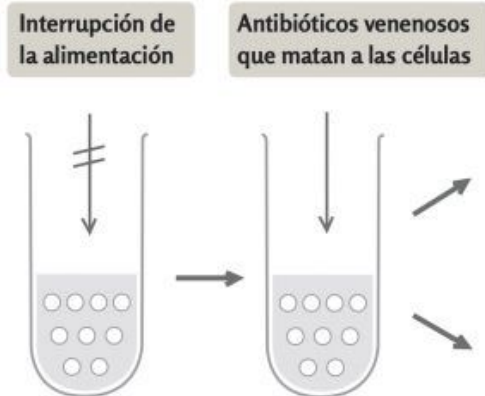
La situación actual

Todas las suposiciones que identifican a los virus como agentes causantes de enfermedades no son correctas y se basan en errores de interpretación fácilmente reconocibles, comprensibles y demostrables. Las causas reales de las enfermedades y de aquellos fenómenos adscritos a los virus ya han sido investigados y están al alcance de todos. En lugar de trabajar con virus, todos los científicos en el laboratorio trabajan con componentes típicos de células o de tejidos moribundos. Creen que dichas células y tejidos mueren porque han sido infectados por un virus. En realidad, esos tejidos y células de “laboratorio” están muriendo de envenenamiento e inanición como consecuencia de las condiciones metodológicas requeridas por el ensayo. En éstos, los virólogos retiran la solución nutritiva en la que conservan a las células y tejidos y los envenenan con antibióticos tóxicos para después exponerlos a sangre, saliva y otros fluidos corporales presuntamente infectados. De esa manera, creen que la muerte de las células y los tejidos es provocada por los virus, pero en realidad ésta ha ocurrido por sí misma sin la intervención de material “infectado” alguno. ¡Y los virólogos no han caído en la cuenta de esto!

Según la lógica científica, deberían haberse llevado a cabo necesariamente pruebas de control con este nuevo método descubierto para la supuesta multiplicación de virus, por las cuales descartar que el método mismo haya sido el que haya generado dichos resultados o los haya distorsionado. En estas pruebas adicionales –las pruebas de control– deberían haberse adicionado sustancias estériles o tejidos sanos de personas y animales a las moribundas células y tejidos bajo investigación. ¡Estas pruebas de control jamás se han llevado a cabo en esta “ciencia” hasta hoy! En el marco del proceso judicial del virus del sarampión, encargué a un laboratorio independiente la realización de estas pruebas de control, con el resultado de que los tejidos y las células murieron de manera idéntica a como lo habrían hecho si hubieran entrado en contacto con material supuestamente infectado.

Gráfico 1:

Faltan pruebas de control, por tanto, se pasa por alto que sólo hay una evidencia hipotética y conceptual, y no material ni científica, de la existencia de los virus.

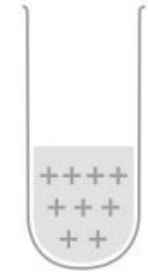
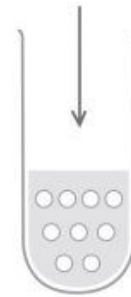


Las células deben estar "hambrientas" para que absorban los virus más fácilmente.

Los antibióticos deben descartar que la muerte esperada de las células sea causada por bacterias.

Inyección con sangre y saliva de personas enfermas

Las células mueren de inanición y envenenamiento

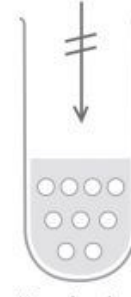


"Experimento de infección"

Creencia errónea: las células mueren a causa de un virus

No hay infección

Las células mueren de inanición y envenenamiento



"Prueba de control" Hasta hoy, ni la medicina ni la "ciencia" han llevado a cabo experimentos de control.

Realidad: Las células mueren de inanición y envenenamiento.

El objetivo de las pruebas de control es descartar que el método o técnica empleado sea el que genere el resultado. Las pruebas de control son la máxima obligación y el fundamento exclusivo según un resultado pueda ser considerado científico. Como veremos más adelante, durante el proceso judicial sobre el virus del sarampión, el perito elegido por el jurado determinó que las publicaciones científicas sobre las que se fundamenta toda la virología no contienen ningún tipo de prueba de control. De ahí extraemos la conclusión de que los científicos implicados actúan de manera muy poco científica sin percatarse de ello.

La explicación de esta manera de proceder, incompatible con cualquier pretensión científica, tiene un punto de partida histórico: en junio de 1954 fue publicada una especulación contradictoria y anticientífica según la cual se consideraba la muerte de células y tejidos en un

tubo de ensayo como un posible indicio de presencia de un virus. Seis meses después, el 10.12.1954, el autor de esta deliberación recibió el Premio Nobel de Medicina por otro tema distinto de naturaleza igualmente especulativa. Con esta distinción,¹ la especulación de junio de 1954 fue elevada al rango de hecho científico y hasta hoy no ha sido cuestionada. Desde entonces, la muerte de células y tejidos en un tubo de ensayo se considera como prueba de la existencia de los virus.

Los indicios aparentes de la existencia de los virus

Todavía hay más. La muerte de tejidos y células también es descrita como el aislamiento del virus, en vista de que –presuntamente– se ha introducido a la muestra del laboratorio material de un organismo externo. Sin embargo, en el sentido estricto de la palabra aislamiento, un virus nunca se ha aislado, es decir, nunca se ha representado como un todo ni se ha caracterizado bioquímicamente. Las fotos del microscopio electrónico muestran en realidad componentes normales de células y de tejidos moribundos. Puesto que los implicados sólo CREEN que los tejidos y las células al morir se transforman completamente en virus, dicha muerte se describe también como multiplicación de éstos. Hasta hoy, los implicados sólo se limitan a creer, ya que el descubridor de este método publicó un artículo de fe que, gracias a su premio Nobel, se convirtió en el referente. Esto será ampliado más adelante.

Esta mezcla sin purificar, compuesta por células y tejidos moribundos provenientes de monos o fetos de res y por anti-bióticos tóxicos, es catalogada como una vacuna “viva atenuada” apta para su uso ya que, aparentemente, contiene virus debilitados. La muerte de tejido y células –a causa de inanición y envenenamiento, y no por una supuesta “infección”– se interpretó y se sigue interpretando erróneamente como prueba de la existencia de virus, así como prueba de su aislamiento o de su multiplicación.

De esta manera, la mezcla tóxica resultante, considerada como vacuna “viva atenuada”, contiene proteínas y ácido nucleico (ADN, ARN) ajenos al cuerpo humano, antibióticos citotóxicos, así como microbios y esporas de todo tipo. La vacuna se les administra a los niños en el hombro en una cantidad que, de ser inyectada en vena, podría causar la muerte con toda seguridad. Sólo en casos de desconocimiento absoluto y de confianza ciega en las autoridades estatales, que “prueban” y autorizan las vacunas, puede alguien describirlas como un “pequeño e inofensivo”

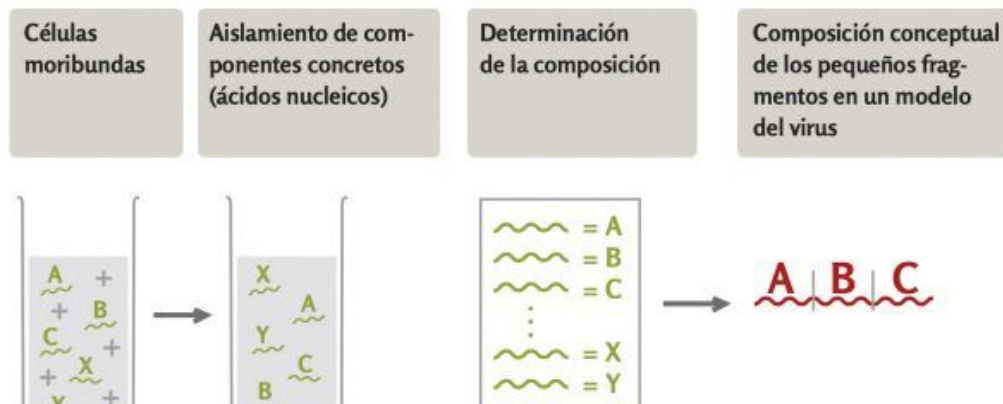
pinchazo. Estos hechos demostrables constatan la peligrosidad y negligencia de aquellos científicos y políticos que alegan que las vacunas son seguras, que no causan efectos secundarios y que previenen contra las enfermedades. Nada de esto es verdadero ni corroborable; al contrario, al mirar de cerca desde una perspectiva científica, no se encuentra ninguna utilidad, sólo se encuentran confesiones sobre la falta de pruebas²acerca de su utilidad.

De los componentes de células y tejidos muertos se extraen componentes específicos que son erróneamente interpretados como virus y conceptualmente añadidos a un modelo de virus. En la totalidad de la literatura “científica” nunca aparece un virus real y completo. El proceso de construcción de un consenso con respecto a qué es y qué no es un virus enfrentó a los implicados en arduos debates que se demoraron décadas en el caso del virus del sarampión. En el caso del supuesto Coronavirus-2019 de China (renombrado entretanto a 2019-nCoV), este proceso de construcción de un consenso ha tardado sólo un par de clics de ratón.

De la sucesión molecular de pequeños fragmentos de ácido nucleico proveniente de células y tejidos muertos, cuya composición bioquímica ha sido previamente determinada, con un par de clics de ratón y un programa informático se construye, según requisitos, un presunto material genético mucho más largo y, en teoría completo, de un virus antiguo o nuevo. En realidad, estas manipulaciones, llamadas alignment (procedimiento de alineación), no arrojan como resultado un material genético “completo” de un virus, al cual se le denomina genoma. Durante el proceso de construcción conceptual de la “cadena de material genético viral”, las secuencias que no encajan se “pulen” y las que faltan se completan. De esta manera se inventa una “secuencia de material hereditario” que ni existe, ni se encuentra como un todo, ni se ha verificado.

Gráfico 2:

Cómo se construye conceptualmente la cadena de material genético de un virus partiendo de moléculas típicas de células normales y cómo se demostró, dentro del proceso judicial del virus del sarampión, que en el caso de los virus no se trata más que de modelos ideales y conceptuales.





Componentes típicos de células moribundas.



En ningún momento aparece virus alguno o es visto dentro del cuerpo.



Los involucrados creen que estos componentes celulares son en realidad fragmentos de virus.

Los involucrados creen que este modelo conceptual representa un "virus", aunque este modelo nunca ha sido encontrado en la realidad.

En resumen, de pequeños trozos, previamente ordenados dentro de un modelo de cadena de material genético viral, se construye conceptualmente un trozo más grande que en realidad no existe. Por ejemplo, en la construcción "mental" de la cadena de material genético del virus del sarampión faltan, en los fragmentos de moléculas celulares bajo estudio, la mitad de las sucesiones moleculares que debieran representar un virus. Estas se generan bioquímicamente de manera artificial o en directo se inventan libremente.³

Aquellos científicos chinos que en definitiva alegan que, mediante determinados ácidos nucleicos provenientes en su mayoría de serpientes venenosas se ha podido construir el genoma del nuevo virus corona 2019 de China.⁴,son víctimas, como todos nosotros, de un desarrollo erróneo a escala global. Cuantas más cadenas de material genético "viral" sean inventadas, tantas más similitudes "coincidirán" con todo lo que hay. Pero, esta equivocación tiene una explicación. Gran parte de la ciencia académica funciona así: una teoría es inventada, uno se mueve dentro de esa teoría, se le denomina ciencia y se presupone que este actuar reflejaría la realidad. La realidad es que sólo se refleja aquella suposición original.⁵

Los tests de los virus

Ante la falta de pruebas de control, los involucrados aún no se han dado cuenta, hasta hoy, que los tests de detección de "virus" siempre detectan como "positivos" a un determinado número de personas en función de cómo se configure el procedimiento de la prueba o test. Para la comprobación del supuesto virus se emplea una plantilla que realmente no proviene de ningún "virus" sino de los tejidos, células y suero (sangre sin componentes sólidos) fetal con los que se ha trabajado, provenientes principalmente de animales como monos y vacas. En vista de que estos animales y las personas son bioquímicamente muy parecidos, está claro que sus componentes –erróneamente interpretados como "virus"– van a ser detectados en todas las

personas por el procedimiento del test del virus. Algunos “virus” y sus respectivas vacunas – (pero no el “virus del sarampión”) proceden de fetos humanos abortados. Resulta obvio que, por un lado, los tests detecten únicamente moléculas presentes en cualquier ser humano y, por otro lado, que las vacunas puedan desencadenar reacciones alérgicas muy peligrosas definidas como “enfermedades autoinmunes”.

El empleo de suero fetal, considerado tejido líquido, ralentiza enormemente la muerte de las células y de los tejidos bajo estudio, hasta el punto en que, sin su utilización, los experimentos difícilmente podrían llevarse a cabo. Sólo el empleo de suero fetal sirve a los científicos: ni el suero de seres vivos adultos ni ningún otro producto sintético es equivalente. Dicho suero fetal no sólo está altamente contaminado, sino que además se obtiene de la manera más cruel posible de fetos animales y de sus madres sin anestesia alguna. Contiene todos los tipos de microbios conocidos e imaginables, sus esporas y una cantidad desconocida de proteínas. De este suero fetal se obtienen –así como de tejidos de riñones de simios– los componentes que conceptualmente conforman el modelo de virus, que no existe en realidad, y que la totalidad de la literatura “científica” nunca ha podido demostrar como un “virus” completo.

Estas sustancias son las bases de las vacunas, lo que hace entendible por qué especialmente las personas vacunadas son más proclives a resultar “positivas” en todos los “tests” de virus a los que se sometan. Los tests sólo comprueban la presencia de los componentes animales de los supuestos “virus” tales como proteínas animales y ácidos nucleicos, que, con frecuencia, son idénticos o parecidos a las proteínas y ácidos nucleicos presentes en humanos. Los tests virales, por tanto, no comprueban nada específico y en ningún caso la presencia de un “virus”, de manera que dichos tests no tienen ninguna validez. Sólo sirven, como en el caso del Ébola, VIH, gripe y demás, para causarle un shock paralizante al paciente, que por sí mismo puede llevarle a la muerte, o a un tratamiento erróneo más o menos peligroso o mortal.

Cabe aquí mencionar que todas las pruebas de detección de un virus nunca dicen “sí” o “no”, sino que se configuran de manera que sólo a partir de una determinada concentración se valora una muestra como “positiva”. De esta manera muchas, pocas o ninguna persona o animal pueden arbitrariamente resultar positivos en función de cómo se haya configurado el test. La dimensión de esta ilusión científica queda patente tan pronto como síntomas “normales” son descritos como SIDA, BSE, gripe, SARS, sarampión etc. exclusivamente cuando se presenta un resultado “positivo” de un test.

Detalles determinantes

Hasta 1952, los virólogos creían que un virus era una proteína o una encima tóxica, que era directamente venenosa y que de alguna manera se multiplicaba dentro del cuerpo humano y se propagaba entre humanos y animales. La medicina y la ciencia descartaron esta idea en 1951, ya que los supuestos virus nunca fueron visibles bajo el microscopio electrónico, y, ante todo, porque sí se llevaron a cabo pruebas de control. De esta manera, se reconoció que también en la descomposición de órganos y tejidos de animales sanos se generaban los mismos desechos que anteriormente se catalogaban como “virus”. La virología se había contradicho a sí misma y se había rendido.⁶

La esposa de Francis Crick, posteriormente galardonado con el premio Nobel, dibujó en 1953 una doble hélice y la publicó en la famosa revista científica Nature como un presunto modelo científico de un material genético, lo cual desencadenó un revuelo y una expectativa con muchas consecuencias posteriores y dio origen a la llamada genética molecular. De pronto se buscaban las causas de las enfermedades en los genes. La idea de lo que era un virus cambió de la noche a la mañana: ya no era una toxina, sino una secuencia genética peligrosa, un material hereditario, una peligrosa cadena de material genético viral. Fueron químicos jóvenes quienes fundaron la nueva virología del gen. Estos químicos no tenían ni idea de biología ni de medicina, pero contaban con recursos ilimitados para investigar. Ni ellos mismos sabían que la vieja virología se había rendido.

Hace más de 2000 años ya dijo Jesús: “Perdónalos, porque no saben lo que hacen”. En el año 1995, una vez hicimos la pregunta de la demostración y publicamos las respuestas, podemos añadir: y porque no pueden admitir que lo que han aprendido y practicado no es cierto y, aún más, que es peligroso para la salud. Porque hasta la fecha, nadie ha tenido la amplitud de miras ni el valor de decir la verdad y se han desarrollado todo tipo de conceptos carentes de demostración científica acerca del “sistema inmune” o de la “epigenética” para sostener unas teorías inventadas y ajenas a la realidad.

En 1858, la teoría de las células y de la enfermedad causada por un veneno (lat. Virus) de Virchow se elevó al rango de dogma y de ella se derivó por primera vez, por lógica forzosa, la idea de un virus no definido. Más tarde, apareció la idea de las bacterias patógenas, después la idea de las

toxinas bacteriales, tras ella la idea del virus-toxina hasta desembocar en la renuncia de dicha teoría en 1952. Desde 1953, se desarrolló la idea del virus-gen a partir de la idea original de Virchow del veneno causante de enfermedades, y ésta sirvió como base para la elaboración de la teoría de los genes cancerosos. La “guerra contra el cáncer” se fundamentó durante la era Nixon y, posteriormente, la idea del gen capaz de cualquier cosa. todas las ideas sobre los genes fueron completamente contradichas en el año 2000. En ese año se publicó con datos incoherentes el llamado Proyecto Genoma Humano con la ridícula afirmación de que había podido descifrarse todo el genoma humano, aun cuando más de la mitad tuvo que ser inventado.⁷

Hasta hoy, la población no es consciente de que los académicos implicados muy difícilmente van a reconocer parte de su culpa en estos desarrollos erróneos con tan enormes repercusiones.

Los supuestos bacteriófagos

Lo que se conoce como bacteriófagos o fagos fueron el modelo para la idea, desarrollada en 1953, del virus-gen en el cuerpo humano, animales y plantas. Su existencia se conocía desde 1915, pero no fue hasta la introducción del microscopio electrónico en 1938, cuando se pudo fotografiar a estos fagos, aislarlos completamente como partículas y determinar y caracterizar bioquímicamente todos sus componentes de una vez. El aislamiento, que conlleva concentrar las partículas y separarlas de todos los demás componentes (= aislamiento) para posteriormente fotografiarlas en dicho aislamiento y caracterizar dichas partículas aisladas químicamente, nunca se ha llevado a cabo con los supuestos virus que afectan a humanos, animales y plantas por el mero hecho de que no existen.

Los investigadores de bacterias y fagos que, por el contrario, sí trabajan con estructuras reales, son los que aportan el modelo de cómo podrían verse los virus que afectan a personas, plantas y animales. Estos “especialistas en fagos” han pasado por alto en la caracterización de estos fagos como devoradores de bacterias, que el fenómeno de creación de estas partículas no es más que un efecto extremo del cultivo de bacterias de manera endogámica en laboratorio. Este efecto, la formación y liberación de fagos (devoradores de bacterias, alias virus de las bacterias), no se encuentra en bacterias auténticas recientemente obtenidas de organismos o del entorno. Las bacterias no cultivadas se transforman en las conocidas como formas de supervivencia, las

esporas, cuando a dichas bacterias se les retiran lentamente las soluciones nutritivas o las condiciones de vida se vuelven imposibles. Esta forma de espora les permite sobrevivir largo tiempo o hasta “infinito” de manera que, una vez que vuelvan a darse las condiciones de supervivencia necesarias de dichas esporas, volverán a surgir automáticamente nuevas bacterias.

Sin embargo, si estas bacterias son aisladas para luego ser multiplicadas una y otra vez, pierden poco a poco todas sus cualidades y capacidades. Muchas de ellas mueren durante el proceso de cultivo endogámico, pero no automáticamente, sino que se transforman abruptamente en pequeñas partículas que, dentro de la concepción de la teoría del bien y el mal, son interpretadas erróneamente como bacteriófagos. En realidad, estas bacterias están constituidas por los “fagos” y se reconvierten nuevamente en estas formas de vida cuando las condiciones de supervivencia no son la idóneas. Günther Enderlein (1872–1968) describió este proceso de generación de bacterias a partir de estructuras invisibles, así como su evolución a formas más complejas y su vuelta a la etapa anterior.

Basado en estos motivos rechazó la teoría de las células según la cual la vida procede de las células y está celularmente organizada.⁸ Yo mismo, siendo un joven estudiante, aislé uno de estos “fagos” encontrado en un alga marina y en su momento creí haber descubierto el primer virus “inofensivo”, el primer “sistema de virus-huésped”.⁹

La concepción de que las bacterias son organismos que pueden vivir autónomamente sin otros seres vivos no es correcta. De manera aislada mueren automáticamente transcurrido un tiempo. Los implicados no han caído en la cuenta de que tras el “aislamiento” exitoso de una bacteria una parte de la muestra se congela y se trabaja con ella durante décadas. El concepto de la bacteria, la idea, de que puede ser un organismo vivo autónomo, es un artefacto de laboratorio, es un error de interpretación.

La suposición resultante de que las bacterias no mueren es también incorrecta. Inmortales son las bacterias únicamente cuando se encuentran en simbiosis con muchas otras bacterias, hongos y posiblemente con muchas otras formas de vida desconocidas, o difícilmente caracterizables, como las amebas. Las amebas, bacterias u hongos, crean esporas tan pronto como las condiciones de vida dejan de ser las óptimas y despiertan tan pronto como éstas vuelven a un nivel óptimo. Si se compara con el ser humano se llega a la misma conclusión: Sin un entorno vivo, del cual, y con el cual se pueda vivir, nada puede existir.

Esto va más allá. No sólo la concepción antes mencionada se cae por su propio peso, también la idea y la suposición del hecho aparentemente comprobado de una materia muerta. Las observaciones y suposiciones de una “materia activa” (como los físicos la denominan) y animada es desestimada como vitalismo anticientífico. Sin embargo, hay indicios de que todos los elementos, a los que la “opinión predominante” de la “ciencia” no les concede ninguna fuerza vital, se desarrollan desde la sustancia original de la vida.¹⁰: la sustancia de la membrana del agua. De los elementos se originan los ácidos nucleicos y en torno a ellos la vida biológica en forma de amebas, bacterias, tardígrados (osos de agua) y otras formas cada vez más complejas. Hay dos saberes que fundamentan este enfoque. El primero de ellos puede uno verlo en sí mismo y en otros, en concreto que la vida biológica en forma de nuestro cuerpo es una materialización de unidades de conciencia.

Las interacciones y cambios concretos de nuestros órganos y psique, causados por choques de información como por ejemplo una palabra hiriente o liberadora, son entendibles y corroborables en uno mismo y en otros y permiten una cierta predictibilidad. Con ello se cumplen los tres criterios de la caracterización científica.¹¹ Estos conocimientos y este saber acerca de las interrelaciones nos liberan de la mentalidad dualista de bueno-malo llena de miedo y de los consiguientes patrones de conducta. Con esta iluminadora comprensión se explican los fenómenos de la enfermedad, la curación, las crisis en los procesos de curación, los bloqueos en dichas curaciones y los fenómenos de la sucesión de enfermedades, alias contagios en la antigua manera de pensar. Virus, es hora de que te vayas.¹²

La pesadilla de los científicos materialistas parece haberse hecho realidad: la materia, en apariencia inanimada, es materia animada y vital. El vitalismo, según el cual hay una fuerza vital inherente a todo, fue combatido por los filósofos griegos post-socráticos Demócrito y Epicuro y por la Ilustración que se remitió y legitimó expresamente en ellos. La fundamentación explícita era evitar que se repitiera el abuso de la fe que se había dado a lo largo de la historia. Hasta aquí, todo bien. Sin embargo, los ilustrados obviaron que al negar y desestimar como no cuantificable a la conciencia, al espíritu y a sus áreas de efecto, se convirtieron ellos mismos de manera no intencionada en destructores de la vida y en enemigos mortales del hombre. Ellos adaptaron en su concepción materia- lista del mundo, punto por punto, todas las interpretaciones históricas del dualismo del bien y el mal, características de los filósofos, de las religiones y de los teóricos del estado.

Estas interpretaciones del bien y el mal, descubiertas y descritas por Silvio Gesell.¹³ (en el campo

de la medicina) y por Iván Illich¹⁴ (en general), se incrementan constantemente¹⁵ por motivos de beneficio económico, con consecuencias fatales. Nuestro sistema monetario, con su inherente imposición de crecimiento constante y creciente, genera crisis cíclicas y conlleva ganadores cada vez más poderosos y simultáneamente pobreza y miseria crecientes. Los implicados, que desconocen los obstinados y matemáticos mecanismos propios del sistema monetario, interpretan esto como la existencia de un principio independiente de maldad. Las personas éticamente puras del lado de los ganadores entienden sus ganancias, inevitablemente generadas, como gracia o elección divina. Esto no sólo fue la base del maniqueísmo (Mani = fundador de la religión, sus seguidores = maniqueos), sino que además fue y es la fuerza de empuje de los aspectos peligrosos y las repercusiones de la industrialización, como ya detectaron Max Weber y otros.

Resurrección de la virología abandonada en 1951/1952 por el ganador del premio Nobel, John Franklin Enders

El contexto más amplio del desarrollo erróneo de la biología y medicina, el dogma infundado de la llamada teoría celular según la cual el cuerpo se desarrolla a partir de células y no de tejidos, ya ha sido tratado en diferentes publicaciones de la revista WissenschaftPlus desde 2014. En 1858 fue libremente inventada la teoría celular de la vida, la “patología celular”, base exclusiva hasta hoy de la biología y medicina. Ésta alega que todas las enfermedades provienen de una célula que se degenera creando un veneno, virus en latín, que enferma. Dos puntos fundamentales fueron condición indispensable y base de la aceptación global actual de la patología celular, sobre la que se desarrollaron necesariamente las teorías de la infección, del cáncer, de los genes y del sistema inmune:

a. La teoría celular sólo pudo imponerse gracias a que Rudolf Virchow ocultó conocimientos cruciales sobre los tejidos. Los conocimientos ya existentes en 1858 acerca de la constitución, función e importancia central de los tejidos en el desarrollo y visibilidad de la vida refutaban en lo fundamental a la teoría de la célula y las teorías de ella derivadas del cáncer, los genes y la inmunidad.¹⁶

b. Las teorías de la infección sólo pudieron establecerse como un dogma global gracias a las políticas concretas y a la eugenesia del Tercer Reich. Antes de 1933 determinados científicos se

atrevían a contradecir estas teorías, después de 1933 estos científicos críticos fueron apartados.¹⁷ Cabe mencionar que tanto los expertos de uno y otro lado se encontraban mayoritariamente en Alemania por aquel entonces.

Para trabajar con “virus” y poder llevar a cabo pruebas aparentes de infección, los “primeros” virólogos previos a la renuncia de la virología en 1952 estaban obligados a licuar y filtrar los tejidos “enfermos” y descompuestos. El filtrado concentrado contenía, según se creía, el veneno de la enfermedad, una toxina, que era constantemente producida por las células enfermas. Un “virus” era hasta 1952 un veneno patógeno en forma de una proteína que, como una enzima, de manera desconocida causaba un daño que desembocaba en una enfermedad y que podía propagarse. La idea de un virus tras 1953, año de la publicación de una supuesta sustancia genética en forma de hélice alfa, era una perniciosa sustancia genética envuelta en una capa de proteína. Entre 1952 y 1954 tuvo lugar un cambio de paradigma de cómo debía de imaginarse un virus.

Con los líquidos filtrados de órganos o fluidos descompuestos, que supuestamente contenían dichas proteínas y enzima que representaban al virus, se llevaron a cabo “experimentos de infección” con animales. Los resultados debían demostrar que había un virus presente y que causaba la enfermedad que se le atribuía. Lo que nunca se mencionó públicamente es que los síntomas atribuidos al virus nunca pudieron replicarse en los experimentos con animales, sólo se consiguieron síntomas “similares”. Estos síntomas similares en animales se equiparaban con las enfermedades humanas. Esto no puede considerarse como una comprobación científica, al contrario.

Aún hoy faltan en los “experimentos de infección” pruebas de control, es decir, la comprobación de que los síntomas provocados sean causados por un virus y no por la “manipulación” de las muestras durante el llamado “experimento de infección”. Con el fin de descartar que no fueron los fluidos de tejidos descompuestos los que causaron los síntomas en las pruebas con animales, se debería de haber llevado a cabo exactamente el mismo procedimiento, pero con otros fluidos esterilizados, para comparar. Esto en cambio nunca ha ocurrido. Hasta hoy se llevan a cabo experimentos crueles con animales durante los que –como, por ejemplo, para demostrar la transmisibilidad del sarampión– se inmoviliza y rasura a un mono en una cámara de descompresión y se le introduce supuesto líquido infectado mediante una sonda por la nariz hasta llegar a la tráquea y los pulmones. Los mismos daños en el animal serían causados por el empleo de una solución de sal de cocina, de sangre esterilizada, pus o saliva. Los síntomas

provocados, que sólo son “parecidos” a los del sarampión, son equiparados igualmente a los del sarampión.

Los fluidos presuntamente infectados son pasados por un filtro impermeable a bacterias y/o calentados ligeramente. De esta manera deducen los científicos que el sufrimiento y la muerte de los animales en los experimentos de infección no será provocado por bacterias, sino por patógenos más pequeños, los virus. Los implicados ignoran hechos ya conocidos anteriormente, como que existen un número extremadamente más alto de bacterias desconocidas que conocidas, que muchas de ellas son resistentes al calor y que sus esporas no se pueden filtrar. Aquí también es importante mencionar que de igual manera no hay indicios de que las bacterias provoquen enfermedades. Toman parte a menudo en procesos de enfermedad como lo hacen los bomberos para apagar un incendio. no son causantes, sino parte de los procesos de reparación con pleno sentido biológico. Como prueba aparente del supuesto papel negativo de las bacterias tenemos sólo –como en el caso de los virus– experimentos con animales extremadamente crueles y sin sentido que adolecen del mismo problema: la falta de pruebas de control.

Enders y la Polio

Hasta el año 1949, los virólogos reproducían los presuntos virus-proteína poniendo un fragmento de material descompuesto proveniente de un “tejido infectado” por el virus sobre una lámina de tejido “sano” del mismo tipo. La propagación de la descomposición, que era visible y pasaba del tejido “enfermo” al sano, se interpretó erróneamente como la multiplicación y propagación del virus, del veneno patógeno. Las pruebas de control, llevadas a cabo en 1951 por primera vez por los virólogos de entonces, constataron que se trataban de procesos de descomposición normales y no de un virus presente únicamente en tejidos “enfermos”.

Enders “descubrió” por casualidad en 1949 –en un momento en el que no pudo disponer de tejido nervioso reciente y “sano”– que también otros tejidos distintos a los nerviosos se veían afectados por la descomposición cuando entraban en contacto con fragmentos de cerebro de una persona muerta por “polio”. Hasta entonces los virólogos tenían la creencia de que cada virus podía reproducirse únicamente en aquellos tejidos a los que podía dañar. Por el supuesto “descubrimiento” de que los “virus” pueden multiplicarse en otros tejidos dentro del cuerpo

humano sin dañarlos, Enders y sus colaboradores obtuvieron el 10 de junio de 1954 el premio Nobel de Medicina.

Desde entonces, el presunto “virus de la Polio” se reproducía mezclando piel humana de un feto y tejido muscular de un feto con fragmentos de cerebro de personas muertas por polio y llevando la mezcla a la descomposición. El filtrado resultante se consideraba que contenía el virus. El famoso Jonas Salk tomó esta idea sin mencionar a sus descubridores. El filtrado de piel y músculo de feto humano lo empleó Salk como vacuna contra la Polio y declaró ante el New York Times que la vacuna era efectiva y segura, lo cual le generó a Salk ganancias de millones, gracias a la vacuna contra la Polio. Por supuesto, no implicó a los descubridores de esta idea de emplear tejidos de fetos humanos descompuestos.¹⁸

Por estos motivos, Enders trabajó bajo mucha presión para desarrollar una nueva técnica sobre la cual pudiera reclamar sus derechos desde el principio. Decidió apoyarse en el segundo ámbito más lucrativo de la teoría de la infección: la sintomática definida como sarampión. Así, Enders trasladó la idea y los métodos de la bacteriología y creyó que los fagos eran los virus de las bacterias.

Análoga a la técnica ya conocida de demostrar la acción bactericida de añadir fagos a un césped bacteriano (placa Petri con una gelatina que contiene bacterias y alimento para las mismas), Enders desarrolló una para los virus en la que, a un frotis de tejido, se le añadían fluidos presuntamente infectados. De manera análoga a la muerte de las bacterias por los fagos, la muerte del frotis de tejido con la presencia del supuesto virus del sarampión fue equiparada con la prueba de su existencia, de su aislamiento y de su reproducción.¹⁹ Exactamente este mismo protocolo es el empleado hoy para el sarampión y, con pequeños cambios, para la “comprobación” del resto de virus causantes de enfermedades. La mezcla de tejidos y células muertas es calificada como vacuna “viva atenuada”. No obstante, si los científicos sólo aíslan proteínas individuales del virus, asumen que éste ha “muerto”; y si se emplean estos componentes individuales para las vacunas, hablamos entonces de vacuna inactiva o muerta.

En comparación con otras vacunas, Enders asoció un notorio alto número de muertos y afectados por la vacunación de Polio de Salk a la contaminación de la vacuna con otros virus humanos desconocidos; argumento al que, por otra parte, se aferran sin fundamento los conspiradores del “bien y el mal” con sus suposiciones acerca de los virus creados en laboratorio y las armas biológicas. Enders trabajó por tanto con tejidos de riñones de mono y de suero fetal

(sangre sin componentes sólidos) provenientes de caballos y terneros, y no de humanos.

Hay cuatro diferencias determinantes que distinguen la comprobación de los fagos de las bacterias, que realmente existen, de la comprobación, según Enders, de los presuntos “virus” de humanos y animales. Estas diferencias hacen aún más evidente lo erróneo de las hipótesis de Enders; quien debido a su premio Nóbel –y a pesar de sus dudas claramente formuladas– llevó a todo el gremio, y con él a todo el mundo (ver sólo el pánico del coronavirus) a una trampa... con la excepción de un bonito e inquebrantable pueblo suabo a orillas del lago Constanza:

1. Los fagos de las bacterias son aislados en realidad, y en un sentido pleno de la palabra “aislamiento”, con métodos estándares (centrifugación por gradiente de concentración). Justo tras el aislamiento son fotografiados en el microscopio electrónico; y en un paso es determinada tanto su pureza como la composición bioquímica de sus componentes: las proteínas y el material hereditario contenido.
2. En el caso de todos los “virus” de humanos, animales o plantas, nunca se ha aislado un virus, tampoco se ha fotografiado en aislamiento y sus componentes no se han representado bioquímicamente. Lo que ocurrió fue un proceso de construcción de un consenso que, a lo largo de los años, fue identificando componentes individuales de células muertas y asignándolos conceptualmente a un modelo de virus. En este proceso de interpretación estaban los fagos, que sirvieron como modelos para los primeros “virus” dibujados.
3. Los tejidos y células empleados para la “comprobación y reproducción” de los “virus” son previamente tratados de manera muy concreta antes de ser expuestos a la “infección”. Primero se les retira el 80% de la solución nutritiva para dejar hambrientas a las células y que absorban mejor a los virus. La muestra es expuesta a antibióticos para descartar que sean las bacterias –siempre presentes en los tejidos y en los sueros– las causantes de la muerte del tejido. Desde de 1972, la Bioquímica reconoció que los antibióticos empleados ya dañan y matan a las células por sí mismos sin que los virólogos tuvieran este hecho en cuenta. Los factores de “inanición” y “envenenamiento”, que en evidencia causan la muerte de las células, son en cambio interpretados erróneamente como prueba de la presencia, aislamiento, efecto y multiplicación de los supuestos virus.
4. Las pruebas de control obligatoriamente requeridas por la ciencia, con las cuales se podría descartar, que en lugar de un virus lo que hay es solamente componentes típicos de células erróneamente interpretados como virus, no se han llevado nunca a cabo. Estas pruebas de control sí se llevaron a cabo en el caso de los fagos con su correspondiente

comprobación, aislamiento y caracterización tanto bioquímica como mediante el microscopio electrónico.

Las especulaciones de Enders del 1 de junio de 1954²⁰ acerca de la posible comprobación de un “agente” que “eventualmente pudiera” tener un papel en el sarampión fueron elevadas al rango de “hecho científico” tras ganar el premio Nobel por su “vacuna de la Polio”, hecha con fetos humanos. No sólo eso, dichas especulaciones acabaron siendo la base fundacional de la nueva virología genética después de 1952. Unos meses después de ganar el premio olvidó y ocultó sus dudas expuestas en la publicación de 1954. Él supuso –molesto por el robo de la idea de la vacuna de la Polio por Jonas Salk– que todos los futuros desarrollos referentes a una vacuna del sarampión se basarían en su técnica.

Enders, en el proceso de matar sus cultivos de tejido de manera inintencionada (sin pruebas de control –¡lo que juega un rol principal en la defensa frente a la imposición de la vacuna del sarampión!–, añadió un frotis de un joven de 11 años, supuestamente enfermo de sarampión, llamado David Edmonston a su muestra de tejido, lo que dio al modelo original del virus del sarampión, así como a la vacuna, el nombre de “cepa Edmonston”. Aquí cabe mencionar que la sin- tomatología adscrita a una enfermedad concreta cambia con el tiempo y en aquel entonces la enfermedad del joven fue identificada como “sarampión”. Incluso hoy una enfermedad puede tener distintas definiciones según el país. Como ya hemos mencionado, la muerte del tejido de muestra fue conceptualmente englobada dentro de un modelo de virus. Una parte de la mezcla de tejido inintencionadamente muerto de simio y de suero fetal de ternero se congela para, a través de la sucesiva inoculación de tejidos muertos, fabricar nuevamente “virus del sarampión” y “vacunas vivas atenuadas” del mismo. Es decir, el cultivo celular original que dio lugar al “virus” y a la “vacuna” se renueva progresivamente.

La importancia de la victoria en el proceso judicial del virus del sarampión

Los puntos decisivos del proceso judicial del virus del sarampión (2012 – 2017) como los dictámenes periciales, protocolos y sentencias a los que en lo sucesivo me voy a referir, se pueden encontrar de manera gratuita en internet en www.wissenschaftplus.de/blog/de. otros dictámenes periciales y refutaciones de las suposiciones del virus del sarampión, que el jurado

no tomó en cuenta, pueden encontrarse publicadas entre 2014 y 2017 en diversas ediciones de la revista *WissenschaftPlus*.

El trasfondo del proceso judicial del virus del sarampión comenzado en 2011 fue, nada más y nada menos, la protección de la exigencia de vacunarse obligatoriamente contra el sarampión. Una antigua ministra federal de justicia me llamó y me preguntó por pruebas actuales con las que evitar la imposición de la vacunación obligatoria frente al sarampión. Un fiscal superior nos dio el consejo de organizar un concurso para así asentar, en el juicio resultante, un precedente judicial en el derecho civil que asentara que no hay pruebas científicas para las suposiciones acerca de la existencia de un virus del sarampión, ni de la supuesta seguridad y eficacia de una vacuna contra el mismo. Esto funcionó completamente y se puede comprender si se sabe que la publicación de John Franklin Enders del 1 de junio de 1954 se convirtió en la única y exclusiva base de toda la nueva virología del gen; es decir en la base de la producción de vacunas con “virus vivos”, después de que la vieja virología se auto disolviera en 1951–1952.

Como sabía que el Instituto Robert Koch (IRK), en contra de su obligación legal, no había publicado un solo documento sobre la supuesta existencia del virus del sarampión, exigí para la obtención de un premio de 100.000 euros la presentación de una publicación científica del IRK que incluyera una argumentación pormenorizada y científica que evidenciara la existencia del virus del sarampión. Un joven médico proveniente del Sarre me presentó seis publicaciones, ninguna de ellas del IRK: la publicación original de Enders del 1 de junio de 1954 y otras cinco que se refieren exclusivamente a Enders, entre ellas la única revisión sistemática del estudio del virus del sarampión. En este trabajo se relata con detalle la ardua búsqueda de un consenso, que duró décadas para determinar qué componentes de los tejidos moribundos debían ser incluidos en el modelo del virus del sarampión y cuáles no. Además, se describe cómo el modelo del virus del sarampión fue modificado constantemente.

Yo le respondí al joven médico que, en las publicaciones presentadas, no se veía en ninguna parte estructuras virales, sino componentes y estructuras propias de las células. Él, por su parte, me urgió a pagarle la suma completa del premio con el fin de evitarme una ardua (como así fue) “disputa legal”. Luego, interpuso una demanda judicial ante el jurado provincial de Ravensburg sin presentar las seis publicaciones. El jurado falló en mi contra sin ni siquiera haber tenido en la mano las seis publicaciones ni haberlas incluido en el acta. Además, la condena impuesta por el jurado provincial de Ravensburg tuvo lugar en condiciones fuera de lo común.²¹

El demandante, en el juicio de apelación ante el tribunal Superior de Justicia de Stuttgart,

reconoció ante el juez que no había leído las seis publicaciones. Él confiaba, por tanto, exclusivamente en la “ardua disputa legal” como única vía para derrotarme a mí y, por ende, derrotar la refutación central del concepto de vacunación.

Probablemente fue víctima él mismo de la creencia errónea de los virus al confiar en sus colegas, los mismos que tampoco se percataron del desarrollo erróneo de la medicina desde 1858. El no querer comprobar ni poner en duda sus hipótesis, los hizo tanto agresores como víctimas de la creencia en las teorías de la infección y en la confianza en las vacunas.

Es creíble que el demandante, que me presentó a mí las publicaciones, pero no al jurado, nunca leyera los textos. Como mínimo él no los buscó, ya que son exactamente las únicas publicaciones, entre los más de 30,000 artículos científicos que tratan el “sarampión”, que hacen referencia a la hipótesis de que el sarampión existe. Todos los demás, cuya cantidad es imposible de manejar por una sola persona, parten “a priori” del hecho de que el virus del sarampión existe y se limitan a remitirse “a la cita de la cita” sin tratar el tema de la existencia directamente. En conclusión, todo se retrotrae a la aparente “demostración” llevada a cabo por Enders el 1.6.1954.

El jurado del tribunal de distrito de Ravensburg se decidió en 2014 a procesar la demanda interpuesta por el ya entonces médico y concluyó que, para el pago del premio, no era necesario presentar publicaciones del Instituto Robert Koch. También se concluyó que tampoco era necesario que la comprobación de la existencia del virus fuera presentada en una única publicación, sino que la exigencia de comprobación del concurso podía cumplirse con la suma de 3366 publicaciones (la suma de publicaciones citadas en los 6 artículos presentados como evidencia) de los años 1954 a 2007.

El perito seleccionado por el jurado, el Prof. Dr. Dr. Podbielski de Rostock, argumentó en consecuencia (o el jurado provincial ajustó su decisión de apertura a la opinión del experto): “Tengo que aclarar con respecto a la terminología, que las comprobaciones en el sentido clásico como en la matemática y la física no se pueden dar en la biología. En la biología sólo se puede de antemano recabar indicios, que en algún momento en su conjunto pueden alcanzar valor probatorio”.²²

Debido a esta suposición extremadamente anticientífica, fruto de la falta de pruebas de Podbielski y de su sesgo causado por las discrepancias entre la realidad y sus creencias

preconcebidas, ocurrió algo que los investigadores de la conducta definen como conducta de desplazamiento. Podbielski inventó, en su desesperación, una excusa a modo de escapatoria, concretamente que la biología y la medicina que se basa en ella, la vacunación etc. son per se anticientíficos y carecen de comprobación posible: sólo una colección de indicios puede “en algún momento” y “de alguna manera” (=práctica) alcanzar valor probatorio. Dicha confesión sobre la poca practicidad de la biología y medicina actuales, así como de su evidente falta de rigor científico, no se ha plasmado nunca de manera tan clara.

Lo más importante ahora mismo es hacer un uso efectivo, por ejemplo por la vía legal, de estas y otras evidencias sobre la falta de rigor científico acerca de la teoría de la infección y de las políticas de vacunación, que ya están suponiendo una agresión a nuestros derechos fundamentales. Desde el 13 de febrero de 2020 se estableció con carácter legal la obligatoriedad de la vacunación del sarampión en Alemania y el 1 de marzo de 2020 se hizo efectiva dicha imposición. Esta imposición debe desaparecer. Pueden encontrar más información al respecto en nuestro Newsletter.

Continuación de este artículo sobre:

1. La obligación de la ciencia a realizar pruebas de control. En contra de la declaración judicial protocolizada del profesor Podbielski y de sus suposiciones, ni la publicación central presentada como prueba de la existencia del virus, ni las publicaciones subsiguientes, contienen pruebas de control.²³

2. La importancia central del veredicto judicialmente vinculante del tribunal superior de justicia de Stuttgart del 16 de febrero de 2016, número de expediente 12 U 63/15, para la totalidad de la virología y de la vacunación.²⁴

3. Reportes y recomendaciones que ya se han llevado a cabo para “revertir” la obligatoriedad de la vacunación del sarampión serán expuestos en la próxima edición Nr. 2/2020 de WissenschaftPlus.

Listado de fuentes

1. El Premio Nobel es, por muchos motivos, lo más bochornoso que le puede ocurrir a un

científico y a la sociedad:

– todos los conocimientos se basan en la “opinión predominante” del mundo académico con su pretensión de exclusividad.

– Casi todo el conocimiento hasta la actualidad ha resultado ser falso en un periodo de tiempo de unos pocos años hasta unas décadas. Los premios Nobel impiden el avance del conocimiento científico en cuanto dogmatizan suposiciones.

– Sólo un pequeño número de personas extremadamente elitistas alejadas de la realidad deciden qué es y qué no es ciencia. Estas personas marcan las modas “científicas” y sus métodos y reprimen cualquier otro conocimiento que les contradiga. Vía “Peer-Review”, es decir mediante la revisión de las publicaciones científicas antes de su publicación, se descartan de ser publicados hallazgos o resultados indeseables que contradigan los propios dogmas y visiones. Al respecto pueden ver el reportaje sobre el premio Nobel de la edición de la revista WissenschaftPlus Nr. 1/2017, inclusive una escultura, que da en el clavo de la problemática y que dice mucho más que cualquier palabra ↩

2. La asociación Libertas&Sanitas;Sanitas, en sus esfuerzos por evitar la obligatoriedad de la vacunación, ha publicado información muy completa sobre el saber disponible de los trabajadores responsables de las autoridades de la salud. Con ello se ha demostrado que en Alemania no hay datos disponibles de los que se pueda concluir que las vacunas protegen o que no conllevan ningún riesgo. Aún más: en Alemania no se recopilan datos que prueben la hipótesis de una expansión del sarampión o de un freno a dicha expansión según las definiciones de la OMS. Ver: www.libertas-sanitas.de, así como el aporte recomendable “Verstand&Logik im Gespräch mit Priorix (Masern-Mumps-Röteln-Lebendimpfstoff) [2020]“ en Youtube ↩

3. Aquel que domine el inglés puede leer la siguiente publicación y reconocer directamente el hecho de que la “cadena de material genético de un virus” (complete genoma) no es más que una construcción mental: “Complete Genome Sequence of a Wild-Type Measles Virus Isolated during the Spring 2013 Epidemic in Germany”, que se puede encontrar en: <https://edoc.rki.de/handle/176904/187>. La catedrática Mankertz, co-autora de esta publicación y directora del Instituto Nacional de Referencia para el Sarampión, Paperas y Rubeola del Instituto Robert Koch (IRK) sostuvo, al preguntársele, que sí se realizaron pruebas de control en este estudio, de manera que pudo descartarse

que componentes celulares típicos fueran erróneamente interpretados como componentes de virus. Ella en cambio se negó a entregar la documentación referente a estas pruebas de control. En el recurso, la catedrática Mankertz respondió que ella no disponía de documentación referente a esas pruebas de control y que sus colegas de Munich con toda seguridad habían realizado y documentado dichas pruebas. Yo mismo le he escrito a todos los autores y a sus trabajadores de laboratorio y les he preguntado por estas pruebas de control, que desde 1998 son totalmente obligatorias. Ninguno me ha respondido. Tampoco los rectores de dichos institutos de investigación han respondido; de esa manera el procedimiento de recurso quedó en nada. ↩

4. Publicación del 22 de enero de 2020: Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus may boost cross-species transmission from snake to human. Autores: Wei Ji, Wei Wang, Xiaofang Zhao, Junjie Zai, Xingguang Li. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/jmv.25682> ↩
5. Véase WissenschaftPlus Nr. 2/2019, pp. 33-36, aportación: “Eine neue Sichtweise auf das Leben – Teil II.” (Una nueva concepción de la vida – Parte II). Aquí se expone el mecanismo, fácilmente entendible, según el cual cada forma de ciencia académica financiada por el Estado conlleva automáticamente a un desarrollo erróneo. Esto lo evidenció el historiador del derecho y sociólogo Eugen Rosenstock-Huessy en 1956 con la, ya entonces, refutada medicina de la infección y el cáncer. ↩
6. Karlheinz Lüdtke: Zur Geschichte der frühen Virusforschung. Wie sich mit technischen Fortschritten bei der Untersuchung “filtrierbarer” infektiöser Agenzien das Verständnis der Virusnatur entwickelt hatte (Sobre la historia de la investigación sobre los Virus. Cómo el avance técnico en la investigación de agentes infecciosos “filtrables” desarrolló la comprensión sobre la naturaleza de los virus). Reimpresión Nr. 125 (1999) del Instituto Max Planck para Historia de la Ciencia, 89 páginas. ↩
7. Sobre la refutación de todas las ideas acerca del material genético como plan funcional y de construcción de la vida, se pueden consultar mis aportaciones al respecto en la revista WissenschaftPlus. El índice de contenidos de todas las ediciones publicadas desde 2003 está disponible en internet. En especial se recomienda la colaboración con “DIE ZEIT” del 12 de junio de 2008 “Erbgut in Auflösung”, gratis en internet. Aquí se resume que el “material genético” se transforma constantemente, por tanto, se interpreta erróneamente

esta transformación como un gen causante de enfermedades. ↩

8. Una buena mirada a la obra y sistema de conocimiento del catedrático Günter Enderlein se encuentra en el trabajo de doctorado de la doctora Elke Krämer, (1872–19 Leben und Werk von Prof. Dr. phil. Günther Enderlein 68, publicado en formato libro en 2012 por la editorial Reichl en St. Goar, Alemania. ↩
9. Riesenviren und die Entstehung des Lebens (Virus gigantes y la aparición de la vida). WissenschafttPlus Nr. 1/2014. ↩
10. "Wasser begreifen, Leben erkennen. PI-Wasser: Mehr als nur energetisiertes H₂O". (Comprender el agua, reconocer la vida. Agua PI: Más que H₂O energizado). WissenschafttPlus Nr. 6/2018. Este aporte se encuentra gratis en nuestra página web www.wissenschafttplus.de en el apartado "Textos importantes". ↩
11. Ver la introducción a una nueva concepción de la vida en las publicaciones Nr. 1, 2 y 3/2019 de WissenschafttPlus. ↩
12. Exposición pormenorizada del proceso judicial del virus del sarampión: go Virus go. Der Bundesgerichtshof lässt den Glauben an Viren untergehen. (go virus go. El Tribunal Supremo federal alemán deja desplomarse la creencia sobre los virus.) WissenschafttPlus Nr. 2/2017. También puede encontrarse gratis en www.wissenschafttplus.de ↩
13. Como introducción a los hallazgos de Silvio Gesell y las propuestas de solución para escapar de los mecanismos destructores propios del sistema monetario, pueden leer el libro de Hermann Benjes Wer hat Angst vor Silvio Gesell , 292 Seiten (Quién tiene miedo de Silvio Gesell. 292 páginas). ↩
14. Ivan Illich. Die Nemesis der Medizin: Die Kritik der Medikalisierung des Lebens. 319 Seiten, 1976 und 1995. (Ivan Illich. La némesis de la medicina: La crítica a la medicalización de la vida. 319 páginas, 1976 y 1995). ↩
15. En su libro Can Medicine be cured? The corruption of a profession, el famoso gastroenterólogo irlandés Seamus O'Mahony tergiversa a Ivan Illich. Illich fundamenta su diagnóstico de la perversión de la medicina "sólo" en la propia dinámica resultante de la obligación del beneficio económico, dinámica exacerbada por la industria farmacéutica.

O'Mahony en cambio culpa a la industria farmacéutica de la corrupción de su profesión y concluye que la medicina no es curable. Por sus propios medios la medicina no saldría nunca de su perversión mortal y sólo una catástrofe humanitaria o una guerra podrían forzar un reinicio. De esa manera él pasa por alto el desarrollo erróneo cimentado en 1858 por Virchow: la equivocada teoría, no justificada ni por aquel entonces con pruebas, de la patología celular como punto de partida de las erróneas y peligrosas teorías del sistema inmunológico, de la infección y del cáncer. En la página 262 de su libro, el autor O'Mahony reconoce que sí había una escuela de medicina alternativa según la cual la salud era el resultado de la vida en armonía consigo misma y con su entorno, pero que esa escuela no tenía ninguna oportunidad. Se refería a la psicósomática del catedrático Claus Bahner Bahnsen y de sus colegas internacionales, que de cualquier manera no pudieron avanzar mucho al estar atascados en la errónea bioquímica de la teoría celular. El Dr. Ryrk Geerd Hamer fue el primero en formular científicamente una teoría acerca de una psicósomática personalizada y completa. ↩

16. "Rudolf Virchow, eine Strategie der Macht. Teil 1 und Teil 2". (Rudolf Virchow, una estrategia del poder. Parte 1 y parte 2) Siegfried Johann Mohr. WissenschaftPlus Nr. 5/2015 und Nr. 6/2015 y Entwicklung von Medizin und Menschheit. (Desarrollo de la medicina y la humanidad) Stefan Lanka. WissenschaftPlus Nr. 6/2015 ↩
17. Annette Hinz-Wessels. Das Robert Koch-Institut im Nationalsozialismus. Kulturverlag Kadmos, 192 Seiten, 2012. (Annette Hinz-Wessels. El Instituto Robert Koch durante el Nacionalsocialismo. Kulturverlag Kadmos, 192 páginas, 2012). El libro señala que, sólo una vez que aquellos científicos críticos con la teoría de la infección fueron expulsados de Alemania, encerrados o asesinados, pudo la teoría de la infección imponerse a escala global. ↩
18. Véase artículo de Wikipedia en inglés sobre John Franklin Enders. ↩
19. "The First Measles Virus". Jeffrey P. Baker. Publicado en la revista Pediatrics, septiembre 2011, 128 (3) 435-437; DOI: <https://doi.org/10.1542/peds.2011-1430> ↩
20. "Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles. John F. Enders and Thomas C. Peebles. En la revista Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine, Vol. 86, edición 2 del 1.6.1954, páginas 277-286. <https://doi.org/10.3181/00379727-86-21073> ↩

21. Véase 12. ↩

22. Protocolo del proceso judicial del 12.3.2015 ante el tribunal de distrito de Ravensburg, página 7 inferior. Ver www.wissenschaftplus.de/blog/de ↩

23. Protocolo del proceso judicial del 12.3.2015 ante el tribunal de distrito de Ravensburg, página 7 superior. Ver www.wissenschaftplus.de/blog/de ↩

24. Disponible en

<http://lrbw.juris.de> o en www.wissenschaftplus.de/blog/de ↩



Stefan

Lanka

Virus: un error de interpretación (parte II)



Traducción oficial realizada por el equipo de materialdeNMG bajo el permiso de su autor Stefan Lanka

El principio y el fin de la crisis del coronavirus

La definición de SARS y de Corona o Covid-19 señala a un cuadro clínico de neumonía atípica como característica principal de la enfermedad. Si la medicina identifica patógenos conocidos como causantes de dicha

sintomatología, se habla de “neumonía típica”; cuando no se encuentran patógenos o estos no son los comunes, se habla de “neumonía atípica”. Un dato clave es el hecho de que por lo menos entre el 20% y el 30% de todas las neumonías se catalogan como atípicas. Las causas de estas neumonías atípicas se conocen desde hace tiempo y por lo tanto su causa NO debería explicarse por la presencia de un virus desconocido.

Tanto los virólogos, como los infectólogos, obvian este hecho, y es la base del miedo y del pánico actuales ya que, tanto entre la opinión pública como entre los políticos y los afectados, se ha extendido la impresión de que las neumonías atípicas son especialmente peligrosas y causan la muerte con más frecuencia debido a que no existen medicamentos o vacunas contra la novedosa enfermedad.

Tan pronto como sale al mercado la prueba de detección o test del supuesto nuevo virus, los casos se disparan automáticamente. Los implicados ocultan que las personas sanas pueden también ser diagnosticadas como “positivas”, es decir, como portadoras “asintomáticas” del virus. Primero se registran como sospechosas a aquellas personas con neumonía típica, luego poco a poco a personas con otro tipo de enfermedades. Esto de por sí ya es la prueba de la propagación del virus. A la sintomatología originaria relacionada con la “neumonía atípica”, se van añadiendo cada vez más enfermedades que van conformando “la nueva enfermedad viral”.

El otro punto clave –no sólo para el SARS y la crisis del coronavirus– es que, al asumir los virólogos la existencia de virus patógenos, por motivos comprensibles, ocultan una realidad subyacente. Los tests de detección de virus lo único que hacen es “detectar” la presencia de fragmentos de material genético en la muestra clínica a analizar, fragmentos específicamente seleccionados previamente. Estas secuencias genéticas, cuya presencia se “comprueba” por el test, no provienen de ningún virus que haya sido aislado. Los científicos aíslan en tubos de ensayo secuencias genéticas típicas presentes en células y tejidos que mueren durante los experimentos. Estas secuencias genéticas, por lo general cortas, son parte integral del metabolismo humano y sirven de punto de partida para los consiguientes experimentos de laboratorio. Los virólogos, mediante el uso de programas informáticos, construyen conceptualmente una cadena de material genético viral más larga a partir de esas secuencias genéticas cortas. Esta cadena de material genético viral, aun habiéndose construido artificialmente, se presenta como perteneciente a un virus real. Este, y no otro, es el motivo por el cual personas sanas sometidas a test virales arrojan resultados positivos una y otra vez.

En consecuencia, y con el fin de no contradecirse, los virólogos obvian dos reglas preestablecidas de la ciencia.

La primera consiste en comprobar uno mismo, de manera consecuente, todas las afirmaciones que realicen. La segunda consiste en probar todas las hipótesis y métodos empleados mediante pruebas de control. Si se llevaran a cabo dichas pruebas de control, los virólogos podrían determinar que TODAS las secuencias genéticas cortas con las que construyen conceptualmente, cual piezas de un puzzle, una supuesta cadena de material genético viral, provienen únicamente del metabolismo del propio cuerpo humano y no de virus patógenos que han infectado al organismo desde el exterior.

La crisis del coronavirus se desencadenó el 30.12.2019 mediante la filtración y rápida difusión en internet de un mensaje escrito por un joven oftalmólogo chino. En este mensaje, que compartió con amigos, informaba sobre la existencia de pacientes en cuarentena en su hospital y sobre la confirmación de siete casos positivos de SARS entre ellos, por lo cual recomendaba a sus amigos extremar la precaución y protegerse.

El profesor Christian Drosten, del hospital universitario Charité en Berlín, tuvo noticias al respecto y de inmediato comenzó a trabajar en la elaboración de una prueba de detección o test para virus SARS. Todo ello sin que

podiera estar claro en esos momentos que los informes provenientes de China sobre el brote de SARS se hubieran probado y, ante todo, antes de que los virólogos chinos publicaran sus investigaciones.

Los virólogos del Centro Chino para el Control y Prevención de Enfermedades (CCDC por sus siglas en inglés) publicaron el 24.1.2020 y el 3.2.2020 sus resultados. Informaron sobre el aislamiento de múltiples fragmentos de secuencias genéticas que, una vez concatenadas de manera conceptual, darían lugar a una cadena de material genético de un virus nuevo (desconocido hasta el momento). Los expertos, así como otros virólogos implicados hasta hoy alertan expresamente de que los experimentos necesarios aún no se han llevado a cabo para poder concluir que, efectivamente, se trata de una cadena de material genético de un virus patógeno. Al contrario: los virólogos chinos indican de manera explícita que la cadena de material genético construida tiene una similitud del 90% con otras cadenas de material genético asociadas con otros virus de la familia coronavirus (CoV) presentes en murciélagos, considerados inofensivos y conocidos desde hace décadas.

El 21.1.2020 (¡3 días antes de la primera publicación del CCDC!) la OMS recomendó a todos los países el uso de la prueba de detección desarrollada por el profesor Drosten. Como veremos más adelante, su pretensión de haber desarrollado una prueba de detección fiable para el virus en China agravó y globalizó el pánico por la pandemia y ello lo hizo incumpliendo las reglas establecidas del trabajo científico y violando la lógica y los principios generales de la virología.

1. El comienzo de la crisis del coronavirus

El 30.12.2019, el joven oftalmólogo residente en Wuhan, Li Wenliang compartió con otros 7 médicos amigos suyos en un grupo de WeChat la noticia de que, en su hospital, numerosas personas se encontraban en cuarentena y que se había confirmado que siete de ellas estaban afectadas por el virus SARS. Su intención no era desatar el pánico, sino recomendar a sus amigos que extremaran precauciones y se protegieran. De haberlo querido, hubiera compartido dicha información en internet para alertar a la opinión pública. Al final fue lo que ocurrió cuando una de las siete personas de ese grupo de WeChat publicó en internet una captura de pantalla de esa conversación privada, sin ser consciente de las consecuencias que esa acción iba a acarrear. Ni que decir tiene que esa información se propagó como la pólvora tanto dentro de China como en el resto del mundo.

Esta filtración desató una ola de miedo y pánico en China y un aluvión de consultas a las autoridades sanitarias y al gobierno. El recuerdo de la crisis del virus SARS en 2003, que la Organización Mundial de la Salud (OMS) ya catalogó el 12.3.2003 como “una amenaza global”, aún estaba presente entre la población. El gobierno de Beijing envió a Wuhan el 31.12.2019 un grupo de intervención rápida conformado por epidemiólogos y virólogos del Centro Chino para el Control y Prevención de Enfermedades (CCDC). Su misión era apoyar a las autoridades sanitarias de la ciudad y de la provincia circundante de Hubei y verificar si estaban ante el comienzo de una epidemia. En caso de ser cierto esto último, la situación debía de controlarse de manera adecuada.

La primera publicación de los autores del CCDC referente a los resultados de su investigación preliminar, titulada “Un nuevo Coronavirus en pacientes con neumonía en China, 2019”¹, no menciona ningún aumento en los casos de neumonía atípica (“patients with pneumonia of unknown cause”). Lo que sí señala es una característica común que tenían los pacientes afectados. Esa característica común no era otra que la realización de visitas más o menos regulares a la lonja de pescado (seafood wholesale market) de Wuhan. El grupo de pacientes afectados por neumonía atípica era ciertamente pequeño, algo fácil de entrever visto que el CCDC sólo tomó muestras de frotis

y de fluidos del tracto respiratorio inferior de cuatro pacientes. Con estas muestras pretendían buscar los patógenos, conocidos o desconocidos, causantes de la enfermedad.

Mientras tanto, el pánico se apoderaba de la ciudad de Wuhan y de sus alrededores. Las medidas de la policía, que el 3.1.2020 forzaron al oftalmólogo Li Wenliang a firmar una carta de cese y desistimiento que le comprometía a no seguir difundiendo información acerca de un posible brote de SARS, de poco sirvieron para ralentizar la dinámica de pánico desatada. Wenliang desarrolló el 10.1.2020 síntomas de pulmonía, sintomatología que desarrollaron también sus padres al poco tiempo. Li Wenliang se aisló él mismo y achacó el haberse infectado de SARS al contacto con una paciente el día anterior. Esta noticia acrecentó el pánico.

Los médicos a cargo de su cuidado le realizaron diferentes pruebas de detección o tests, pero todas dieron resultados negativos. Su estado de salud empeoró progresivamente a la par que el interés de la opinión pública sobre su estado aumentaba. Se siguieron probando diferentes tests de diag- nóstico hasta que, finalmente, el 30.1.2020 un test SARS arrojó un resultado positivo. Paralelamente, el pánico por el virus SARS se convirtió en la crisis global del coronavirus.

El propio Li Wenliang difundió este resultado en internet con las siguientes palabras: "Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed". ("Hoy el test de ácido nucleico dio un resultado positivo, el polvo se ha asentado, finalmente he sido diagnosticado.")

La gota que colmó el vaso para la opinión pública fue la publicación en internet de la carta de cese y desistimiento firmada el 3.1.2020. Para mucha gente este era el indicio claro de que había una nueva epidemia de SARS que el gobierno chino estaba ocultando y que el joven médico, aún enfermo por el virus y bajo amenaza de represalias, estaba intentado dar a conocer. La administración intensiva de antibióticos no mejoraba el estado de salud de Wenliang, que finalmente murió el 7 de febrero. Este fue y es el fundamento principal que llevó a la opinión pública china e internacional a asumir que un nuevo brote de SARS había tenido lugar en Wuhan. La denominación "SARS" se redefinió al poco tiempo con el nuevo nombre de Covid-19 y declarada pandemia.

2. Una de las dos posibles causas del miedo de Li Wenliang

El miedo del oftalmólogo Li Wenliang se fundamentaba en la experiencia de los sucesos acaecidos en China en el año 2003. Entonces, diversos científicos occidentales investigaron un aumento en los casos de neumonías atípicas en el sur de China. Dos días después de la construcción conceptual de la cadena de material genético del supuesto nuevo virus (SARS-CoV-1) causante de esas neumonías, en la que el profesor Drosten participó.², el científico alemán hizo pública una prueba de diagnóstico diseñada para ese presunto virus.³ Alrededor de 800 personas afectadas por neumonía atípica, es decir, por una neumonía para la cual no se habían comprobado patógenos conocidos, fueron diagnosticadas como "positivas" por el test del profesor Drosten. La mayoría de estas personas murieron, por sobretratamiento o tratamiento erróneo, con el diagnóstico de "infección por virus SARS" en lugar de "neumonía atípica".

El miedo al SARS se mantuvo hasta 2019, e incluso se incrementó, debido a causa de dos publicaciones de los años 2013⁴ y 2017⁵, las cuales pusieron en marcha todo tipo de especulaciones sobre la posibilidad real de que brotes de nuevos virus SARS-Corona surgieran antes o después. Los autores de ambas publicaciones afirman que

existen indicios de presencia de fragmentos cortos de secuencias genéticas en murciélagos sanos que podrían formar parte de virus.

Estos fragmentos de secuencias genéticas encontrados en murciélagos tendrían similitudes con aquellos otros fragmentos que fueron declarados en 2003 como parte integral del genoma del presunto SARS-Coronavirus-1 (SARS-CoV-1). Las siglas en inglés SARS corresponden a “síndrome respiratorio agudo grave” (SRAG en español).

Sobre la construcción conceptual de la cadena de material genético, se afirma que es posible que exista en la realidad como un todo y constituya un virus real. Un virus así conceptualizado, que pudiera estar presente en animales salvajes portadores como los murciélagos y ser inofensivo para ellos, podría transmitirse a humanos mediante mordeduras, consumo o contacto con los animales infectados y convertirse en un virus mortal. En el cuerpo humano este virus inofensivo tendría la capacidad, mediante mutación, de transformarse en un SARS-Coronavirus causante de enfermedades y potencialmente mortal para el ser humano. Que algo así ocurriera y que desembocara en una oleada de enfermedades, como por ejemplo neumonía atípica, era sólo cuestión de tiempo a ojos de los expertos, tras los estudios de 2013 y 2017.

Hasta hoy, los virólogos han sido incapaces de aislar un virus SARS, proveniente de un paciente o de un murciélago o cualquier otro animal, en un laboratorio con el fin de obtener una cadena de material genético de un virus SARS intacta y completa. En otras palabras, su genoma. La suposición de los virólogos, de que en la realidad existan cadenas de material genético constituidas de manera idéntica a las que ellos conceptualmente construyen mediante fragmentos más cortos, no se ha demostrado. Aunque hay disponibles técnicas sencillas para la determinación de la longitud (tamaño) de secuencias genéticas, la existencia y presencia de una cadena de material genético completa de un virus SARS aún no se ha comprobado.

Estas falsas suposiciones, aunadas al miedo avivado durante años, fueron la base de los temores del oftalmólogo Li Wenliang y de otros médicos e infectólogos más allá de Wuhan. Y fueron también el motivo por el cual los epidemiólogos y virólogos del CDC se centraron desde el 31.12.2019 en encontrar secuencias genéticas similares a las que en 2003 se definieron como parte constituyente del SARS-Coronavirus original.

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

La crisis del coronavirus —en un comienzo considerada como una nueva crisis de virus SARS— comenzó con la difusión por parte de los medios de comunicación de noticias referentes a un aumento de los casos de neumonía atípica en China. Esta suposición nunca se probó. Lo único que se afirmó es que los casos de neumonía atípica acaecidos en Wuhan podrían ser explicados por la incidencia de un nuevo virus, ya que varias de las personas afectadas por la enfermedad tenían en común el haber tenido contacto con mercados de animales. La suposición de que la causa de estos casos de neumonía atípica se debía a un virus desconocido necesariamente obviaba hechos probados y descritos por la literatura médica y científica. Existe un amplio espectro de causas no infecciosas que pueden desencadenar neumonías atípicas y acabar siendo más mortíferas, por diversos motivos, que las denominadas neumonías típicas.

Entre las causas no infecciosas se encuentra la inhalación de gases tóxicos provenientes de disolventes y de otros productos sintéticos. También la infiltración en los pulmones de comida, bebida o contenido estomacal, bien sea debido a atragantamiento o a una pérdida del conocimiento, puede causar neumonías graves (neumonía por

aspiración). El agua por sí misma puede causar la sintomatología de la neumonía atípica si penetra en los pulmones. Otro grupo de posibles causas engloba el espectro conocido de trastornos inmunitarios tales como las alergias o las reacciones autoinmunes. La radioterapia contra el cáncer provoca muchas veces una inflamación en los pulmones indistinguible de la sintomatología asociada a la neumonía típica. La neumonía hipostática es una enfermedad extendida entre las personas mayores. Esta modalidad aparece debido a acumulaciones de líquido (edemas) fruto de largos periodos de postración en una cama o a causa de debilidad del corazón y/o de los riñones, hechos que desembocan en una ventilación e irrigación insuficiente de los pulmones y la consiguiente inflamación y posible neumonía atípica.

Lógicamente, una combinación de causas puede provocar igualmente una neumonía atípica. Si en un comienzo no se encuentran patógenos como causantes de la neumonía y ésta se cataloga como atípica, es común que surjan más adelante focos de infección secundaria en el pulmón con bacterias y entonces la neumonía pasa a catalogarse como "típica". Este es el motivo de que la proporción de neumonías atípicas sea posiblemente superior al 20-30% comúnmente estimado, ya que muchas veces se detecta la infección con bacterias cuando en el origen no la había.

Las dos primeras publicaciones que trataron el coronavirus⁶ documentaron los exámenes que se les realizaron a cinco personas enfermas de neumonía atípica en China, pero descartaron de antemano cualquier otra posible hipótesis que no fuera la infección viral como causante. No se investigó ningún otro indicio o antecedente que tomara en consideración alguna de las otras causas que hemos mencionado. Tampoco es algo que los virólogos hagan normalmente, pero, dadas las circunstancias de pánico creciente, los miembros del CCDC no tuvieron ninguna oportunidad de desviarse del objetivo: tenían que encontrar un virus. Centrarse en un hipotético origen viral influye en el tratamiento de los enfermos, que se ven expuestos a un cóctel de sustancias antibióticas cuya sobredosis, por sí misma, provoca la muerte.⁷

Todos deben también tener claro que el pánico extremo por sí mismo, y aunado a problemas respiratorios, puede causar la muerte de igual manera. La muerte por pánico puede sobrevenir incluso en un corto periodo de tiempo y no sólo en casos de complicaciones cardíacas o circulatorias preexistentes.

La respuesta a la siguiente pregunta es determinante para poner término a la crisis del coronavirus: ¿Se ha comprobado la existencia de un nuevo virus o simplemente se han aislado pequeños fragmentos de sustancia genética propios del cuerpo humano y se han categorizado erróneamente como parte de un virus? Tal como ocurrió con el pánico del virus H1N1, diferentes voces señalan a la vacunación como única vía para terminar con la crisis. Sin embargo, la idea de la vacunación está tan refutada como la idea de los virus.

El recuerdo de la, ya olvidada, pandemia de gripe porcina en 2009 es útil para la valoración y categorización del desencadenamiento y continuidad de la crisis del coronavirus. Por entonces la mayoría de la población en Alemania estaba dispuesta a vacunarse contra el presunto virus de la gripe porcina. La vacunación masiva no tuvo lugar debido a los retrasos en las entregas de las vacunas. Aparentemente no podían ser envasadas en jeringas como estaba previsto debido a que los novedosos adyuvantes empleados las dañaban y las hacían inservibles. La solución fue envasar la vacuna en frascos de 10 dosis y envasar los adyuvantes por separado y mezclarlos justo antes de administrarlos a las personas.

Por entonces, se dio a conocer que los adyuvantes, sin los cuales la vacuna no podría ser efectiva, eran un producto novedoso que no se había probado en humanos. Además, salió a la luz que esos adyuvantes estaban compuestos por nanopartículas. De las nanopartículas se conoce que son muy reactivas en virtud de su

minúsculo tamaño y que se emplean como catalizador en multitud de reacciones químicas. También se sabe que el cuerpo humano no puede ni metabolizar ni eliminar estas nanopartículas. Para colmo, llegó a oídos de la opinión pública la noticia de que la canciller Angela Merkel y miembros del ejército alemán se iban a vacunar con una versión de la vacuna que no contenía los polémicos adyuvantes, mientras que la vacuna dispensada al resto de la población sí los iba a contener.

Toda esta incertidumbre llevó al 93% de la población a renegar de la vacuna. En Alemania sólo el 7% accedió a que les fuera administrada. La negativa generalizada hizo que la presencia de la gripe porcina en los medios de comunicación desapareciera como por arte de magia de un día para otro, junto con millones de dosis que debieron de ser destruidas por el gobierno. (Para añadir más leña al fuego: milagrosamente la paranoia alrededor de gripe porcina H1N1 desapareció, ya no infectó a nadie más y la cobertura mediática también desapareció. Uno podría proponer que el virus de la gripe porcina pasó a los salmones de río y acabó en el mercado de pescado de Wuhan con renovada virulencia).

La pandemia no llegó al punto álgido de la vacunación generalizada y los epidemiólogos, infectólogos y virólogos comenzaron a sacar sus conclusiones. Analizaron las causas y publicaron sus investigaciones y recomendaciones para el futuro en el número 12, de diciembre del año 2010, del Boletín Oficial de Salud alemán. El título lo decía todo: "Pandemias. Lecciones aprendidas" que básicamente quiere decir: "las conclusiones que nosotros hemos extraído de nuestro fracaso con la gripe porcina H1N1."

Algunas de las aportaciones de esa investigación se pueden ver en internet⁸, aunque no las más relevantes. Las recomendaciones principales para la gestión de una pandemia son:

- Asegurarse que los expertos no se contradigan en discusiones públicas.
- Pronta participación de los medios de comunicación de referencia y de las redes sociales.
- Control de internet. Esto para evitar que opiniones distintas y críticas pongan en peligro el consenso y la aceptación de las medidas acordadas por los gobiernos.

¡A la próxima va la vencida! Las recomendaciones se han aplicado eficazmente esta vez. Se ha censurado Internet y se ha acallado a los críticos mediante insultos. Los argumentos que contradicen la verdad oficial acerca de la pandemia y consiguen llegar a la opinión pública, son ignorados. En los medios de comunicación y en la política sólo se escuchan unas pocas voces. De hecho, cada país tiene su propio portavoz del gobierno que reporta a diario el desarrollo de la pandemia del coronavirus. En Alemania sólo se le da voz al profesor Drosten. La única "crítica" a la que se le dio cancha fue la realizada por un virólogo del VIH, que sólo consiguió reforzar la hipótesis oficial de que el mundo se enfrentaba a un nuevo virus, el SARS-CoV-2.

4. La globalización del pánico del virus SARS chino y la fijación del rumbo hacia la crisis del coronavirus por el Prof. Drosten

El profesor Drosten del hospital universitario Charité en Berlín declaró que, desde el 1.1.2020 disponía de un método de detección genético, desarrollado por él mismo, que permite detectar la presencia del nuevo coronavirus de manera fiable.⁹ La OMS comenzó a recomendar dicho test desde el 21.1.2020 a los diferentes gobiernos del mundo, incluido el chino, para determinar la expansión del supuesto coronavirus.¹⁰

Con el fin de a) poder comprender cuáles son las hipótesis de base y los procedimientos llevados a cabo tras las afirmaciones del profesor Drosten y b) determinar si sus conclusiones acerca del desarrollo de un test seguro de detección del coronavirus se han comprobado científicamente o no, es necesaria la aclaración de los conceptos, técnicas y representaciones empleados en su argumentación y el análisis de las dos publicaciones a las que el profesor Dorsten hace referencia.

- ¿Cómo se define un virus y un coronavirus?
- ¿Cómo se definen en este contexto las secuencias genéticas?
- ¿Cómo funcionan los procedimientos de comprobación de las secuencias genéticas, denominados PCR, RT-PCR y real-time RT-PCR?
- ¿Cuándo se debe considerar que la presencia de las secuencias genéticas en el cuerpo humano son una prueba de la presencia del virus?
- ¿Cómo se determina científicamente la existencia de un virus?

Conceptos

- En ciencia, se define a un virus por su material genético específico y perteneciente únicamente a ese virus.
- Al material genético de un virus se le denomina también cadena de material genético viral, molécula genética viral o genoma (término que emplearemos en lo sucesivo).
- El genoma del virus contiene en sucesión las diferentes secuencias genéticas, los genes virales, para el desarrollo de las diferentes proteínas virales.
- El ácido nucleico de un genoma viral puede ser ADN o ARN.
- El genoma de los coronavirus está compuesto por un ácido nucleico ARN específico rodeado por una membrana.
- El genoma de un virus concreto se define mediante la determinación de la longitud y la composición y estructura de la cadena de ARN o ADN viral.
- La composición de un genoma viral se obtiene mediante la determinación precisa del número y de la secuencia específica de los cuatro pilares constituyentes de su material genético: los nucleótidos.
- A este procedimiento de determinación del orden de las secuencias de los nucleótidos se le denomina secuenciación.
- El resultado de la determinación de las secuencias de nucleótidos de un genoma se denomina secuencia de nucleótidos o secuencia genética.
- Los virus patógenos tienen una secuencia propia y exclusiva que no se encuentra en organismos sanos.
- Con el fin de poder comprobar y determinar la presencia del genoma de un virus y siguiendo la lógica y las leyes de pensamiento de la ciencia, este virus se debe aislar y presentar en estado puro. Esta es la única manera de evitar que secuencias genéticas propias de células sanas sean erróneamente interpretadas como componentes de un virus. Es decir, es la única manera de asegurarse de que no se están confundiendo secuencias genéticas de células o tejidos sanos, incluidos en la muestra orgánica bajo estudio, con secuencias genéticas de virus en cuestión.
- La determinación de la secuencia genética de un genoma sólo es posible si ésta se presenta en forma de ADN.
- Ya que el ácido nucleico de algunos virus es ARN, para poder determinar dicha secuencia genética, ésta

debe primero transformarse bioquímicamente en ADN.

- El proceso de transformación de un genoma compuesto por ARN a ADN se denomina “transcripción inversa” con las siglas “RT” en inglés (reverse transcription).

Las técnicas empleadas por el profesor Drosten y las primeras conclusiones

- La electroforesis en gel es un grupo de técnicas empleadas para, entre otros usos, determinar la presencia y longitud de ácidos nucleicos separándolos por tamaño y forma en un gel al que se le aplica corriente eléctrica. En fragmentos de ADN con estructura de doble hélice, los fragmentos más pequeños migran del electrodo negativo al positivo más rápidamente que los fragmentos más grandes. Simultáneamente, con el fin de poder determinar la longitud del ácido nucleico del genoma bajo estudio, se añaden fragmentos de genomas cuya longitud se conoce.
- Si la concentración de un determinado ADN es demasiado baja, a tal punto que no se pueda comprobar con la técnica de la electroforesis en gel, se emplea una técnica que multiplica (“amplifica”) exponencialmente un fragmento específico de ADN seleccionado. Este método se conoce como “reacción en cadena de la polimerasa”, o PCR por sus siglas en inglés. Gracias a esto se consigue la concentración suficiente para hacer al fragmento de ADN visible en la electroforesis en gel. Esta es la condición previa para que la determinación definitiva de la longitud y secuencia de un genoma sea posible.
- El inventor de la técnica PCR, Kary Mullis, fue galardonado con el premio Nobel de Química en 1993 por el hallazgo. El test fue ideado desde un comienzo para su uso en una sala blanca como las existentes en las plantas de fabricación de semiconductores, es decir, una zona de ambiente controlado para eliminar todo polvo y toda contaminación. Además, Mullis alertó que este método era propenso a errores. En su discurso de recepción del Premio Nobel, disponible en la página del comité del Premio Nobel, el científico hizo referencia a que no existía ninguna comprobación científica demostrable según la cual se pudiera señalar al genoma del VIH como causante de un debilitamiento inmunológico o de enfermedad alguna; todo inadmisiblemente reunido dentro del término “SIDA” y tratado con quimioterapia altamente tóxica.

Multiplicar (“amplificar” en adelante) ADN con la técnica de la PCR requiere el conocimiento de la composición de dicha secuencia de ADN de antemano. Una secuencia de ADN sólo puede amplificarse con la técnica PCR para su posterior análisis si se unen al comienzo y al final de la cadena los llamados iniciadores, cebadores o primers. Estos iniciadores creados sintéticamente —secuencias cortas de ADN de cadena simple compuestos por entre 24 y 30 nucleótidos— tienen como objetivo definir la región del ADN que será amplificado como si de una suerte de marcadores se trataran. En resumen, es necesario conocer de antemano lo que se busca.

Una vez comprendido lo anterior, es fácil entender por qué la PCR no puede comprobar ni secuencias desconocidas, ni virus desconocidos. Sólo la determinación previa de la secuencia de un virus permite a la PCR comprobar la presencia de esa secuencia genética en la muestra bajo estudio, generalmente proveniente del cuerpo de una persona. La PCR requiere por tanto programarse con una “plantilla” que hay que preparar previamente.

Cuando el test PCR comenzó a usarse, sólo se podía determinar la cantidad de ADN amplificado tras el uso de la

PCR mediante el empleo posterior de la electroforesis en gel. Hoy en día, mediante el empleo de técnicas de fluorescencia, se puede cuantificar el ADN amplificado e indicar aproximadamente la cantidad de ADN de la que se partió. Ya que la determinación del ADN amplificado artificialmente puede tener lugar durante la prueba, se le denomina a esta nueva versión del PCR como "real-time PCR". Un test "real-time PCR" que además pueda convertir el ARN en ADN mediante "transcripción inversa" se le denomina "real-time RT-PCR".

El profesor Drosten utilizó la técnica "real-time RT-PCR" para el desarrollo de su test de detección del coronavirus. Para su programación extrajo de un depósito de datos disponible en internet diferentes secuencias genéticas cortas asociadas a los virus SARS, eso en una fecha tan temprana como el 1.1.2020. En base a esas secuencias cortas, presuntamente pertenecientes a virus SARS, concibió las decisivas "plantillas" para la PCR (las secuencias PCR-primer), es decir, las secuencias genéticas de- limitadas por iniciadores o primers que el test debía amplificar, con el fin de comprobar el "aún" desconocido virus chino.

Mientras tanto en China aparecieron en internet los días 10.1 y 12.1.2020 las primeras composiciones provisionales de secuencias del virus, posteriormente modificadas y publicadas el 24.1.2020 y el 3.2.2020,¹¹ en dos estudios preliminares que buscaban identificar al virus desconocido. Los virólogos pertenecientes al CCDC, con la ayuda de programas informáticos y a partir de secuencias genéticas cortas, construyeron de forma meramente teórica el genoma del posible virus. Los virólogos indican claramente en ambas publicaciones que sus propuestas de secuenciación del genoma del virus son provisionales y que carecen de pruebas para poder afirmar que esas secuencias provoquen enfermedad alguna. Las propuestas de secuenciación del 10.1 y el 12.1.2020 eran provisionales y aún no habían sido sometidas a revisión científica.

El quid de la cuestión es que, antes de que el equipo chino publicara sus propuestas de secuenciación del genoma del virus el 24.1.2020 y el 3.2.2020, la OMS ya anunció el 21.1.2020 que respaldaba el test PCR para la detección del nuevo virus elaborado por el profesor Drosten. ¿Qué implicaciones tienen estas fechas? Demuestran que el profesor Drosten utilizó necesaria- mente datos no verificados para el diseño de su test PCR, datos que no provenían en ningún caso del epicentro del supuesto brote en China. Esto no impidió la rápida difusión del test PCR para la detección del 2019-nCoV, renombrado el 7.2.2020¹²; ">SARS-CoV-2 con la colaboración del propio Drosten.

Este cambio de nombre el 7.2.2020 de "nCoV" a "SARS-CoV-2" despertó entre la opinión pública la impresión de que la amenaza no provenía de un virus inofensivo o débil, sino de un nuevo virus patógeno SARS altamente peligroso que causaba la enfermedad que mató al nuevo ídolo en China, Li Wenliang. Para añadir más leña al fuego, todo el mundo acusó al gobierno chino y a los líderes del partido comunista de querer ocultar la crisis. El profesor Drosten y sus colegas cumplieron las expectativas de la población: "finally diagnosed", "finalmente diagnosticado". Estas expectativas se originaron con el pánico desatado por la alerta del doctor Li Wenliang y fueron refrendadas por el científico alemán. Hay que tener en cuenta que, por entonces, los virólogos chinos implicados en la investigación en Wuhan alertaban de que carecían de pruebas que señalaran al posible nuevo virus que creían haber detectado como causante de enfermedad alguna. ¿Y si esas secuencias genéticas que creían haber aislado estaban presentes en enfermos, en procesos de curación, tras dichos procesos, en algunas personas sanas o en muchas, o directamente podían aparecer en todas las personas?

Sólo con esa información puede comprobarse que el profesor Drosten traspasó todos los límites de la correcta práctica científica hasta llegar a un claro fraude con enormes consecuencias. Tampoco hay que obviar que la revista que utilizó para realizar la publicación del método de su test el 23.1.2020¹³ no se encargó de comprobar las declaraciones efectuadas.

5. Las preguntas decisivas para poner rápidamente fin a la crisis del coronavirus

Se nos presenta la pregunta central y decisiva de si el Prof. Drosten ha acatado su deber como científico —parte fundamental de su contrato laboral¹⁴ y de si ha revisado y comprobado él mismo de manera consecuente todas las afirmaciones incluidas en su publicación referentes al método de detección que había desarrollado y, por ende, las declaraciones públicas que ha hecho al respecto. Debido a este deber científico surgen las siguientes tres preguntas centrales:

1. ¿El profesor Drosten ha comprobado si las secuencias genéticas que ha empleado como “plantilla” para la elaboración de su test, provienen realmente de un virus y, en tal caso, del supuesto virus presente en el brote de Wuhan?
2. ¿El profesor Drosten ha realizado las pruebas de control exigidas por la ciencia con el fin de demostrar que esas secuencias genéticas provienen realmente de un virus? ¿Ha realizado esas pruebas para descartar que esas secuencias genéticas, que él adscribe al virus, no sean en realidad secuencias genéticas que surjan fruto del metabolismo en humanos, animales o incluso plantas como papayas en Tanzania¹⁵? ¿O que, estando presentes en el cuerpo humano, se multipliquen a causa de una enfermedad?
3. ¿En base a qué hipótesis, experimentos y pruebas de control puede asumir el profesor Drosten, que su test de detección pueda realmente “detectar” un virus completo, activo y causante de enfermedades cuando sólo está comprobando la presencia de dos genes de los supuestos diez que teóricamente componen el genoma del coronavirus? ¿Cómo sabe que está comprobando la existencia de un virus y no, como mucho, fragmentos del mismo provenientes de un exitoso desempeño del sistema inmunitario, o igual de la presencia de virus “defectivos”, “incompletos” e “inofensivos” en nuestro genoma, que típicamente componen el 50% del total de genes de nuestros cromosomas?

Las respuestas se van a extraer de las actividades documentadas del profesor Drosten durante el desarrollo de su método de detección y se presentarán más adelante.

El virólogo profesor Drosten desarrolló, como sabemos, el método de detección del nuevo coronavirus (llamado en un primer momento 2019-nCoV y tras el 7.2.2020 bautizado como SARS-CoV-2). Describe el desarrollo del test en una publicación que salió a la luz el 23.1.2020.¹⁶

En la página 3 de su aportación, columna izquierda, línea 8 desde abajo, escribe el primer y definitivo paso de su procedimiento: “Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak.” (Antes de la publicación oficial de las secuencias del virus extraídas de casos de 2019-nCoV, nos basamos en informes de redes sociales anunciando la detección de un virus similar al SARS. Por tanto, asumimos que un coronavirus relacionado con el SARS estaba involucrado en el brote).

En resumen, el profesor Drosten y sus trabajadores, tras conocer los informes de las redes sociales, asumieron que tras el brote de neumonía atípica podría encontrarse un coronavirus. Por entonces, aún no habían datos clínicos disponibles que dieran pie a una suposición de esa naturaleza. ¿Cuál fue su siguiente paso? “We downloaded all complete and partial (if >400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020.”

(Descargamos todas las secuencias completas y parciales (if>400 nt) de virus relacionados con el SARS disponibles en GenBank el 1 de Enero de 2020). Continúa en la tercera página, columna derecha, tercera línea desde arriba: "These sequences were aligned and the alignment was used for assay design (Supplementary Figure S1). (Las secuencias se alinearon [observación mía: mediante secuencias estándar de virus-SARS previamente establecidas] y la alineación se usó para desarrollar nuestro test Imagen suplementaria S1). "Upon release of the first 2019-nCoV sequence at virological.org, three assays were selected based on how well they matched to the 2019-nCoV genome (Figure 1)" (Una vez publicada la primera secuencia del 2019-nCoV en virological.org, se eligieron tres ensayos basados en lo correctamente que encajaban con el genoma del 2019-nCoV (figura 1)).

De sus declaraciones se derivan respuestas claras, conclusiones y consecuencias:

1. ¿El profesor Drosten ha comprobado si las secuencias genéticas que ha empleado como "plantilla" para la elaboración de su test, provienen realmente de un virus y, en tal caso, del supuesto virus presente en el brote de Wuhan? La respuesta es: ¡no! Él no pudo en ningún caso comprobar si las secuencias que descargó de internet de GenBank provenían de un virus y concretamente, del virus SARS de Wuhan, ya que las dos publicaciones clave en las que científicos chinos describen cómo se consiguieron las secuencias genéticas preliminares del virus no se publicaron hasta después de que se lanzara al mercado su test. La OMS recomendó el test del profesor Drosten a una fecha tan temprana como el 23.1.2020, mientras que ambas publicaciones del CCDC salieron a la luz el 24.1.2020 y el 3.2.2020 respectivamente.
2. ¿El profesor Drosten ha realizado las pruebas de control exigidas por la ciencia con el fin de demostrar que esas secuencias genéticas provienen realmente de un virus? ¿Ha realizado esas pruebas para descartar que esas secuencias genéticas, que él adscribe al virus, no sean en realidad secuencias genéticas que surjan fruto del metabolismo del cuerpo humano o que, estando presentes en el cuerpo, se multipliquen fruto de una enfermedad? ¿O que estén presentes en plantas o animales? La respuesta es: ¡no! Ni él, ni los virólogos del CCDC han dejado constancia de haber realizado hasta hoy estas pruebas de control y menos de haberlas publicado. Dichas pruebas de control consistirían en emplear secuencias genéticas cortas de muestras de personas sanas y secuenciarlas. Esas secuencias genéticas cortas deberían de ser procesadas, al igual que se hace con las secuencias genéticas extraídas de personas enfermas, por el mismo programa informático que se emplea para construir el genoma del virus. Así se vería si los fragmentos con los que se construye el genoma del virus sólo se encuentran en personas enfermas y, por tanto, corresponden a un virus ajeno al cuerpo o, por el contrario, también se encuentran en personas sanas (y no provienen de virus alguno). Esta prueba o nunca se realizó o nunca se publicó. Las pruebas de control, elementales para la lógica de la virología y las leyes de pensamiento, y requeridas para el control consecuente de los resultados, ni se mencionan. Tan pronto como un experimento así se realizara y se publicara, la crisis del coronavirus se esfumaría en un abrir y cerrar de ojos. Otra prueba de control lógica sería emplear el test PCR (real-time RT-PCR) para analizar pruebas clínicas de personas aquejadas de todo tipo de enfermedades distintas a la sintomatología asociada con el virus y examinar muestras de personas sanas, animales y plantas para ver si esas pruebas también reflejan un resultado de infección "positivo". El test PCR está siendo empleado en todo el mundo con decenas de millones de personas. La única manera de comprobar si es válido para el uso que se le pretende dar, y asegurarse de que no está arrojando millones de resultados incorrectos, es realizar las pruebas de control mencionadas, las cuales no se han llevado a cabo ni se presume que se lleven a cabo.

Este es el motivo por el cual los inventores y fabricantes de este test se han asegurado de incluir las respectivas indicaciones en el prospecto, como por ejemplo que el test no es adecuado para fines de diagnóstico y que sólo debe emplearse a efectos de estudio. Puedo pronosticar con seguridad, que personas aquejadas de enfermedades en órganos con epitelio escamoso ectodérmico, como por ejemplo pacientes con afecciones renales, darán positivo en el 100% de los casos por el método PCR del profesor Drosten. Los organismos de estas personas generan dichas secuencias genéticas que, al estar presentes en las muestras orgánicas que se extraen de ellas para posteriormente amplificarse mediante el método PCR y concentrarse, son las que dan positivo en el test. Por otra parte, los virólogos trabajan en el laboratorio con este tipo de tejidos y células cuando realizan sus experimentos para aislar virus.

Hago un llamamiento a bioquímicos, bioinformáticos, virólogos y especialistas en cultivos celulares para que lleven a cabo estas pruebas de control, publiquen sus resultados y hagan el favor de informarme. He concebido una prueba de control con la que descartar, desde un inicio, la excusa de que el material de la prueba pueda contaminarse con el virus sArs-CoV-2, antes o durante el experimento.

Los costos de la prueba de control se cubrirán si yo y otros testigos neutrales tuviéramos la posibilidad de estar presentes y documentar cada paso. Por favor [pónganse en contacto conmigo a través de la editorial](#). Los resultados terminarán con la crisis del coronavirus automáticamente. No sirve de nada si sólo yo presento los resultados.

3. ¿En base a qué hipótesis, experimentos y pruebas de control puede asumir el Prof. Drosten, que su test de detección pueda realmente “detectar” un virus completo, activo y causante de enfermedades cuando sólo está comprobando la presencia de dos genes de los supuestos diez que teóricamente componen el genoma del coronavirus? ¿Cómo sabe que está comprobando la existencia de un virus y no, como mucho, fragmentos del mismo provenientes de un exitoso desempeño del sistema inmunitario, o igual de la presencia de virus “defectivos”, “incompletos” e “inofensivos” en nuestro genoma, que típicamente componen el 50% del total de genes de nuestros cromosomas? Estas evidentes y lógicas preguntas parecen no haber sido contempladas en los cálculos del profesor Drosten, ya que brillan por su ausencia en sus publicaciones y suposiciones. La comprobación únicamente de secuencias genéticas cortas pertenecientes teóricamente al genoma mucho más largo de un virus nunca podrá ser demostración de la presencia de un virus completo y, por tanto, capaz de reproducirse. Para poder considerar válido un test PCR de esas características, primero habría que llevar a cabo estudios, cuyos resultados reflejaran que la detección de secuencias genéticas cortas implica automáticamente la presencia de un genoma completo de un virus. Estudios de esa naturaleza son necesarios y, hasta hoy, no se han realizado ni se han mencionado siquiera.

La viróloga profesora Karin Möllig, experta en el ámbito de los virus endógenos de las propias células considerados inofensivos, incompletos o defectivos, definió las medidas llevadas a cabo por los gobiernos como injustificadas. Ha demostrado en publicaciones y en un libro¹⁷, que la mitad del genoma humano, es decir, la mitad de las secuencias que componen nuestros cromosomas, provienen de secuencias genéticas de virus inactivos y defectivos. Lo que no sabe, o calla, es el hecho de que el metabolismo genera constantemente secuencias genéticas de ARN de cualquier composición, las cuales no aparecen en forma de secuencias de ADN en los cromosomas. El modelo tradicional de la genética nos dice que el genoma es ADN y que la transcripción de ADN transfiere la información contenida en su secuencia para generar un producto funcional, como es el caso de

una proteína, empleando al ARN como mediador. Sin embargo, se ha descubierto que el ARN puede generarse independientemente del genoma de ADN y que cumple muchas funciones y produce proteínas, para las cuales el ADN no tiene “genes” o “plantillas de información” disponibles.

Este hecho por sí mismo cuestiona todas las hipótesis sobre la existencia de todos los virus con ARN como, por ejemplo, los coronavirus, Ébola, VIH, sarampión y los virus SARS. ¿Y si las secuencias genéticas de ARN que los científicos encuentran en las muestras de tejidos analizadas no son parte de un virus externo, sino parte integrante del metabolismo de los seres vivos? Por este motivo, realizar las pruebas de control no sólo acabaría con la crisis del coronavirus, sino también con el miedo frente a los presuntos virus patógenos y los tratamientos inadecuados recetados por la virología. Puedo asegurarles, que las infecciones asociadas a los virus tienen otras causas comprobadas por la ciencia. Les remito al respecto a nuestro artículo **“Virus: Un Error de Interpretación (parte I)”**.

Próximamente publicaremos

“Virus: un error de interpretación parte III”

Listado de fuentes

1. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. N Engl J Med 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJMoa2001017. Publicado el 24.1.2020. ↩
2. Von der Verantwortung eines Virologen. Ist Christian Drosten Opfer oder Täter? (Sobre la responsabilidad de un virólogo. ¿Es Christian Drosten víctima o victimario?) Publicado el 26.5.2020 en el blog del activista por la paz Peter Frey, www.peds-ansichten.de www.kenfm.de/von-der-verantwortung-eines-virologen/ ↩
3. SARS, Wikipedia. https://es.wikipedia.org/wiki/S%C3%ADndrome_respiratorio_agudo_grave ↩
4. Xing-Yí Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. Nature. Band 503, 2013, S. 535–538, doi:10.1038/nature12711 <https://www.nature.com/articles/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; <https://journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1006698> ↩
6. Ver cita 1 y: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. Nature | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269. <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3> ↩
7. Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. Lancet Respir Med 2020; 8: 420–22. Published Online February 17, 2020. [www.doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](http://www.doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X); [www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600\(20\)30076-X/fulltext](http://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600(20)30076-X/fulltext) ↩
8. Bundesgesundheitsblatt, edición Nr. 12, Diciembre 2010. Pandemien. 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 und Mitarbeiter. Euro Surveill. 2020;25(3);pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6988269/> ↵
10. Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. (Diagnostika: Primer test desarrollado para el nuevo co- ronavirus). Revista médica del 21.1.2020. www.medica.de ↵
11. Ver 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. Ver 9 ↵
14. §2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ (Principios de la buena práctica científica: (1) entre otros “poner en duda uno mismo de manera consecuente todos los resultados” y “mantener los principios reconocidos del trabajo científico en sus propias disciplinas”) en: Neufassung der Satzung der Charité Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis (Nueva versión de los estatutos del hospital universitario Charité Berlín para el aseguramiento de la buena práctica científica) del 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) puede leerse en alemán aquí:
https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtImitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf
↵
15. Un ejemplo de cómo se lidió en la opinión pública con la noticia de que también frutas dieron positivo de “SARS-Cov-2” se pueden encontrar aquí en alemán: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html> o aquí en español: <https://canariasnoticias.es/2020/05/08/una-cabra-y-una-papaya-dan-positivo-de-coronavirus-en-tanzania> ↵
16. Ver 9 ↵
17. Ver el libro de Karin Mölling con el interesante título “Viruses: More Friends Than Foes”, 420 páginas, publicado en 2016 en idioma alemán. ↵