

Fraudes y falsedades en el ámbito médico (<https://www.dsalud.com/reportajes/fraudes-y-falsedades-en-el-ambito-medico/>)

La estafa se constata: la PCR no detecta el SARS-CoV-2

Número 242 - Noviembre 2020

Cambiar tamaño:  A+ A++

Tiempo de lectura: 15 minutos

Las secuencias genéticas usadas en los PCR para detectar el presunto *SARS-CoV-2* y diagnosticar los casos de enfermos y muertos que se achacan a la *Covid-19* están presentes en decenas de secuencias del propio genoma humano y en los de un centenar de microbios. Y eso incluye a los iniciadores o cebadores, a los fragmentos más extensos tomados al azar de su supuesto "genoma" e incluso a los llamados "genes diana" presuntamente específicos del "nuevo coronavirus". La prueba carece de valor alguno y todos los resultados «positivos» obtenidos hasta ahora deberían quedar científicamente invalidados y comunicársele así a los afectados; y si se trata de fallecidos a sus familiares. Stephen Bustin, uno de los mayores expertos mundiales en PCR, asevera de hecho que en determinadas condiciones ¡cualquier persona puede dar positivo al test!



Lo venimos advirtiendo desde marzo: no se puede disponer de test específicos para un virus sin conocer los componentes del virus que se pretende detectar. Y no se pueden conocer los componentes sin haber aislado/purificado previamente ese virus. Desde entonces seguimos acumulando evidencias de que nadie ha aislado el SARS-CoV-2 y, lo que es más importante, de que nunca se podrá aislar por los motivos que ya explicamos el pasado mes (lea en nuestra web – www.dsalud.com– el reportaje *¿Se puede demostrar que existen virus patógenos?*). Y en el presente reportaje vamos a ofrecer nuevos datos que confirman que la RT-PCR no detecta el denominado SARS-CoV-2 como se afirma sino fragmentos de ARN humano o de gran cantidad de microbios.

Ya explicamos en su momento los numerosos problemas que plantea la RT-PCR, reconocidos por organismos oficiales como la *OMS* o los *CDC* y por expertos internacionales de prestigio como el doctor **Stephen Bustin** quien considera un sinsentido la arbitrariedad a la hora de establecer criterios sobre resultados o la elección del número de ciclos porque puede llevar incluso a que cualquiera pueda dar positivo.

Pues bien, en este reportaje vamos a añadir los resultados de una particular investigación que hemos realizado a partir de los datos publicados sobre el supuesto SARS-CoV-2 y sobre los protocolos avalados por la *OMS* para el uso de las RT-PCR así como con los datos

correspondientes al resto de los “coronavirus humanos”. Y las conclusiones son de una gravedad extrema: ninguno de los siete “coronavirus humanos” se ha aislado realmente y todas las secuencias de los cebadores de sus respectivas PCR así como las de una gran cantidad de fragmentos de sus supuestos genomas se encuentran en diferentes zonas del genoma humano y de genomas de bacterias y arqueas como, por ejemplo, éstas: *Shwanella marina* JCM, *Dialister succinatiphilus*, *Lactobacillus porcine*, *Lactobacillus manihotivorans*, *Leptospira sarikeiensis*, *Bizonia echini*, *Sanguibacteroides justesenil*, *Bacteroides massiliensis*, *Lacinutrix venerupis*, *Moraxella bovis*, *Leptospira saintgironisae*, *Winogradskyella undariae*, *Acetobacterium puteale*, *Chryseobacterium hispanicum*, *Paenibacillus koleovorans*, *Tamiana fuccidanivorans*, *Fontibacillua panacisegetis*, *Rufibacter ruber*, *Skemania piniformis*, *Chryseobacterium shigense*, *Caloramator peoteoclasticus*, *Cellulosilyticum ruminicola*, *Nitrosopumilius evryensis* y un largo etcétera.

Vamos a explicar paso a paso la búsqueda que nos ha llevado a tan insólita conclusión.

¿SE HA AISLADO ALGÚN CORONAVIRUS HUMANO?

Durante la primera mitad del mes de abril, cuando las primeras investigaciones que realizamos indicaban que el SARS-CoV-2 no se había aislado y puesto que quienes pretendían haberlo hecho se basaban en los “aislamientos” de anteriores “coronavirus humanos”, comenzamos a realizar un trabajo minucioso de revisión de esos pretendidos aislamientos. Concretamente hemos revisado los supuestos trabajos de aislamiento de los presuntos coronavirus humanos **229E** (dicen que se aisló en 1965), **OC43** (en 1967), **SARS-CoV** (en 2003), **NL63** (en 2004), **HKU1** (en 2005) y **MERSCoV** (en 2012). Y estos han sido los resultados:

Coronavirus 229E.

Artículo de referencia: **Dorothy Hamre y John Procknow**. *A new virus isolated from the human respiratory Tract*. Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine, 121: 1: 190-193. January 1, 1966.

Puesto que los autores se remiten a otros artículos para explicar el método de aislamiento -que denominan *Complement Fixation (Fijación del complemento)*- consultamos un artículo de referencia para ese método: el de **Janet W. Hartley y otros**. *Complement Fixation and tissue culture assay for mouse leukemia viruses*. PNAS, 53(5): 931-938, May 1965. Pues bien, se trata de un procedimiento ya en desuso que parte de la reacción antígeno-anticuerpo para detectar bien uno, bien el otro. En el caso que tratamos se pretendía detectar los antígenos del supuesto nuevo virus pero como ya hemos explicado para ello se necesitan anticuerpos específicos que no pueden tenerse la primera vez que se quiere detectar un virus.

Coronavirus OC43.

Artículo de referencia: **Paul Lee.** *Molecular epidemiology of human coronavirus OC43 in Hong Kong.* Tesis para el Departamento de Microbiología de la Universidad de Hong Kong, agosto 2007. The HKU Scholars Hub.

Se extrajo de unos cultivos lo que consideraron ARN viral **sin prueba alguna de que el ARN pertenezca a un virus.** La herramienta utilizada -un kit de QIAamp- elimina reactivos, inhibidores y contaminantes pero lo que no puede hacer es determinar de dónde sale el ARN extraído. **Y no hay controles.** Posteriormente se amplifica con la PCR y se secuencia asumiendo -repetimos- que se trata de información genética de un virus. Finalmente al autor se dedica a especular sobre mutaciones, recombinaciones, genotipos, evolución molecular, cepas y demás jerga que transmite la idea -no demostrada- de que se está trabajando con un «virus».

Coronavirus SARS-CoV.

Artículo de referencia: **J. S. M. Peiris y otros.** *Coronavirus as a possible cause of SARS.* Lancet, 361: 1319-25, April 2003.

En el artículo **no hay mención alguna a purificación.** Ni siquiera se habla de filtración o centrifugación. Solo se afirma que «*los virus se aislaron en células de hígado de mono fetales a partir de aspirados nasofaríngeos y biopsias de pulmón de dos pacientes*». **No hay controles.** Únicamente se menciona “efecto citopático” que se atribuye a un virus y se hacen PCR para virus y retrovirus conocidos sin obtener resultados. Por último se hacen RT-PCR con «iniciadores aleatorios» y se detecta una secuencia “de origen desconocido” a la que se encuentra “*una débil homología con la familia coronaviridae*”. Luego diseñaron iniciadores para esa secuencia y al testar 44 muestras de pacientes con SARS solo 22 dieron positivo.

Coronavirus NL63.

Artículo de referencia: **Lia van der Hock y otros.** *Identification of a new human coronavirus.* Nature Medicine, 10, 4 April 2004.

Los autores declaran que “*la identificación de patógenos desconocidos utilizando herramientas de biología molecular es difícil porque la secuencia diana no se conoce de modo que no se pueden diseñar iniciadores específicos de PCR*”.

Lo que utilizaron es una herramienta desarrollada por ellos mismos denominada VIDISCA que según afirman ¡no necesita un conocimiento previo de la secuencia! ¿Y es eso posible? Veámos cómo funciona: primero se prepara el cultivo y se asume que hay un virus presente debido al ya

comentado “efecto citopático”. La novedad que introduce este método es que se añaden “enzimas de restricción”, unas enzimas que cortan las moléculas de ácido nucleico por lugares determinados y siempre por el mismo. De este modo si tras la acción de esas enzimas observan muchos fragmentos de ADN o de ARN iguales o muy similares deducen que procede de un virus ya que el genoma del huésped presentaría cortes aleatorios mientras que el genoma del virus presenta gran cantidad de copias iguales por la replicación del virus. ¿Y es correcta tal deducción? ¡Por supuesto que no! Esta suposición (que se suma a la anterior suposición de que hay un virus) no tiene en cuenta que existen “partículas semejantes a virus”, “partículas semejantes a retrovirus”, “retrovirus endógenos”, “exosomas”, partículas “extracelulares” e incluso ADN mitocondrial. En definitiva, hay multitud de partículas que poseen las mismas características de reproducción en grandes cantidades que los “virus” y que, por tanto, **pueden falsear los resultados** al producir gran cantidad de copias iguales cuando los cortan las enzimas tal y como se reconoce en un artículo sobre la técnica VIDISCA titulado *Enhanced bioinformatic profiling of VIDISCA libraries for virus detective and Discovery (Perfiles bioinformáticos mejorados de las bibliotecas VIDISCA para la detección y el descubrimiento de virus)*. Se publicó en el volumen 263 de *Virus Research* el 2 de abril de 2019 y sus autores –**Cormac M. Kinsella y otros**– reconocen que “no se espera redundancia del inserto VIDISCA a partir del ácido nucleico de fondo del huésped **excepto en el caso de características ‘similares a virus’**, es decir, alto número de copias como en el ADN mitocondrial”.

Coronavirus HKU1.

Artículo de referencia: **Patrick C. Y. Woo y otros**. *Characterization and Complete Genome Sequence of a Novel Coronavirus, Coronavirus HKU1, from Patients with Pneumonia*. *Journal of Virology*, 79, 2, January 2005.

El artículo, increíblemente, comienza con estas palabras: «A pesar de una investigación exhaustiva en pacientes con infecciones del tracto respiratorio **no se ha podido identificar una causa microbiológica** en una proporción significativa de pacientes”. El ARN se extrae de cultivos sin purificar. Y se utiliza una PCR con genes de coronavirus. Para la secuenciación utilizan dos bases de datos de proteínas organizadas en familias, dominios y sitios funcionales -PFAM y INterProScan- combinadas con dos programas informáticos que llevan a cabo «predicciones» sobre cómo deben combinarse los nucleótidos. El texto añade: “Las secuencias se ensamblaron y editaron manualmente para producir una secuencia final del genoma viral”. **Una vez más no hay controles.**

Coronavirus MERS-CoV.

Artículo de referencia: **Ali Moh Zaki y otros**. *Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia*. *The New England Journal of Medicine*, 367:19, November 2012.

El material genético se extrae **directamente del sobrenadante** del cultivo y de una muestra de esputo con una herramienta llamada *High Puré Viral Nucleic Acid Kit* y luego se testa con diferentes PCR para varios microorganismos conocidos. **No se menciona la purificación y no hay controles.**

En definitiva, **lo que se ha hecho con los primeros coronavirus -y con gran cantidad de otros supuestos virus-** es **cultivar tejidos supuestamente infectados** -por haber detectado “efecto citopático”- y a partir de ahí o bien se **obtienen unas proteínas que sin prueba alguna se consideran «antígenos del virus» y cuando estos “antígenos» se detectan en cultivos se interpreta como “aislamiento”, o bien se extraen fragmentos de ácidos nucleicos asumiendo que pertenecen a un virus.**

Ya explicamos en el artículo publicado en el número anterior de la revista que según el doctor **Stefan Lanka** el llamado «efecto citopático” es en realidad un efecto provocado por las condiciones del propio cultivo. Así se reconoce por ejemplo en el artículo *Antibiotic-induced release of small extracellular vesicles (exosomes) with surface-associated DNA (Producción de pequeñas vesículas extracelulares (exosomas) inducida por antibióticos con ADN asociado a superficie)* publicado el 15 de agosto de 2017 en la web de *Nature* y firmado por **Andrea Németh y otros**

(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5557920/pdf/41598_2017_Article_8392.pdf
(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5557920/pdf/41598_2017_Article_8392.pdf))

. En él se explica que ciertas sustancias -como los antibióticos- añadidas a los experimentos realizados in vitro pueden estresar los cultivos celulares de modo que generen nuevas secuencias que no habían sido previamente detectadas. Algo que ya había advertido nada menos que en 1983 la doctora **Barbara McClintock** durante su conferencia de recepción del Premio Nobel como puede comprobarse en

<https://www.nobelprize.org/uploads/2018/06/mcclintock-lecture.pdf>
(<https://www.nobelprize.org/uploads/2018/06/mcclintock-lecture.pdf>).

En definitiva, **NI UNO SOLO DE LOS SIETE SUPUESTOS CORONAVIRUS HUMANOS SE HA AISLADO REALMENTE.** Lo único que ha variado entre ellos son los procedimientos y técnicas de laboratorio que fueron haciéndose progresivamente más sofisticadas lo que, en este caso, ha implicado no una mayor exactitud sino una mayor capacidad de engaño y autoengaño que ha culminado con la fabricación virtual del SARS-CoV-2.

Y la consecuencia obvia de la falta de pruebas de su aislamiento es que a tales “coronavirus” **no se les puede considerar responsables de ninguna enfermedad.** Es más, todas las pruebas o test -del tipo que sean- basadas en los presuntos componentes de esos “virus” (ácidos nucleicos o proteínas) quedan completamente descalificadas como “test de infección” y más aún como “diagnósticos” de enfermedades.

MÁS PETICIONES DEL AISLAMIENTO SIN RESPUESTA

En el número anterior ya recogimos las respuestas que nos dieron los autores de varios artículos que se supone describían el aislamiento del SARS-CoV-2 en las que reconocían que no habían «purificado» lo que implícitamente supone reconocer que el virus no fue aislado. Y ahora vamos a añadir una evidencia más: las respuestas dadas por diferentes autoridades - políticas y sanitarias- de varios países sobre la purificación y aislamiento del SARS-CoV-2.

James McCumiskey –autor del libro *La última conspiración: el paradigma biomédico*- cuenta que el *National Virus Reference Laboratory (Laboratorio Nacional de Referencia de Virus)* de Irlanda solicitó información sobre ello a la *Universidad de Dublín* y ésta respondió que «**no tiene registros que puedan responder a su petición**». El director de los servicios legales del laboratorio insistiría en su petición a la universidad y ésta respondió así: “*La posición de la universidad es que las materias de debate académico no pueden someterse a la Ley de Libertad de Información*”. De la petición del *NVR* se deduce que **ellos no han cultivado el SARS-CoV-2 ni lo han purificado**. Solo reconocen haber “*detectado el ARN del SARS-CoV-2 en muestras para el diagnóstico*”.

El pasado 22 de junio un grupo de expertos envió una consulta en términos similares al Primer Ministro británico **Boris Johnson**. La carta estaba firmada por el doctor **Kevin Corbett, Piers Corbyn** -profesor del *Imperial College* de Londres-, el ingeniero e investigador independiente -a quien en su día entrevistamos en la revista- **David Crowe**, el doctor **Andrew Kaufman**, el profesor de Biología de Edimburgo **Roger Watson** y el biólogo y químico **David Rasnick** ¡y a día de hoy siguen sin recibir respuesta!

Otra petición similar -en este caso al *National Research Council (Consejo Nacional de Investigación)* de Canadá- recibió la siguiente respuesta: “*No hemos podido llevar a cabo una búsqueda completa en los registros del NRC así que lamentamos informarle de que **no se ha identificado ningún registro que responda a su petición***”.

Agregaremos que dos periodistas han estado enviando peticiones similares -apoyándose en la Ley de Libertad de Información- a varias instituciones de Canadá, Nueva Zelanda, Australia, Alemania, Reino Unido y Estados Unidos y a 5 de septiembre doce instituciones habían respondido indicando todas lo mismo: que no tienen registrado **ningún trabajo que describa el aislamiento del virus que se supone causa la Covid-19**. Los detalles y las respuestas pueden verse en

<https://www.fluoridefreepeel.ca/u-k-dept-of-health-and-social-care-has-no-record-of-covid-19-virus-isolation/> (<https://www.fluoridefreepeel.ca/u-k-dept-of-health-and-social-care-has-no-record-of-covid-19-virus-isolation/>).

BUSCANDO EL ORIGEN DEL FALSO GENOMA

La pregunta que nos hicimos entonces fue: si las secuencias que se han ido publicando no pertenecen -como se ha afirmado- a nuevos virus, ¿de dónde proceden? Y para tratar de responder a esa pregunta decidimos realizar una búsqueda con un programa informático llamado *Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)*, herramienta de búsqueda de alineamientos de secuencias que permite comparar una determinada con todas las secuencias almacenadas en los *Institutos Nacionales de Salud* de Estados Unidos (es pública y puede consultarse en <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)). Explicamos paso a paso lo que hicimos para que el lector pueda repetir la búsqueda por sí mismo y comprobar los resultados.

En primer lugar recopilamos todos los iniciadores de las PCR descritas en los protocolos alojados en la web de la *OMS* en aquel momento que eran estos:

- Protocolo de los *CDC* de China: utiliza como diana los genes ORF1ab y N.
- Protocolo del *Instituto Pasteur* (Francia): utiliza dos fragmentos del RdRP (que se supone es específico del SARS.CoV-2).
- Protocolo de los *CDC* de Estados Unidos: utiliza tres fragmentos del gen N
- Protocolo del *Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas* de Japón: es el único que tiene como diana el gen S junto a otros genes supuestamente compartidos con otros coronavirus.
- Protocolo de *Charité* (Alemania): utiliza los genes E, N y RdRP.
- Protocolo de la *Universidad de Hong Kong*: utiliza el ORF1b-nsp14 y el N.
- Protocolo del *Instituto Nacional de Salud* de Tailandia: utiliza el gen N.

A continuación fuimos introduciendo la secuencia de los cebadores -el que indica el comienzo de la secuencia a detectar (forward) y el que indica el final (reverse)- en el *BLAST* para que las buscara en dos bases de datos: una recopilación de genomas de microbios y la correspondiente al genoma humano.

LAS SECUENCIAS DEL SUPUESTO SARS-COV-2 ¡ESTÁN EN LOS HUMANOS Y EN NUMEROSOS MICROBIOS!

Veamos en detalle el procedimiento tomando como ejemplo los iniciadores del protocolo francés. Una vez en la web de *BLAST* elegimos *Microbes (Microbios)* para buscar en las bases de datos de genomas microbianos y avanzamos página. Aparece entonces un formulario en el que introducimos la secuencia del iniciador *forward* del protocolo francés -que es

ATGAGCTTAGTCCTGTTG-, seleccionamos la opción *Highly similar sequences (Secuencias muy similares)* y pulsamos la tecla *BLAST*. Apenas unos segundos después aparecieron los resultados -hicimos una captura de la pantalla (*imagen 1*)- y se nos mostraron **100 secuencias de microbios** -en particular de bacterias y arqueas- con una coincidencia de entre un 77% y un 100% con un porcentaje de identidad del 100%.

A continuación volvimos a la página de inicio y esa segunda vez elegimos *Human (Humanos)* para buscar en el genoma humano, repetimos la misma operación y tras unos segundos apareció el resultado que volvimos a capturar (*imagen 2*). Y resulta que la secuencia introducida coincide con **74 secuencias del genoma humano**, con una coincidencia de entre el 66% y el 100% y un porcentaje de identidad del 100%.

Y eso indica que **la secuencia de ese cebador inicial de la PCR que se supone es específica para el SARS-CoV-2 corresponde en realidad igualmente ¡a 74 fragmentos del genoma humano y a un centenar de fragmentos microbianos».**

A continuación decidimos repetir la operación pero con el cebador final o *reverse* -que es **CTCCCTTTGTTGTGTTGT-** y los resultados fueron similares.

Como quiera que se trataba de secuencias muy cortas -en torno a una veintena de letras genéticas o nucleótidos- decidimos probar de nuevo pero con la secuencia diana que definen esos dos cebadores, es decir, la secuencia del supuesto genoma del SARS-CoV-2 que se encuentra entre el cebador de inicio y el del final. Obviamente para ello necesitábamos la secuencia que oficialmente se admite como la del "genoma del SARS-CoV-2" y aunque miles de laboratorios aseveran haberlo aislado y secuenciado -una afirmación falsa como hemos explicado en reportajes anteriores- decidimos acudir a la página oficial del *National Center for Biotechnology Information (Centro Nacional de Información Biotecnológica)*:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_045512.2?report=genbank&to=29903

(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_045512.2?report=genbank&to=29903). Una vez en ella localizamos la «secuencia diana», fragmento de 108 nucleótidos situados entre las posiciones 12.690 y 12.797 del "genoma" y que es ésta:

**ATGAGCTTAGTCCTGTTGCACTACGACAGATGTCTTGTGCTGCCGGTACTACACAACTGCTTGC
ACTGATGACAATGCGTTAGCTTACTACAACACAACAAAGGGAG.**

Pues bien, repetimos con ella las operaciones antes descritas y los resultados volvieron a ser sorprendentes ya que aparecieron de nuevo **un centenar de secuencias de microbios con un porcentaje de coincidencia del 100% y cuatro secuencias del genoma humano con un porcentaje de identidad de entre el 83% y el 95%**. Las coincidencias eran pues menores pero lo trascendente e importante es que **seguimos encontrando fragmentos de la supuesta «secuencia diana» del SARS-CoV-2 tanto en microbios como en nuestro propio genoma.**

Realmente atónitos dimos un paso más y probamos con el gen considerado en ese momento como el más específico del SARS-CoV-2, el Gen E que se supone genera las proteínas de envoltura y está situado entre las posiciones 26.245 y 26.472. Se trata de una secuencia de 227

nucléotidos considerada de las más específicas y es ésta:

ATGTACTCATTTCGTTTTCGGAAGAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTTCTTTTTCTTGCT
TTCGTGGTATTCTTGCTAGTTACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCGATTGTGTGCGTACTGCTGC
AATATTGTTAACGTGAGTCTTGTAACCTTCTTTTTACGTTTACTCTCGTGTTAAAAATCTGAAT
TCTTCTAGAGTTCCTGATCTTCTGGTCTAA.

Repetimos con ella las operaciones ya descritas y el resultado fue aún más sorprendente porque a pesar de su longitud **aparecieron otras cien secuencias de microbios con un porcentaje de identidad del 100% y 10 secuencias del genoma humano con un porcentaje de identidad de entre el 80% y el 100%. Y resultados similares obtuvimos con un fragmento elegido al azar y con el gen N que dicen corresponde a las proteínas de la nucleocápside del SARS-CoV-2.**

Finalmente decidimos probar con el Gen S que según se afirma es el que generaría las proteínas estructurales de «espina» que son claves para la entrada en la célula y posteriormente se consideró como el gen más específico del SARS-CoV-2. Por tratarse de un gen cuya secuencia es mucho más larga -3.821 nucleótidos entre las posiciones 21.563 y 25.384- probamos con dos fragmentos escogidos al azar dentro de ese gen y el primero – **TTGGCAAATTCAAGACTCACTTTC**– arrojó como resultado otro centenar de secuencias de microbios y 93 secuencias del genoma humano y el segundo – **CTTGCTGCTACTAAAATGTCAGAGTGT**– un centenar de secuencias microbianas y 90 del genoma humano.

Finalmente decidimos probar con los iniciadores del Protocolo de Japón, único que incluye secuencias diana del Gen S y como el lector ya habrá supuesto los resultados fueron una vez más similares: **¡un centenar de secuencias de microbios y 93 secuencias del genoma humano con un porcentaje de identidad de entre 94,12% y 100%!**

CONCLUSIONES

La consecuencia de todo lo que acabamos de explicar es clara e inmediata: **NO HAY NINGÚN TEST VÁLIDO PARA DETECTAR EL SARS-COV-2**, Ni los test de anticuerpos o antígenos ni los RT-PCR. E incluimos los basados en el supuesto gen que se afirma codifica la proteína S1 o de espiga. Y eso supone **QUE TODAS LAS CIFRAS DE “CASOS”, «CONTAGIADOS», “ENFERMOS”, “ASINTOMÁTICOS” O “MUERTOS POR LA COVID-19” CARECEN DE SOPORTE CIENTÍFICO Y TODOS LOS “POSITIVOS” SON FALSOS POSITIVOS**. Algo que debería comunicarse inmediatamente a los afectados y pedir cuentas a los responsables.

Terminamos añadiendo que en estos test no cree en realidad ni la propia *OMS*. Basta leerse el documento que publicó el pasado 11 de septiembre como guía de laboratorio para el SARS-CoV-2 titulado *Diagnosis festina for SARS-CoV-2 (Pruebas de diagnóstico para el SARS-CoV-2)*-

lo tiene en <https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1302661/retrieve> (https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1302661/retrieve)– y en él se dice literalmente en la página 5 lo siguiente: *“Cuando sea posible la sospecha de infección activa debería testarse con un test de amplificación de ácidos nucleicos (NAAT) como la RT-PCR. Las pruebas de NAAT deberían tener como diana el genoma del SARS-CoV-2 pero puesto que no existe circulación global conocida del SARS-CoV-1 una secuencia de Sarbecovirus (supuesta especie que incluye al menos cinco coronavirus humanos y animales entre los que se encuentran el SARS-CoV-1 y el SARS-Cov-2) es también una diana razonable”*. Es decir, **la OMS acepta utilizar para detectar el SARS-CoV-2 secuencias no específicas**.

Y eso no es todo porque el manual dice más adelante: *“Un diagnóstico óptimo consiste en una prueba NAAT con al menos dos dianas independientes del genoma del SARS-CoV-2; no obstante, en zonas donde la transmisión esté muy extendida **se puede utilizar un simple algoritmo con una sola diana**”*.

El manual de la OMS dice finalmente: *“**Uno o más resultados negativos no descartan necesariamente la infección por el SARS-CoV-2**. Hay una serie de factores que pueden producir un resultado negativo en un individuo infectado incluyendo baja calidad de la muestra, haberla recogido en un momento tardío de la enfermedad, no haberla manejado adecuadamente o razones técnicas inherentes al test; por ejemplo una mutación del virus o una inhibición de la PCR”*.

¿A qué esperan los jueces para actuar de oficio?

Jesús García Blanca

Nota: el autor agradece públicamente a **Juan Pedro Aparicio Alcaraz** su paciente y minucioso trabajo de colaboración en la búsqueda de artículos científicos y en el tedioso trabajo con el BLAST.

ESTE REPORTAJE APARECE EN