

¿Por qué la teoría oficial sobre el COVID-19? No es sostenible

Dr. Fabio Franchi

Investigador independiente y exdirector médico del Servicio de Enfermedades Infecciosas de Trieste, Italia; especialista en enfermedades infecciosas, higiene y medicina preventiva. Correo electrónico: ffranchi60@gmail.com (<https://orcid.org/0009-0002-2107-9312>)

Abstracto

A pesar de la gran cantidad de artículos científicos publicados sobre la COVID-19, aún existen aspectos cruciales de la historia que no se han estudiado lo suficiente. Los problemas se refieren a la definición, el diagnóstico y las pruebas utilizadas. Todas son cuestionables. Incluso si todas se aceptaran tácitamente como correctas, la teoría dominante actual sigue siendo insostenible: no puede explicar lo sucedido, es decir, la pandemia en la versión presentada, más o menos, como un consenso científico. La razón simple es que el virus denominado "SARS-CoV-2" —según encuestas realizadas con la prueba ampliamente utilizada para su identificación— ya estaba extendido en años prepandémicos en todo el mundo antes de su "nacimiento" oficial, y nadie siquiera lo notó. Hay pruebas suficientes de este hecho.

Palabras clave: *inmunidad celular, teoría de la pandemia de COVID-19, epidemiología, teoría de la falsabilidad, IgG frente a IgM, prueba RT-PCR, anticuerpos específicos del SARS-CoV-2*

Introducción

La cantidad de artículos científicos publicados sobre la COVID-19 es impresionante: para junio de 2025, se habían registrado más de 480.000 artículos en PubMed en los cinco años y medio transcurridos desde que se anunció el inicio de la pandemia. Por lo tanto, se podría asumir que el tema se había explorado suficientemente en todos sus aspectos. El fenómeno de la COVID-19 es, sin duda, la enfermedad infecciosa más estudiada en la historia de la medicina. En comparación, hubo muchas menos publicaciones sobre el VIH-SIDA —poco más de 186.000— en PubMed durante un período de nada menos que 44 años, un período que comenzó con los primeros informes de un nuevo tipo de patología entre los homosexuales estadounidenses (Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, [1981](#)). Esos artículos establecen un plazo ocho veces mayor que el plazo para publicar artículos sobre la COVID-19. Sin embargo, quienes piensan...

Sería un error decir que todo está aclarado sobre este asunto: todavía persisten grandes dudas sobre las cuestiones más centrales y urgentes.

La gran cantidad de investigación y producción científica no necesariamente va de la mano con la calidad. Es indiscutible, por ejemplo, que más de la mitad de los artículos revisados por pares y publicados carecen de valor alguno (Ioannidis).2005, Lundberg2018), y el resto tampoco están exentos de problemas persistentes. La producción exagerada de artículos científicos sin un análisis serio de los mismos sigue siendo un problema bien conocido en el pasado, y desde que surgió la historia de la COVID-19, la magnitud del fenómeno no ha hecho más que crecer exponencialmente. Además, existe la imposibilidad humana de siquiera echar un vistazo rápido a todos esos artículos publicados: una vida entera no sería suficiente para leerlos todos. John Maddox, reconocido editor de *Naturaleza* (durante 22 años) era muy consciente de este problema y estaba profundamente preocupado por él. Escribió un editorial en 1988 con el evocador título, “Encontrando madera entre los árboles”:

¿Existe el peligro, en biología molecular, de que la acumulación de datos supere con creces su asimilación en un marco conceptual, hasta el punto de que estos acaben siendo un estorbo? Parte del problema reside en que el entusiasmo por la búsqueda deja poco tiempo para la reflexión. Y existen subvenciones para la producción de datos, pero casi ninguna para contemplarlos con calma.

En busca de dicha reflexión, planteo la siguiente pregunta: ¿existen claves para una comprensión más profunda de los problemas de la COVID-19 ocultos en la frenética producción científica que siguió al anuncio de la «pandemia»? Lo cierto es que gran parte de ella ni siquiera fue revisada por pares, sino que, más bien, ha consistido en preimpresiones debido a la «emergencia» anunciada y percibida.

Métodos y resultados

Se ha realizado una búsqueda en la literatura científica con las palabras clave ya mencionadas. No se trata de una revisión exhaustiva, sino de una búsqueda en la que solo se describen brevemente los artículos considerados relevantes para el debate actual. El objetivo es filtrar algunos de los datos significativos mediante un enfoque metodológico sólido.

Partí de la observación de que hay críticas consistentes sobre numerosos aspectos de la historia y se refieren a: a) las pruebas para determinar la presencia del SARS-CoV-2 (Gallagher2020; Reuters 2020; Watson y otros.2020; Borger y otros.2020; Kämmerer y otros.2023; Serpieri y Franchi2024); b) los signos/síntomas de las enfermedades atribuidas a la COVID-19 (por ejemplo, Franchi y Tomsic,2023); c) la verdadera naturaleza de las vacunas (por ejemplo, Latypova, 2020; Segalla,2024). La epidemiología en particular se ha guiado por un enfoque peculiar para la definición de casos (OMS2020; CENTROS PARA EL CONTROL Y LA PREVENCIÓN DE ENFERMEDADES2023), que era extremadamente amplio y permitía el diagnóstico de COVID confirmado en presencia de cualquier condición clínica, incluido el bienestar (véase la Tabla 1). Como muestra la tabla, dado un resultado positivo de una prueba de amplificación de ácidos nucleicos (NAAT) controvertida, la condición en la primera columna de la Tabla 1 colocaría a la persona en la clase de pacientes con COVID-19 en estado avanzado. Esta tabla podría parecer una broma, pero en cambio representa exactamente lo que realmente sucedió. Un ejemplo extremo que fue noticia en Abruzzo, Italia, fue el caso de un hombre de 41 años que murió ahogado, pero el hisopado AAT mostró que dio positivo para COVID-19, por lo que fue “contado entre las víctimas de la epidemia” el 29 de septiembre de 2020 (véase el informe de Donat-Cattin, 2020). A pesar de los absurdos y las

Watson et al. escribieron: «La falta de un criterio de referencia claro representa un desafío para la evaluación de las pruebas de COVID-19; pragmáticamente, la adjudicación clínica podría ser el mejor criterio de referencia disponible, basándose en hisopados repetidos, antecedentes y contacto con pacientes con COVID-19, radiografías de tórax y tomografías computarizadas. Inevitablemente, esto introduce cierto sesgo de incorporación, donde la prueba evaluada forma parte del criterio de referencia [...]».

Las críticas posteriores no parecieron llevar a la conclusión inequívoca necesaria a la que, en mi opinión, debería haber llegado. Más bien, todos los componentes contradictorios del fenómeno de la COVID-19 simplemente dieron lugar a un complejo de debates aparentemente interminables.

Tabla 1
Dada la definición de caso de la OMS, cada patología, condición, lesión o muerte
Fue clasificado como un "caso confirmado de COVID-19" cuando se aplicó
La prueba de amplificación de ácidos nucleicos (NAAT) obtuvo un resultado positivo

Condición	Resultado de NAAT	Diagnóstico
Insuficiencia cardíaca aguda	POSITIVO	COVID-19
Insuficiencia cardíaca aguda	NEGATIVO	Insuficiencia cardíaca aguda
neumonía intersticial	POSITIVO	COVID-19
neumonía intersticial	NEGATIVO	neumonía intersticial
Un grano	POSITIVO	COVID-19 (potencialmente mortal)
Un grano	NEGATIVO	Sólo un grano
Muerte por ahogamiento	POSITIVO	COVID-19 mortal)
Muerte por ahogamiento	NEGATIVO	Muerte por ahogamiento

Así pues, propongo aquí otro enfoque que escapa a las falacias del razonamiento circular. Karl Popper (1934/1959) sostuvo que una teoría es científica solo si se expone a la posibilidad de pruebas experimentales u observaciones que puedan refutarla. Una teoría científica debe permitir predicciones correctas. Si sus predicciones son consistentes con las observaciones experimentales, la teoría se confirma; de lo contrario, debe descartarse o modificarse. De hecho, una buena teoría se juzga por el pasado. ¿Cuáles son sus consecuencias verificables? A continuación, detallaré la respuesta a estas preguntas:

Si el virus SARS-CoV-2 fue una entidad nueva que no existía hasta diciembre de 2019, no se pudo encontrar antes de esa fecha, pero se encontró. Los resultados de la presente investigación son suficientes para concluir que la teoría actualmente aceptada está, gracias a los resultados que presento aquí, inequívocamente refutada.

El consenso científico sobre el origen de la pandemia de COVID-19

En síntesis, las únicas posibilidades consideradas para la pandemia, con epicentro reportado en Wuhan en diciembre de 2019, fueron tres: tenía que ser el resultado de una propagación “natural, accidental o deliberada” del SARS-CoV-2 (por ejemplo, Gostin et al.2023) Se declaró el SARS-CoV-2 —sin pruebas materiales —²— ser la única causa de las patologías identificadas como, y/o asociadas con, COVID-19³. Investigación

²El verdadero aislamiento del SARS-CoV-2 ha sido cuestionado por algunos investigadores desde el principio. Se han enviado solicitudes de FOIA a diversas instituciones públicas solicitando documentos que lo acrediten. No se encontró ninguna, y Massey hizo pública la recopilación completa de preguntas y respuestas.2021).

³De hecho, la pregunta "¿cuáles son los tres primeros artículos que muestran la correlación causal entre el SARS-CoV-2 y la enfermedad "COVID-19"?” permanece hoy sin una respuesta adecuada, al igual que en 2020. La positividad de la prueba de referencia (RT-PCR) no fue necesaria ni suficiente para los síntomas característicos y las condiciones de enfermedad posteriores de la COVID-19, excepto por definición (OMS2020a ; CENTROS PARA EL CONTROL Y LA PREVENCIÓN DE ENFERMEDADES2023 ; Franchi y Tomsic2023), lo que implica la falacia lógica del razonamiento circular.

Los efectos de recencia y primacía podrían ayudar a explicar este sesgo cognitivo hacia esa explicación ampliamente aceptada (Rubínová y Price, 2024).

La cuarta posibilidad, ampliamente ignorada («el Cuervo Blanco»)

De hecho, existe una cuarta posibilidad, conscientes de que optamos por permanecer en el paradigma viral sin compartirlo: el virus (identificado por el resultado positivo de la PCR, supuestamente el método de referencia para el diagnóstico de COVID-19) estaba presente y extendido en Italia, incluso antes del brote de la epidemia, sin dar señales de su existencia: un hecho absolutamente inesperado, incluso según los comentarios de los autores principales. Cabe destacar que los dos primeros casos de COVID-19 en Italia se registraron el 30 de enero de 2020, cuando dos turistas procedentes de China dieron positivo por SARS-CoV-2 en Roma. El primer caso autóctono (de un italiano originario) se diagnosticó el 18 de febrero de 2020.

Sin embargo, tres estudios sugieren otra historia, cada uno reforzando a los otros:

1. El primer estudio (La Rosa et al. 2021), reportado en noviembre-diciembre de 2019, se refería a la presencia de secuencias virales específicas del SARS-CoV-2 en aguas residuales de ciudades distantes entre sí. Si los investigadores lograron encontrarlo en las aguas residuales, con la dilución que conlleva, significa que la cantidad de virus debió ser considerable y que la difusión original debió haber comenzado mucho antes.
2. En el segundo estudio (Apolone et al. 2021), se encontraron anticuerpos en sueros criopreservados de personas asintomáticas, que datan de septiembre de 2019.
3. En el tercer estudio, las autopsias realizadas en el período prepandémico en Milán por Lai et al. (2021) examinaron a 169 de las personas fallecidas y encontraron que 5 de ellas eran positivas para la presencia de antígenos/anticuerpos y/o secuencias virales (todos los cuales fueron descubiertos por PCR).

Apolone y otros. (2021) escribió:

Investigamos la presencia de anticuerpos específicos del dominio de unión al receptor (RBD) del SARS-CoV-2 en muestras de sangre de 959 personas asintomáticas inscritas en un ensayo prospectivo de detección de cáncer de pulmón entre septiembre de 2019 y marzo de 2020 para rastrear la fecha de inicio, la frecuencia y las variaciones temporales y geográficas en las regiones italianas. Se detectaron anticuerpos específicos del RBD del SARS-CoV-2 en 111 de 959 (11,6%) personas, a partir de septiembre de 2019 (14%), con un grupo de casos positivos (>30%) en la segunda semana de febrero de 2020 y el número más alto (53,2%) en Lombardía. Este estudio muestra una circulación muy temprana inesperada del SARS-CoV-2 entre personas asintomáticas en Italia varios meses antes de que se identificara al primer paciente y aclara el inicio y la propagación de la pandemia de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19). El hallazgo de anticuerpos contra el SARS-CoV-2 en personas asintomáticas antes del brote de COVID-19 en Italia podría cambiar la historia de la pandemia.

CONSECUENCIAS LÓGICAS

Una de las consecuencias lógicas es que, si atribuimos significado y confiabilidad a las pruebas de anticuerpos y genéticas, el virus tuvo que estar presente mucho antes de lo que afirma la narrativa principal (al menos muchos meses) para estar tan extendido en septiembre de 2019. Por cierto, el hallazgo de IgM significaría una infección reciente (dentro de los 5 meses anteriores, es decir, en abril de 2019), mientras que la IgG sola indicaría una infección más antigua, más de 5 meses antes, tal vez incluso años antes.

Entonces, el virus (diseñado o no) fue encontrado lejos de Wuhan y sus laboratorios en un momento en que la pandemia estaba lejos de haber comenzado todavía según la narrativa aceptada, pero la importancia de

Tales hallazgos parecen haber pasado desapercibidos para la comunidad científica. Ya circulaba, mientras que la tecnología de "ganancia de función" (GoF), aplicada al coronavirus destinado a convertirse en SARS-CoV-2, aún estaba en desarrollo y aún no se había producido ninguna fuga del laboratorio de Wuhan.

En otras palabras, la supuesta causa única estaba presente, pero no el efecto esperado. Esa es una contradicción irreconciliable.

OCOMO UNA ANOMALÍA AISLADA?

No: existe amplia evidencia de la presencia viral prepandémica en el mundo. Se han registrado pruebas positivas de SARS-CoV-2 en diferentes poblaciones, teóricamente libres de infección, en al menos cinco continentes. A continuación, se presentan 11 casos notables:

1. En Francia, Carrat et al. (2021) escribió:

El primer caso documentado en Europa se informó retrospectivamente en Francia en un paciente con diagnóstico de neumonía y un resultado positivo de RT-PCR de SARS-CoV-2 el 27 de diciembre de 2019. Este informe sugiere que la infección por SARS-CoV-2 puede haber ocurrido ya en noviembre de 2019 en Francia.

2. En Alemania, sobre la inmunidad celular prepandémica, Braun et al. (2020) informó:

Identificamos linfocitos T CD4+ S-reactivos mediante citometría de flujo según su expresión de CD40L y 4-1BB tras la estimulación in vitro con péptidos S. [También] los linfocitos T S-reactivos en los HD R presentan reactividad cruzada con los hCoV. Nuestro estudio revela reactividad cruzada celular preexistente al SARS-CoV-2 en una proporción sustancial de HD seronegativos al SARS-CoV-2. Este hallazgo podría tener importantes implicaciones epidemiológicas en relación con los umbrales de inmunidad colectiva y las proyecciones para la pandemia de COVID-19.

3. En los Países Bajos, Grifoni et al. encontraron reactividad de células T que data de años antes de que se declarara la "pandemia". (2020):

Comprender la inmunidad adaptativa al SARS-CoV-2 es fundamental para el desarrollo de vacunas, la interpretación de la patogénesis de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) y la calibración de las medidas de control de la pandemia. Mediante el uso de megagrupos de péptidos predichos por HLA de clase I y II, se identificaron linfocitos T CD8+ y CD4+ circulantes específicos del SARS-CoV-2 en el 70 % y el 100 % de los pacientes convalecientes de COVID-19, respectivamente. [...] Cabe destacar que detectamos linfocitos T CD4+ reactivos al SARS-CoV-2 en el 40 %-60 % de los individuos no expuestos, lo que sugiere un reconocimiento cruzado de linfocitos T entre los coronavirus circulantes del resfriado común y el SARS-CoV-2. Todos los donantes fueron reclutados entre 2015 y 2018, excluyendo cualquier posibilidad de exposición al SARS-CoV-2. Es importante destacar que se observaron respuestas de células T reactivas cruzadas al SARS-CoV-2 preexistentes en donantes sanos, lo que indica cierto potencial de inmunidad preexistente en la población humana.

4. En Rusia, Gumanova et al. (2022) encontró:

Investigamos la seroprevalencia de anticuerpos específicos contra el dominio de unión al receptor (RBD) anti-SARS-CoV-2-S1 en muestras de suero entre 2011 y 2021 [...]. El presente estudio detectó anticuerpos específicos contra el RBD anti-SARS-CoV-2-S1 (3-6%) en el suero de los participantes reclutados entre 2011 y 2019, y estos hallazgos pueden contribuir a nuestra comprensión del origen del SARS-CoV-2.

Los sueros fueron seleccionados de participantes reclutados que eran asintomáticos.

5. En Estados Unidos, Basavaraju et al. (2020) obtuvieron resultados similares:

Métodos. Para determinar la presencia de anticuerpos reactivos al SARS-CoV-2 en sueros antes del primer caso identificado en Estados Unidos el 19 de enero de 2020, se analizaron muestras residuales archivadas de 7389 donaciones de sangre rutinarias recolectadas por la Cruz Roja Americana entre el 13 de diciembre de 2019 y el 17 de enero de 2020 de donantes residentes en 9 estados (California, Connecticut, Iowa, Massachusetts, Michigan, Oregón, Rhode Island, Washington y Wisconsin) en los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) para detectar anticuerpos anti-SARSCoV-2.

Resultados. De las 7389 muestras, 106 resultaron reactivas a la pan-Ig. De estas 106 muestras, 90 estaban disponibles para análisis adicionales. Ochenta y cuatro de las 90 presentaron actividad neutralizante, una actividad de unión a S1 y una actividad de bloqueo del dominio de unión al receptor/ACE2 >50%, lo que sugiere la presencia de anticuerpos anti-SARS-CoV-2 reactivos.

Conclusiones. Estos hallazgos sugieren que el SARS-CoV-2 podría haberse introducido en Estados Unidos antes del 19 de enero de 2020.

6. En Arabia Saudita, en octubre de 2019, Mahallawi et al. encontraron inesperadamente anticuerpos contra el SARS-CoV-2.[2022](#)) en la sangre de los árabes:

En conclusión, proporcionamos evidencia que respalda la circulación temprana inesperada del SARS-CoV-2 entre personas que visitaron China unos meses antes de la declaración de la pandemia. Estos resultados respaldan la aparición y propagación del SARS-CoV-2 antes de la declaración de la pandemia de COVID-19. La detección de anticuerpos contra el SARS-CoV-2 en personas antes del brote pandémico reportado en China podría reescribir la cronología actualmente aceptada de la pandemia.

7. En África, Ioannidis y Contopoulos-Ioannidis ([2023](#)) revisaron artículos publicados que indican una positividad generalizada antes de la pandemia. Escribieron:

La positividad fue similar para los anticuerpos antinucleocápside (14%) y antiespícula (11%), mayor para antiespícula1 (23%) y menor para los anticuerpos antidominio de unión al receptor (7%). La positividad fue similar, en promedio, para la inmunoglobulina M y la inmunoglobulina G.

Conclusión: Las muestras prepandémicas de África muestran altos niveles de seropositividad anti-SARS-CoV-2. A nivel nacional, la reactividad cruzada se correlaciona especialmente con la prevalencia de malaria. Nuestro metanálisis proporciona evidencia sólida de inmunidad humoral de reactividad cruzada prepandémica al SARS-CoV-2 en África, estrechamente relacionada con la malaria. Se requieren más estudios sobre los perfiles inmunológicos más amplios involucrados y sus implicaciones para la salud pública.

Ioannidis y Ioannidis-Contopoulos ([2023](#)) afirmó que "*Pistas de reactividad cruzada, especialmente con la prevalencia de la malaria*" lo que implica, por un lado, que también podría estar presente sin "*prevalencia de la malaria*" y, por otro lado, que todos los resultados se consideran de "reactividad cruzada" y, por lo tanto, falsos positivos. ¿Por qué? La única razón es que, según la narrativa preconcebida dominante, "el virus no podría haber estado allí antes de 2020". Los mismos resultados en períodos posteriores a 2020 se considerarían prueba de la presencia de la infección por COVID-19. Lo que se manifiesta es un ejemplo espectacular de cómo la realidad puede ajustarse arbitrariamente para ajustarse a una hipótesis preferida, en lugar de ajustar la hipótesis teórica a los hechos, como debería hacerse.

8. En Camboya hubo hallazgos similares por parte de Manning et al. ([2022](#)):

Conclusiones: Encontramos en un ELISA ampliamente utilizado, altamente específico y validado que aproximadamente entre el 4% y el 14% de las muestras de suero prepandémicas de personas infectadas con malaria en Camboya fueron positivas para anticuerpos no neutralizantes contra los antígenos de pico y RBD [dominio de unión al receptor] del SARS-CoV-2 utilizando varios valores de corte de densidad óptica estandarizados.

9. En Singapur, Le Bert et al. (2020) encontraron signos de “infección por SARS-CoV-2” entre sueros de donantes no expuestos (recogidos antes de julio de 2019):

En particular, detectamos respuestas de IFN γ específicas del SARS-CoV-2 en 19 de 37 donantes no expuestos.

GRAPHICAL ABSTRACT

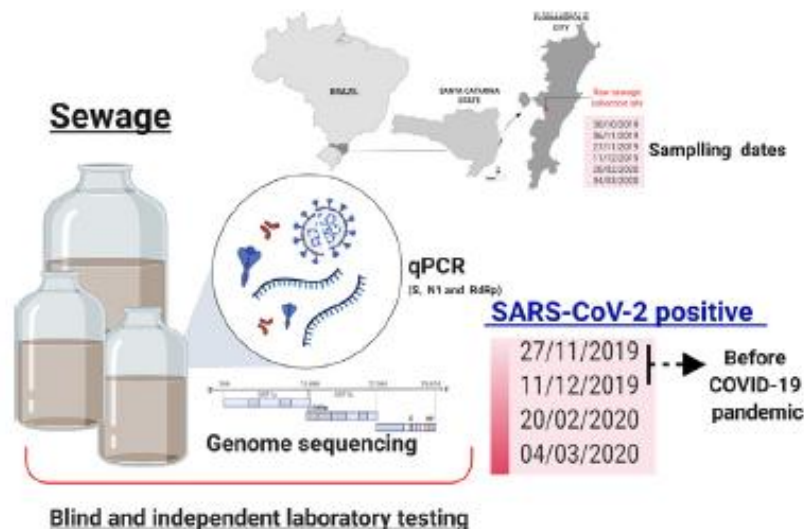


Figura 1. Este es el resumen gráfico de Fongaro, et al. (2021), titulado “La presencia de ARN del SARS-CoV-2 en aguas residuales humanas en Santa Catarina, Brasil, noviembre de 2019”, en *La Ciencia del Medio Ambiente Total*, 778, 146198 en URL <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146198>

10. En Brasil, Fongaro et al. (2021) examinaron material de aguas residuales en busca de secuencias genéticas del SARS-CoV-2 (Figura 1). Encontraron algunas en noviembre y diciembre de 2019:

Las aguas residuales humanas de Florianópolis (Santa Catarina, Brasil) se analizaron para el síndrome respiratorio agudo severo coronavirus-2 (SARS-CoV2) desde octubre de 2019 hasta marzo de 2020. Se clarificaron veinticinco ml de muestras de aguas residuales y se concentraron los virus [...]. El ARN del SARS-CoV-2 se detectó por RTqPCR utilizando oligonucleótidos dirigidos a N1, S y dos regiones RdRp. Los resultados de todas las muestras positivas se confirmaron mediante un sistema RT-qPCR diferente en un laboratorio independiente. Los amplicones S y RdRp se secuenciaron para confirmar la identidad con el SARS-CoV-2. La secuenciación del genoma se realizó utilizando dos estrategias [...] Conclusiones: Hemos confirmado la presencia de ARN del SARS-CoV-2 que implica fuertemente la presencia de circulación del SARS-CoV-2 en las Américas ya el 27 de noviembre, 56 días antes de los informes de casos de COVID-19 en el continente y más de 90 días en el caso de Brasil. Por lo tanto, nuestros hallazgos indican que el SARS-CoV-2 estuvo circulando inadvertido en la comunidad durante algunos meses antes de que se declarara el estado de pandemia.

11. El virus incluso fue capturado “mientras nadaban” en el Océano Atlántico por La Rosa et al.[2024](#)):

De hecho, lo particularmente novedoso de este estudio es el descubrimiento de ARN viral a distancias considerables de la costa.

Se recogieron cuarenta y tres muestras de 500 litros entre mayo de 2022 y enero de 2023 en el océano Atlántico, el mar Mediterráneo, la región ártica, el golfo Pérsico y el mar Rojo. Mediante métodos de detección molecular, como la RT-qPCR en tiempo real y la PCR anidada seguida de secuenciación, se detectó con éxito el ARN del SARS-CoV-2 en 7 de las 43 muestras de agua marina (16,3%), concretamente en muestras tomadas del océano Atlántico y el mar Mediterráneo. Las concentraciones estimadas de copias del genoma del SARS-CoV-2 en las muestras positivas oscilaron entre 6 y 470 por 100 litros.

¿Qué cantidad de virus (¿docenas de kilos?) tuvo que verterse continuamente en el océano para obtener las concentraciones observadas, tan lejos de la costa y suficientes para compensar su presunta degradación progresiva por el agua del mar? ¿De dónde provenían y desde cuándo? Esto no parece ser proporcional a la masa de virus presuntamente presente en la población infectada, estimada por Sender et al.[2021](#)).

Discusión

La teoría actualmente aceptada, incluso si se respaldan sus premisas erróneas, ha sido completamente refutada por los hallazgos descritos anteriormente. La presencia de secuencias virales “específicas” (atribuidas al virus SARS-CoV-2), anticuerpos IgG e IgM específicos e inmunidad celular específica en la era prepandémica, en todo el mundo, hace que la versión del escape ficticio de Wuhan sea inverosímil. A veces, se invoca una misteriosa excepción que confirma la regla; sin embargo, ese no es el caso aquí porque no estamos hablando de un solo “cuervo blanco” misterioso, sino de bandadas enteras de cuervos blancos dondequiera que alguien los haya buscado. Ni siquiera se puede invocar un escape anterior que se remonte a 2018 o años anteriores. Es cierto que los experimentos de laboratorio sobre la “ganancia de función” de los coronavirus comenzaron incluso antes de 2013-2014 (Oller[2021](#)) y la ingeniería de virus se remonta a la década de 1990 (por ejemplo, Leparç-Goffart et al.[1997](#)) pero la mayor parte de la investigación moderna se desarrolló después de 2014.

Por ejemplo, Daszak ([2014-2019](#)) obtuvo financiación mediante una serie de subvenciones a Eco-Health Alliance para recopilar y estudiar los virus de murciélagos considerados buenos candidatos a patógenos con potencial pandémico (PPP). Algunos de ellos llegaron a considerarse la fuente de la secuencia principal del SARS-CoV-2. Posteriormente, Yan et al. ([2020](#)) consideraron que el RaTG13 es un coronavirus notablemente similar al SARS-CoV-2. Supuestamente se encontró en mineros enfermos de Mojiang en 2013, y los mismos autores sospechan que fue inventado, y no descubierto en murciélagos, por el grupo de investigación de Shi Zheng-Li (Zhou et al.).[2020](#)). Cinco años antes, Ralph Baric y Shi Zheng-Li publicaron una carta en *Naturaleza*, véase Menachery et al. ([2015](#)), donde describieron la síntesis de un coronavirus recombinante SHC014 de longitud completa infeccioso, que consiste en fragmentos genéticos ensamblados digitalmente utilizando “secuencias publicadas”.

Alina Chan, bióloga molecular del Instituto Broad del MIT y Harvard, resumió su punto de vista en un artículo de revisión publicado por *El New York Times* ([2024](#)). Entre otros argumentos señaló que:

En 2021, *La intercepción* publicó una propuesta de subvención filtrada de 2018 para un proyecto de investigación llamado Defuse, redactado como una colaboración entre EcoHealth, el instituto de Wuhan y Ralph Baric, de la Universidad de Carolina del Norte, quien llevaba años a la vanguardia de la investigación sobre el coronavirus. La propuesta describía planes para crear virus sorprendentemente similares al SARS-CoV-2.

En otras palabras, la investigación sobre la “ganancia de función” del coronavirus comenzó años antes.⁴ Pero la mayoría de los autores aceptaron la idea de que el nuevo microorganismo se liberó en noviembre o diciembre de 2019. Esta suposición se convertiría en un elemento central de la narrativa general sobre la “pandemia” de COVID-19. Por lo tanto, discutir sobre la fecha en que se creó el virus deja sin respuesta la pregunta más profunda de cómo el SARS-CoV-2 pudo ser la causa. En su artículo fundamental, Zhou et al. (2020) afirmó:

La epidemia, que comenzó el 12 de diciembre de 2019, había causado 2.794 infecciones confirmadas por laboratorio, incluidas 80 muertes, hasta el 26 de enero de 2020.

Andersen (2020; citado por Oller & Santiago2021) establece:

Las estimaciones del momento del ancestro común más reciente del SARS-CoV-2 realizadas con datos de secuencias actuales apuntan a la aparición del virus a fines de noviembre de 2019 o principios de diciembre de 2019, compatible con los primeros casos confirmados retrospectivamente.

Fleming (2021) escribe:

En 2019, uno de esos patógenos se liberó intencionalmente al mundo en el mercado húmedo de Wuhan.

Alina Chan, citada también por Wenstrup y Runz (2024), autores principales del informe final del Subcomité de Estados Unidos sobre la pandemia de COVID, afirmaron:

En diciembre de 2019, los investigadores chinos asumieron que el brote se había originado en un mercado céntrico frecuentado por miles de visitantes a diario. Este sesgo en la búsqueda de casos tempranos significó que muy probablemente se habrían pasado por alto casos no relacionados con el mercado o ubicados lejos de él. Para empeorar las cosas, las autoridades chinas bloquearon la notificación de casos tempranos no relacionados con el mercado y, alegando precauciones de bioseguridad, ordenaron la destrucción de muestras de pacientes el 3 de enero de 2020, lo que hizo casi imposible obtener una visión completa de los primeros casos de COVID-19. La información sobre docenas de casos tempranos de noviembre y diciembre de 2019 sigue siendo inaccesible.

En vista de la evidencia presentada aquí, se podría suponer que hubo una propagación natural o una liberación del supuesto “virus letal” entre 2011 y 2019, lo que explicaría su aparente propagación durante el período previo a la “pandemia”. Sin embargo, esta posible explicación no se ajusta a los hechos. En particular, existe una ausencia total de la enfermedad “pandémica” con las características atribuidas a la COVID-19 durante el período de estudio. Además, los hallazgos en Rusia, incluso entre 2011 y 2013 (Gumanova et al.) (2022), hacen que la hipótesis del virus diseñado sea bastante improbable, porque la mayor parte de las investigaciones conocidas sobre la ganancia de función del “nuevo” patógeno llamado “SARS-CoV-2” aún no se han llevado a cabo.

En cualquier caso, los hallazgos descritos son incompatibles con un papel causal del SARS-CoV-2 en la pandemia de COVID-19. En confirmación de lo anterior, la mortalidad por todas las causas se mantuvo en la misma banda de fluctuación hasta febrero de 2020 (véanse, por ejemplo, los datos italianos presentados en la Figura 2).

De ahí se siguen muchas consecuencias:

⁴Citar la investigación sobre la “ganancia de función” solo pretende seguir la narrativa actual. No implica aceptar que dicha investigación haya conducido a logros reales (es decir, nuevas formas de vida). De hecho, la investigación sobre la “ganancia de función” que busca producir nuevas entidades depende de un software ensamblador especial de pequeños fragmentos de ARN, como se detalla, por ejemplo, en Islam et al. (2021). Son estos procedimientos informáticos los que han llevado al registro de más de 21,2 millones de “aislamientos” diferentes de la misma diminuta entidad viral supuestamente infecciosa de la COVID-19, conocida como SARS-CoV-2 (GISAID, julio de 2013). (2025).

- 1) La pandemia mundial debe explicarse de alguna manera contraria a la narrativa general, al igual que las estadísticas relacionadas. Por ejemplo, el repentino aumento de la mortalidad por todas las causas en Bérgamo (Italia) en marzo de 2020 no pudo estar relacionado con la propagación de una nueva infección viral, ya que la mortalidad se disparó en un período demasiado breve. Deben considerarse las sospechas de manipulación de las estadísticas y otros factores, como los enfoques clínicos irracionales y los efectos tóxicos de los antivirales, especialmente los impuestos a las personas mayores (Hockett y Engler). [2024](#)).
- 2) En este contexto, es necesario determinar el papel y la importancia de las pruebas PCR, de anticuerpos y antigénicas. Un enfoque realista y correcto permitiría resolver la problemática observación de que los anticuerpos no ofrecían protección contra la infección por SARS-CoV-2 ni contra la COVID-19. Además, se plantea el misterio de las «altas cargas virales» en individuos asintomáticos (p. ej., Lavezzo et al.). [2020](#)) también tendría una explicación satisfactoria.
- 3) La hipótesis de la reactividad cruzada ha sido invocada por algunos de los autores de los estudios citados, pero es un arma de doble filo: se puede argumentar que la reactividad cruzada de las pruebas realizadas y las reacciones inmunitarias a las variantes del coronavirus son indistinguibles. Desde otra perspectiva: iniciamos este trabajo afirmando que consideraríamos las pruebas específicas plenamente fiables. La hipótesis de la reactividad cruzada implica que no es así. Al no aceptar esta premisa, se debe concluir que las pruebas carecen del significado que se les atribuye, por lo que la hipótesis de la reactividad cruzada no puede respaldar la narrativa dominante, cuya falsedad he demostrado.
- 4) Una implicación de mis hallazgos es que los productos “vacuna” dirigidos contra el COVID-19 y más específicamente el virus SARS-CoV-2, no podrían tener ningún significado o utilidad, ni siquiera teóricamente, porque esos productos estaban dirigidos contra un agente que no podría ser la causa de la enfermedad que se suponía que debían prevenir.
- 5) Se debe reexaminar el origen y la calidad de las pruebas. Cabe recordar que la referencia *patrón oro* Las pruebas, en particular la PCR, se prepararon en pocos días en un laboratorio donde no se disponía del supuesto agente causal. Según admiten los propios autores, Corman et al. ([2020](#)), no tenían forma de validar ninguna afirmación sobre el virus en sí. Escribieron:

Informamos aquí sobre el establecimiento y la validación de un flujo de trabajo de diagnóstico para la detección y confirmación específica del 2019-nCoV, diseñado en ausencia de aislamientos de virus disponibles o muestras originales de pacientes.

Bergamo Province Daily Deaths and Trend, 1 Jan 2011 - 31 May 2022

ISTAT

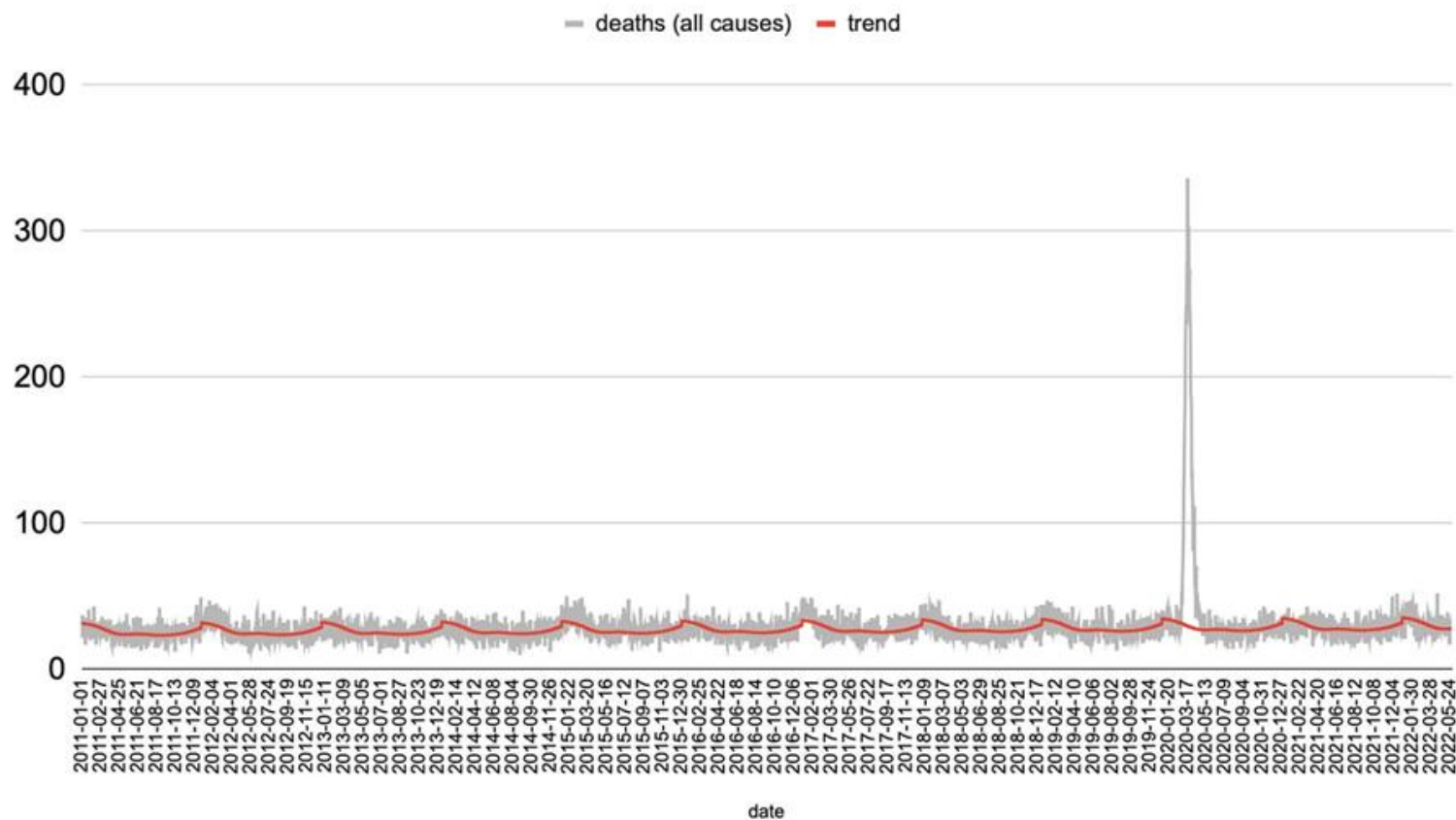


Figura 2. Muertes diarias en la provincia de Bérgamo, según el ISTAT. Bérgamo ha sido la provincia con la tasa de mortalidad por COVID-19 más alta de Italia. Según Hockett, J., y Engler, J. (2024, 22 de septiembre). *Sí, creemos que la curva de muerte por cualquier causa de Bérgamo (Italia) es fraudulenta*. <https://www.woodhouse76.com/p/si-creemos-en-bergamo-italy>.

6) Tal afirmación es contradictoria. La validación en tal contexto no puede tener lugar. La secuencia del virus se modeló inicialmente en una computadora con la ayuda de un software especial de ensamblaje de secuencias (Wu et al.).[2020](#)) y fue rápidamente aceptado a nivel mundial sin discusión crítica. El trabajo científico que inauguró la prueba, basado en un mero segmento de la secuencia completa del virus (Corman et al.).[2020](#)) — fue sometido a una de las revisiones por pares más rápidas de la historia de la medicina. Solo requirió unas pocas horas (“Artículo enviado el 21 de enero de 2020 / aceptado el 22 de enero de 2020 / publicado el 23 de enero de 2020”). Es legítimo dudar de que la revisión por pares hubiera sido lo suficientemente rigurosa. Posteriormente, la revista se negó a publicar o comentar una crítica demoledora escrita por Borger et al.).[2020](#)). Para demostrar que las perplejidades eran —y siguen siendo— legítimas, debe recordarse que inicialmente para esta prueba había descripciones de *positivo* o *negativo* de los resultados (Abbott[2020](#); Abbott[2025](#); Anónimo [2020](#)) en lugar de *sensibilidad* y *especificidad*. De hecho, la especificidad y la sensibilidad deben calcularse en relación con la presencia o ausencia del propio virus (este cambio de términos corresponde a la admisión de que los autores tuvieron que recurrir a una validación falsa, ya que el verdadero estándar de oro no estaba a disposición de los investigadores). Posteriormente, se produjo una transición silenciosa hacia el uso de los términos especificidad y sensibilidad, sin ninguna justificación científica o racional.

7) El punto anterior, el número 5, también surge de la necesidad de revisar conceptos fundamentales para la evaluación de las pruebas de PCR, es decir, el cálculo de falsos positivos y negativos (Woloshin et al.).[2020](#)), según la prevalencia de la infección en la población (Wilson[2020](#)). En este caso particular, es difícil realizar dicho cálculo porque las pruebas que se utilizan para detectar el virus, o la COVID-19, están absurdamente validadas por pruebas de referencia no validadas. Son como un perro que se persigue la cola, en un círculo vicioso (Anónimo).[2020](#), Kämmerer y otros.[2023](#)). Además, en el trabajo inicial de Zhou et al. ([2020](#)), los autores señalaron específicamente que utilizaron 40 ciclos de PCR para amplificar el ARN, obteniendo resultados positivos con hasta 40 ciclos de amplificación, lo que más tarde sería considerado por la OMS ([2020b](#)) para que sean indistinguibles del ruido de fondo. Cabe destacar que Kari Mullis, el inventor de las pruebas de PCR, utilizó un máximo de 20 ciclos de amplificación en su patente (Mullis et al.).[1987](#)).

Conclusión

La presencia generalizada del SARS-CoV-2, según las pruebas realizadas para su identificación, en períodos anteriores a 2020 y que se remontan a 2011, y geográficamente lejos de Wuhan, es incompatible con la teoría oficialmente aceptada por las autoridades sanitarias y las principales comunidades científicas a nivel mundial. Por lo tanto, dicha teoría debe considerarse refutada. Esta refutación tiene consecuencias directas, por ejemplo, al mostrar claramente la futilidad e irracionalidad de la supuesta vacuna, que nunca, ni siquiera en teoría, tuvo posibilidad alguna de ser efectiva. Esta refutación implica la necesidad de cuestionar todos los aspectos de la narrativa aceptada sobre la «pandemia», es decir, todas las premisas en las que se han basado las afirmaciones controvertidas.

Dados todos los argumentos que se oponen a la teoría viral de la pandemia de COVID-19 y que excluyen la posibilidad de que el SARS-CoV-2 sea su causa, deben considerarse otras razones para su aparición. Considerando la amplitud anormal de los criterios diagnósticos y la imprecisión de los resultados de las pruebas, que determinaron que prácticamente cualquier condición de salud o causa de muerte era COVID-19, deben considerarse muchos factores causales, además del SARS-CoV-2 generado por computadora. Estos factores pueden identificarse en: a) cualquier patología ya conocida.

que recibió el nuevo nombre de "COVID-19", incluida la neumonía intersticial bacteriana que a menudo no se trataba debido a la presunción de que se trataba de una infección viral, b) factores tóxicos, c) enfermedades iatrogénicas debido a los enfoques clínicos irracionales de los médicos de familia según lo sugerido por los nuevos protocolos de COVID-19, o d) por los enfoques igualmente irracionales para tratar a los pacientes ingresados en el hospital y que incluyeron el uso de medicamentos "antivirales" peligrosos (p. ej., remdesivir), así como e) el terror inicial inducido por un pronóstico ominoso, y f) otros factores inductores de estrés. La epidemiología de COVID-19 se ha construido de esta manera sesgada y las estadísticas de COVID-19 se han inflado por los dos componentes mencionados: patologías normalmente presentes en la población que recibieron el nuevo nombre, COVID-19, y patologías reales que fueron mal tratadas o que fueron inducidas por tratamientos médicos dirigidos a una causa ficticia.

Por último, pero no menos importante, creo que el método de aislamiento viral debería revisarse por completo, y la investigación sobre la "ganancia de función" con respecto al supuesto agente infeccioso de la COVID-19, concretamente el SARS-CoV-2, debería reexaminarse por lo que considero una construcción digital, un artefacto, que tiene poco que ver con el mundo real. No es ciencia, sino ciencia ficción.

Conflictos de intereses

El autor declara no tener ningún conflicto de intereses. No recibió financiación externa para este trabajo y ningún interés externo influyó en las conclusiones alcanzadas.

Expresiones de gratitud

El autor agradece a los revisores de este artículo, quienes ayudaron a corregir errores menores y a mejorar la claridad de la redacción. El Editor en Jefe le ha informado que los siguientes editores aprobaron la publicación de este artículo: John W. Oller, Jr., Christopher A. Shaw, Stephanie Seneff, Daniel Santiago, Daniel S. Broudy y Christopher Plothe. Cualquier error restante es responsabilidad suya. Este artículo fue posible e inspirado por las destacadas contribuciones científicas de Eleni Papadopoulos-Eleopoulos, Valendar Turner y Peter Duesberg.

Referencias

- Abbott. (2020). *Abbott Real Time SARS-CoV-2. Solo para uso con autorización de uso de emergencia (EUA)*. Instrucciones para Uso. REF 09N77-095. Abril de 2020. https://www.molecular.abbott/content/dam/add/molecular/products/infectious-disease/realtime-sars-cov-2-assay/Hoja_informativa_para_proveedores_de_atención_médica_Abbott_RealTime_SARS-CoV-2.pdf
- Abbott. (2025). *Inmunoensayos de SARS-cov-2: avances en el diagnóstico de la COVID-19* <https://www.corelaboratory.abbott/us/en/offerings/segments/infectious-disease/sars-cov-2> (Descargado el 27 de mayo de 2025)
- Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WL, Holmes EC, Garry RF. (2020). El origen proximal del SARS-CoV-2. *Medicina natural* 26(4):450-452. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9>
- Anónimo. (2020). La FDA toma medidas enérgicas contra las pruebas de anticuerpos de la COVID-19. *Awesomcapital* <https://web.archive.org/web/20221207011821/https://awesomcapital.wordpress.com/2020/05/07/la-fda-restringe-las-pruebas-de-anticuerpos-de-la-covid-19/>
- Apolone G, Montomoli E, Manenti A, Boeri M, Federica F, Hyseni I, Livia Mazzini L, Martinuzzi D, Cantone L, Milanese G, Sestini S, Suatoni P, Marchianò A, Bollati V, Sozzi G & Pastorino U (2021) Detección inesperada de anticuerpos contra el SARS-CoV-2 en el período pre-pandémico en Italia. *Tumores*. Octubre; 107(5):446-451. <https://doi.org/10.1177/0300891620974755>
- Bandirali M, Sconfienza LM, Serra R, Brembilla R, Albano D, Pregliasco FE, Messina C. Hallazgos de la radiografía de tórax en Pacientes asintomáticos y mínimamente sintomáticos en cuarentena en Codogno, Italia, durante la pandemia de COVID-19. *Radiología*. 2020; 295(3):E7. <https://pubs.rsna.org/doi/epdf/10.1148/radiol.2020201102>

- Basavaraju SV, et al. (2021) Pruebas serológicas de donaciones de sangre estadounidenses para identificar el síndrome respiratorio agudo severo. Anticuerpos reactivos al coronavirus 2 (SARS-CoV-2): diciembre de 2019-enero de 2020. *Enfermedades infecciosas clínicas*. 72(12):E1004-E1009. <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1785>
- Borger P, et al. (2020). *Informe de revisión de Corman-Drosten, preparado por el Consorcio Internacional de Científicos en Ciencias de la Vida (ICSLS)*. https://www.academia.edu/68591924/Corman_Drosten_Informe_de_Revisión_Realizado_por_un_Consorcio_Internacional_de_Científicos_en_Ciencias_de_la_Vida_Icsls; también <https://doi.org/10.31219/osf.io/9mjy7>
- Braun, J., Loyal, L., Frentsch, M. et al. (2020). Células T reactivas al SARS-CoV-2 en donantes sanos y pacientes con COVID-19. *Naturaleza* 587, 270-274. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2598-9>
- Carrat F, Figoni J, Henny J, Desenclos JC, Kab S, de Lamballerie X, Zins M. (2021) Evidencia de circulación temprana de SARS-CoV-2 en Francia: hallazgos de la cohorte poblacional "CONSTANCES". *Revista Europea de Epidemiología*. 36(2):219-222. <https://doi.org/10.1007/s10654-020-00716-2>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (1981). Sarcoma de Kaposi y neumonía por Pneumocystis entre hombres homosexuales — Ciudad de Nueva York y California. *Informe semanal de morbilidad y mortalidad*, 1981;30:305-8. <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/00001114.htm>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2023) Sistema Nacional de Vigilancia de Enfermedades de Notificación Obligatoria (NNDSS). *Definición de caso de enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) 2023*. <https://ndc.services.cdc.gov/casedefinitions/enfermedad-del-coronavirus-2019-2023/>
- Chan A (2024) Por qué la pandemia probablemente comenzó en un laboratorio, en 5 puntos clave, *El New York Times*. <https://www.nytimes.com/interactive/2024/06/03/opinion/covid-lab-leak.html>
- Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DKW et al. (2020). Detección de novela de 2019. coronavirus (2019-nCoV) mediante RT-PCR en tiempo real. *Euro Vigilancia* 25(3):2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>
- Daszak, P. (2014-2019). *Comprender el riesgo de aparición del coronavirus en murciélagos*. <https://grantome.com/grant/NIH/R01-AI110964-06>
- Donat-Cattin R. (2020). Murió ahogado, pero se le contó entre los fallecidos por COVID. *Muro annegado ma rientra nei morti por COVID*. <https://comedonchisciotte.org/muerte-annegato-ma-rientra-nei-morti-per-covid/>
- Fleming RM (2021). *¿Es la COVID-19 un arma biológica? Una investigación científica y forense* (1ª edición). Skyhorse. <https://www.barnesandnoble.com/w/es-el-covid-19-un-arma-biológica-richard-m-fleming/1139680021>
- Fongaro G, Stoco PH, Souza DSM, Grisard EC, Magri ME, Rogovski P, Schörner MA, et al. (2021). la presencia de ARN del SARS-CoV-2 en aguas residuales humanas en Santa Catarina, Brasil, noviembre de 2019. *Ciencia del Medio Ambiente Total*. 778 146198. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146198>
- Franchi F, Tomsic J. (2023) Comentarios sobre Kämmerer, et al. con respecto a las pruebas RT-PCR. *Revista Internacional de Vacunas Teoría, práctica e investigación* 3(1), 10 de junio de 2023. <https://doi.org/10.56098/ijvtp.v3i1.81>
- Gallagher J (2020). *¿Son defectuosas las pruebas del coronavirus?* BBC. 13 de febrero de 2020. <https://www.bbc.com/news/health-51491763> GISAID (2025). Intercambio de datos sobre hCoV-19. <https://gisaid.org/>
- Gostin LO, Gronvall GK (2023). Los orígenes de la COVID-19: su importancia (y su inexistencia). *Diario de Nueva Inglaterra de Medicina*. 22 de junio; 388(25):2305-2308. <https://doi.org/10.1056/NEJMp2305081>
- Grifoni A, Weiskopf D, Ramírez SI, Mateus J, Dan JM, Moderbacher CR, et al. (2020). Objetivos de las respuestas de las células T a Coronavirus SARS-CoV-2 en humanos con enfermedad COVID-19 e individuos no expuestos. *Celda* 181, 1489-1501.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.05.015>
- Gumanova NG, Gorshkov AU, Bogdanova NL, Korolev AI, Drapkina OM (2022). Detección de Anti-SARS-CoV-2-S1 Anticuerpos específicos de RBD antes y durante la pandemia en 2011-2021 y estudio observacional de COVID-19 en 2019-2021. *Vacunas (Basilea)* 10(4):581. PMID: 35455330; PMCID: PMC9032149. <https://doi.org/10.3390/vacunas10040581>
- Hockett J, Engler J. (2024). *Si, creemos que la curva de muerte por cualquier causa de Bérgamo (Italia) es fraudulenta*. 24 de noviembre de 2024. <https://www.woodhouse76.com/p/si-creemos-en-bergamo-italia>
- Ioannidis JPA (2005). Por qué la mayoría de los hallazgos de investigación publicados son falsos. *PLoS Med*, 3(8), e124. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0020124>
- Ioannidis JPA (2020). Enfermedad por coronavirus 2019: Los daños de la información exagerada y sin base empírica. medidas. *Revista Europea de Investigación Clínica* 50:E13222.1-5. <https://doi.org/10.1111/eci.13222>
- Ioannidis JPA, Contopoulos-Ioannidis DG. (2023). Inmunidad humoral de reacción cruzada prepandémica al SARS-CoV-2 en África: revisión sistemática y metaanálisis. *Revista Internacional de Enfermedades Infecciosas* 134:160-167. Publicación electrónica 15 de junio de 2023. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2023.06.009>

- Islam R, Raju RS, Tasnim N, Shihab IH, Bhuiyan MA, Araf Y, Islam T. (2021). La elección de los ensambladores tiene un papel crítico. Impacto en el ensamblaje de novo del genoma del SARS-CoV-2 y caracterización de variantes. *Sesiones informativas en Bioinformática* 2(5):bbab102. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab102>
- Kämmerer U, Pekova S, Klement KJ, Louwen R., Borger P, Steger K. (2023). Prueba de RT-PCR dirigida al extremo 5'-La UTRof SARS-CoV-2 supera las deficiencias de la primera prueba RT-PCR recomendada por la OMS. *Revista internacional de teoría, práctica e investigación sobre vacunas* 3(1) 818. <https://doi.org/10.56098/ijvtr.v3i1.71>
- Lai A, Tambuzzi S, Bergna A, Battistini A, Della Ventura C, Galli M, Zoja R, Zehender G, Cattaneo C. (2022). Evidencia de anticuerpos y ARN del SARS-CoV-2 en casos de autopsia en el período prepandémico en Milán (Italia). *Fronteras en Microbiología* 15 de junio de 2022;13:886317. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.886317>
- La Rosa G, Mancini P, Bonanno Ferraro G, Veneri C, Iaconelli M, Bonadonna L, Lucentini L, Suffredini E. (2021). El SARS-CoV-2 circula en el norte de Italia desde diciembre de 2019: evidencia del monitoreo ambiental. *La ciencia del medio ambiente total* 750:141711. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.141711>
- La Rosa G, Mancini P, Iaconelli M, Veneri C, Bonanno Ferraro G, Del Giudice C, Suffredini E; equipo de Sea Care; Muratore A, Ferrara F, Lucentini L, Martuzzi M, Piccioli A. (2024) Rastreado las huellas del SARS-CoV-2 en las aguas oceánicas. *La ciencia del medio ambiente total*. 906:167343. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.167343>
- Latypova, A. Sasha. (2022). El papel del Departamento de Defensa de EE. UU. (y sus coinversores) en las contramedidas contra la COVID-19. empresa [Boletín informativo de Substack]. *Debida diligencia y arte*. <https://sashalatyova.substack.com/p/el-papel-del-departamento-de-defensa-de-ee-uu-y-sus>
- Lavezzo E, et al. (2020). Supresión de un brote de SARS-CoV-2 en el municipio italiano de Vo'. *Natureza* 584(7821):425-429. Publicación electrónica, 30 de junio de 2020. Fe de erratas en: *Natureza*. 2021Febrero; 590(7844):E11. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2956-7>
- Le Bert N, Tan AT, Kunasegaran K, Tham CYL, Hafezi M, Chia A, Chng MHY, Lin M, Tan N, Linster M, Chia WN, Chen MI, Wang LF, Ooi EE, Kalimuddin S, Tambyah PA, Low JG, Tan YJ, Bertoletti A. (2020). Inmunidad de células T específica del SARS-CoV-2 en casos de COVID-19 y SARS y controles no infectados. *Natureza Agosto* 584(7821):457-462. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2550-z>
- Leparc-Goffart I, Hingley ST, Chua MM, Jiang X, Lavi E, Weiss SR. (1997). Patogénesis alterada de un mutante del El coronavirus murino MHV-A59 se asocia con una sustitución del aminoácido Q159L en la proteína de la espícula. *Virología*. 239(1):1-10. doi: 10.1006/viro.1997.8877. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0042682297988772>
- Lundberg GD. (2018). Resultados "científicos" irreproducibles. *Medscape*, 6 de marzo de 2018. <https://www.medscape.com/viewarticle/893097>
- Maddox J. (1988). Encontrando madera entre los árboles. *Natureza* 335:11. <https://doi.org/10.1038/333011a0>
- Mahallawi W, Ibrahim N. (2022). Detección inesperada de anticuerpos anti-SARS-CoV-2 antes de la declaración de la Pandemia de COVID-19. *Fronteras en Medicina (Lausana)*. 9:923715. PMID: 35899210; PMCID: PMC9309723. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.923715>
- Manning J, Zaidi I, Lon C, Rosas LA, Park JK, Ponce A, Bohl J, et al. (2022). Reactividad cruzada del SARS-CoV-2 en Suero prepandémico de personas infectadas con malaria en zonas rurales de Camboya. *Enfermedades infecciosas emergentes* 28 (2):440-444. <https://doi.org/10.3201/eid2802.211725>
- Massey C. (2021). 225 instituciones de salud y ciencia en todo el mundo no han citado ni un solo registro de purificación del "SARS-COV-2" por parte de nadie. En cualquier lugar, siempre. 6 de junio de 2021 (última actualización 28 de septiembre de 2024). <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-instituciones-de-ciencias-de-la-salud-a-nivel-mundial-no-han-citado-ni-un-registro-de-purificación-del-SARS-COV-2-por-cualquier-persona-en-cualquier-lugar-en-la-historia/>
- Menachery VD, Yount BL Jr, Debbink K, Agnihotram S, Gralinski LE, Plante JA, Graham RL, et al. (2015) Un SARS- Un grupo de coronavirus circulantes de murciélagos muestra potencial de emergencia en humanos. *Medicina natural* 21, 1508-1513. <https://doi.org/10.1038/nm.3985>
- Mullis et al. (1987). Proceso para amplificar, detectar y/o clonar secuencias de ácidos nucleicos. *Patente de Estados Unidos. patente número 4.683.195*. <https://patentimages.storage.googleapis.com/ec/14/bf/0a414f77b2d203/US4683195.pdf>
- Oller JW (2021). Patógenos armados y la pandemia del SARS-CoV-2. *Revista internacional de teoría, práctica y vacunas Investigación*, 1(2), 172-208. <https://doi.org/10.56098/ijvtr.v1i2.16>
- Popper K (1934/1959). La lógica del descubrimiento científico. Julian Springer/Routledge. <https://openlibrary.org/books/OL7489739M/>
- Reuters Health News. (2020). Miles de suecos obtuvieron un falso positivo en el resultado de COVID-19 debido a un fallo en el kit de prueba (agosto 25, 2020). <https://www.reuters.com/article/us-health-coronavirus-sweden-testing-idUSKBN25L1XF>
- Rubínová E y Price HL. (2024). Efectos de primacía (y actualidad) en el reconocimiento tardío de elementos de instancias de eventos repetidos *Memoria*, 32(5), 627-645. <https://doi.org/10.1080/09658211.2024.2354764>
- Segalla G (2024). Actividad adyuvante y riesgos toxicológicos de las nanopartículas lipídicas contenidas en el ARNm de la COVID-19. vacunas. *Revista internacional de teoría, práctica e investigación sobre vacunas* 3(2):1085-1102. <https://doi.org/10.56098/z1yjdjm29>

- Serpieri R y Franchi F (2024). Resiliencia de las cadenas de ADN a la fractura molecular tras ciclos de calentamiento por PCR e implicaciones sobre la fiabilidad de la PCR, *Reseñas trimestrales de biofísica*, 57, pág. e8. <https://doi.org/10.1017/S0033583524000064>
- Sender R, Bar-On YM, Gleizer S, Bernshtein B, Flamholz A, Phillips R, Milo R. (2021). El número total y la masa de Viriones del SARS-CoV-2. *Actas de la Academia Nacional de Ciencias. EE. UU.*, 22 de junio de 2021;118(25):e2024815118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2024815118>
- Watson J, Whiting PF, Brush JE (2020). Interpretación de un resultado de prueba de COVID-19. *Revista Médica Británica* 369:M1808. <https://doi.org/10.1136/bmj.m1808>
- Wenstrup BR, Runz R (2024). Informe final. Cámara de Representantes de Estados Unidos. *Las lecciones aprendidas y el camino a seguir. Seleccionar Subcomité sobre la Pandemia del Coronavirus*. <https://oversight.house.gov/release/final-report-covid-select-concluye-dos-años-de-investigación-problemas-500-páginas-informe-final-sobre-lecciones-aprendidas-y-el-camino-a-seguir/>
- OMS (2020a). Definición de caso de COVID-19. Actualizada en Vigilancia de salud pública para COVID-19. https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1 (Ahora bien, no es posible recuperarla del sitio web, porque el enlace lleva a la definición actualizada del 22 de julio de 2022, modificada respecto a la de 2020. La de 2020 se puede encontrar aquí: <https://web.archive.org/web/20201010191309/https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1296485/retrieve>)
- OMS (2020b) Alerta de producto médico. Aviso informativo para usuarios de diagnóstico in vitro. *Tecnologías de pruebas de ácido nucleico (NAT) que utilizan muestras reales Reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR) para la detección del SARS-CoV-2*. (14 de diciembre de 2020). <https://web.archive.org/web/20201214195523/https://www.who.int/news/item/14-12-2020-who-information-notice-for-ivd-users>
- Wilson FP (2020). El «pasaporte de inmunidad» contra la COVID-19 no es más fiable que el lanzamiento de una moneda. <https://www.medscape.com/viewarticle/931097>
- Woloshin S, Patel N y Kesselheim AS (2020). Pruebas de falsos negativos para la infección por SARS-CoV-2: desafíos y trascendencia. *Revista de Medicina de Nueva Inglaterra*, 383e38. <https://doi.org/10.1056/NEJMp2015897>
- Wu F, Zhao S, Yu B, Chen YM, Wang W, Song ZG, Hu Y, Tao ZW, Tian JH, Pei YY, Yuan ML, Zhang YL, Dai FH, Liu Y, Wang QM, Zheng JJ, Xu L, Holmes EC, Zhang YZ. (2020). Un nuevo coronavirus asociado con enfermedad respiratoria humana en China. *Naturaleza* 579, 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>
- Yan LM, Kang S, Guan J, Hu, S (2020). El SARS-CoV-2 es un arma biológica sin restricciones: una verdad revelada al descubrir un arma a gran escala, fraude científico organizado. <https://www.winterwatch.net/2020/10/el-sars-cov-2-es-un-arma-biológica-sin-restricciones-una-verdad-revelada-al-descubrir-un-fraude-científico-organizado-a-gran-escala/>
- Zhou P, et al. (2020). Un brote de neumonía asociado con un nuevo coronavirus de probable origen en murciélagos. *Naturaleza* 579, 270-273 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>

Aviso legal

La información en el sitio web y en el **IJVTPR** No pretende ser un diagnóstico, tratamiento recomendado, prevención ni cura para ninguna afección humana ni procedimiento médico al que se pueda hacer referencia de ninguna manera. Los usuarios y lectores que sean padres, tutores, cuidadores, médicos o familiares de personas afectadas por alguna de las afecciones, procedimientos o protocolos mórbidos a los que se pueda hacer referencia deben usar su propio criterio con respecto a las aplicaciones específicas. Los autores, editores y personas asociadas con el sitio web o la revista que contribuyan de cualquier manera no se responsabilizan ante ninguna persona o entidad por ningún daño, pérdida financiera, lesión física u otra sanción que pueda derivarse del uso o la aplicación, en cualquier contexto, de la información, conclusiones, hallazgos de investigación, opiniones, errores o cualquier declaración que se encuentre en el sitio web o en la revista. **IJVTPREI** material presentado se ofrece gratuitamente a todos los usuarios interesados en examinarlo, pero la forma en que decidan aplicar cualquier parte del mismo es responsabilidad exclusiva del espectador/usuario. Si se cita o reproduce el material, se solicita a los usuarios que den crédito a la fuente/autor y que cumplan con los requisitos de no uso comercial ni de obras derivadas de la **Licencia Creative Commons 4.0 NC ND** o a cualquier otra licencia que prevalezca sobre ella.