

## ¿El SARS-CoV-2 en realidad existe?

Análisis escrito por [Dr. Joseph Mercola](#)

✓ Datos comprobados

### HISTORIA EN BREVE

- › El SARS-CoV-2 fue aislado, fotografiado, secuenciado de forma genética y existe como entidad patógena
- › Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos cultivan el virus en cultivos celulares para garantizar la disponibilidad general de los investigadores que desean estudiarlo
- › Una parte de la confusión parece relacionarse en cómo se define el término "aislado". Algunas personas insisten en que un virus no se aísla a menos que también se purifique, mientras que otras dicen que no es necesario purificar un virus para "aislarlo"

Aunque algunas personas todavía afirman que el SARS-CoV-2 no existe, esto parece ir en contra de varios hechos bien establecidos. El virus se ha fotomicroografiado,<sup>1,2</sup> las secuencias del genoma completo de las diversas cepas están disponibles<sup>3,4</sup> y, con las credenciales apropiadas, cualquier persona puede obtener el virus vivo para realizar investigaciones.

Aunque no soy fan de los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos, esta entidad cultiva el virus en cultivos celulares para garantizar la disponibilidad general de los investigadores que desean estudiarlo.<sup>5</sup> Algunos ejemplos de investigación donde se necesita el virus real, incluyen la investigación antiviral, el desarrollo de vacunas, la investigación de estabilidad del virus y la investigación de patogénesis.<sup>6</sup>

## ¿Cuál es la confusión?

Una parte de la confusión parece relacionarse en cómo se define el término "aislado". Algunas personas insisten en que un virus no se aísla a menos que también se purifique, mientras que otras dicen que no es necesario purificar un virus para "aislarlo".

Steve Kirsch afirma que les preguntó a varios expertos sobre esto y señaló que todos, incluyendo el Dr. Robert Malone y el Dr. Li-Meng Yan, dicen que el virus en realidad se "aisló". "Entonces, se 'aisló' según su creencia en lo que significa el término", escribe Kirsch, y agrega lo siguiente:<sup>7</sup>

*"Otras personas interpretan el término de manera diferente y afirmarían que el virus no se aisló. De hecho, de acuerdo con su definición, nunca se ha aislado ningún virus en la historia. Eso es importante saberlo. Usan eso como justificación para su creencia de que no hay virus aquí, ya que los virus no existen".*

Cuando Kirsch pidió información a sus lectores, uno señaló:<sup>8</sup>

*"La verdadera pregunta es: ¿Se aisló de un HUMANO sin pasarlo a las (digamos) células renales de mono? Porque existe mucha evidencia que dice que no se aisló de forma directa (sin intermediarios) de un HUMANO".*

De acuerdo con Kirsch, los científicos con los que habló no estaban de acuerdo en que esto fuera una preocupación, mientras que "Sabine Hazan verificó que la secuencia del virus que se obtuvo de la *American Type Culture Collection* [ATCC, un centro de recursos global para microorganismos de referencia] coincidía justo con lo que encontró en personas que tenían el virus".<sup>9</sup>

Como se indica en el artículo de Hazan, titulado: "Detection of SARS-CoV-2 From Patient Fecal Samples by Whole Genome Sequencing":<sup>10</sup>

*"Los participantes del estudio se sometieron a pruebas de SARS-CoV-2 a partir de muestras fecales de secuenciación de nueva generación [NGS, por sus*

*siglas en inglés] de enriquecimiento del genoma completo (n=14) y análisis de hisopo nasofaríngeo RT-PCR (n=12).*

*La concordancia de la detección de SARS-CoV-2 por la NGS de enriquecimiento de heces con análisis nasofaríngeo RT-PCR fue del 100 %. Se identificaron variantes únicas en cuatro pacientes, con un total de 33 mutaciones diferentes entre las que se detectó el SARS-CoV-2 a través de la NGS de enriquecimiento del genoma completo”.*

## **La importancia de la teoría de los gérmenes y de la teoría negacionista de los gérmenes**

Como señaló el periodista independiente y analista político, Jeremy Hammond, en una entrevista de marzo de 2021,<sup>11</sup> la idea de que el SARS-CoV-2 nunca ha sido aislado y que no existe, es quizás uno de los argumentos más contraproducentes del movimiento por la libertad y la salud.

Al insistir en que no existe ningún virus y que el COVID-19 es la consecuencia de la radiación 5G, se permite que los principales medios de comunicación descarten preocupaciones reales sobre la exposición a los campos electromagnéticos (EMF) y 5G, incluyendo la posibilidad de que pueda hacer a algunas personas más vulnerables a las infecciones.

Al igual que Hammond, creo que la patogénesis del COVID-19 implica tanto la teoría de los gérmenes como la teoría negacionista de los gérmenes. “La infección por SARS-CoV-2 es un factor insuficiente pero necesario en la patogénesis de COVID-19”, dice Hammond, y agrega que “científicos de todo el mundo aíslan de forma constante el virus y secuencian el genoma completo”.<sup>12</sup>

**“ La pandemia del COVID-19 debería ser una llamada de atención para la población y en especial para las poblaciones de los países desarrollados sobre la**

**necesidad de centrarse en los medios naturales para mantener una buena salud y vivir en armonía con nuestro entorno natural. ~Jeremy Hammond”**

Dicho esto, los factores ambientales pueden desempeñar una función muy importante, ya que pueden hacer que esté un poco predispuesto a una infección grave cuando se encuentre con este virus. Esto incluye a los campos electromagnéticos, toxinas como el glifosato, problemas por vacunas anteriores y mucho más.

Hammond argumenta que “la pandemia del COVID-19 debería ser un llamado de atención para la población y en especial para las poblaciones de los países desarrollados sobre la necesidad de centrarse en los medios naturales para mantener una buena salud y vivir en armonía con nuestro entorno natural”.

Y como señala Hammond, el desafío patógeno es necesario para gozar de una buena salud y tener un sistema inmunológico fuerte. Cuando nos protegemos demasiado de los patógenos cotidianos, nos hacemos vulnerables a las enfermedades crónicas.

## **Secuenciación del genoma del SARS-CoV-2 de Italia**

En cuanto a si el SARS-CoV-2 se aisló y existe como entidad viral, la respuesta parece ser sí. Por ejemplo, un documento italiano<sup>13</sup> publicado en el *Journal of Virology* con fecha del 18 de mayo de 2020, explicó el aislamiento y el genoma completo del virus que se tomó de pacientes con COVID-19 en Italia:

*“A principios de marzo de 2020, comenzaron a detectarse los primeros hisopos nasofaríngeos positivos para el SARS-CoV-2 en la región nororiental de Friuli-Venezia Giulia. El contenido del hisopo se diseminó en las células Vero E6 y, a través de un protocolo de RT-PCR que utilizó cebadores para la región N, se monitoreó para detectar el efecto citopático.*

*Se cultivaron sobrenadantes de cultivos celulares del fragmento 1 (P1) de cuatro aislados, se extrajo el ARN con el minikit de ARN viral QIAamp (Qiagen) y*

*se cuantificó con un estándar de ARN transcrito in vitro. Se evaluó la cantidad y calidad del ARN. Para cada muestra, se procesaron 100 ng de ARN total al utilizar el kit de biblioteca de agotamiento ribosomal Zymo-Seq RiboFree (Zymo Research).*

*Todas las bibliotecas pasaron el control de calidad y se cuantificaron antes de agruparse en la concentración equimolar y secuenciarse. Las lecturas secuenciadas que pasaron el control de calidad (Phred puntuación  $\geq 30$ ) eliminaron el adaptador y la calidad, y las lecturas restantes se ensamblaron nuevamente al utilizar Megahit (v.1.2.9) con la configuración de parámetros predeterminada.*

*En todos los casos, Megahit generó 7 contigs con más de 1 000 pb y 100× de cobertura; todos estos contigs ensamblados se compararon (con BLASTn) con las bases de datos completas de nucleótidos y proteínas no redundantes (nr).*

*En todos los casos, los contigs más largos y cubiertos se identificaron como MT019532.1,<sup>14</sup> 'Síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 aislado BetaCoV/Wuhan/IPBCAMS-WH-04/2019, genoma completo', con 99 % de identidad y 0 deficiencias.*

*Las secuencias más largas se denominaron hCoV-19/Italy/FVG/ICGEB\_S1, \_S5, \_S8 y \_S9 y se depositaron en GISAID. El análisis de secuencia demostró una cobertura desigual a lo largo del genoma del SARS-CoV-2, con un rango promedio de 126 a 7576 lecturas y una cobertura media por muestra de 1169×. Los árboles filogenéticos se fraccionaron al utilizar el método de máxima verosimilitud.*

*Las primeras secuencias depositadas en GISAID (EPI\_ISL\_410545 y EPI\_ISL\_410546) se recolectaron en Roma de un turista chino de la provincia de Hubei que se infectó antes de visitar Italia, y otra (EPI\_ISL\_412974) fue de un ciudadano italiano que dio positivo al regresar de China.*

*Solo se reportaron dos secuencias del grupo de Lombardía (EPI\_ISL\_412973 y EPI\_ISL\_413489). En este informe se examinaron cuatro secuencias adicionales de casos vinculados de forma epidemiológica al norte de Italia. El análisis de secuencia demostró una buena cobertura a lo largo del genoma del SARS-CoV-2 para los cuatro aislamientos.*

*Con base en la variante del marcador S D614G, las cuatro secuencias se agruparon en el subclado G de raíz bávara, que prevalece en Europa, incluyendo la secuencia de Lombardía, pero distinta de las tres secuencias que mencionamos antes que se originan de forma directa en China.*

*De manera curiosa, los nuevos aislamientos estaban más relacionados con la secuencia EPI\_ISL\_412973, mientras que la secuencia EPI\_ISL\_413489 estaba más distante. No se pudo encontrar evidencia de la supresión putativa de 382 nucleótidos (nt) en ORF8 detectada en Singapur, que se ha propuesto para indicar un fenotipo atenuado”.*

## **Secuenciación del genoma del SARS-CoV-2 de Alemania**

Asimismo, se publicó la secuencia completa del genoma del virus extraído de una mujer alemana en la revista *Microbiology Resource Announcements*, en junio de 2020.

Aquí se utilizó una muestra de hisopo orofaríngeo de una paciente que dio positivo pero que no tenía síntomas en el momento de la prueba para aislar la cepa.<sup>15</sup> La Tabla 1 del documento compara las variantes de nucleótidos que se encontraron en el virus muestreado y las de una cepa de referencia que ya estaba registrada en el banco de genes.

Otro documento<sup>16</sup> publicado en la revista *Annals of Internal Medicine* en agosto de 2020, aisló el virus de las secreciones oculares (ojos) de una paciente italiana con COVID:<sup>17</sup>

*“La paciente, una mujer de 65 años, viajó desde Wuhan, China, a Italia el 23 de enero de 2020 e ingresó el 29 de enero de 2020, 1 día después de que iniciaron los síntomas. Cuando ingresó a la unidad de aislamiento tenía tos seca, dolor*

*de garganta, coriza y conjuntivitis bilateral. Comenzó con fiebre hasta el día 4 (38 °C), náuseas y vómitos.*

*La infección por SARS-CoV-2 se confirmó cuando se realizó un ensayo de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) en tiempo real en muestras de esputo (valor umbral del ciclo [Ct], 16.1) el día del ingreso, seguido de la secuenciación del gen M viral (Número de acceso de GenBank MT008022) y aislamiento del virus en la línea celular Vero E6 (2019-nCoV/Italy-INMI1).*

*La secuencia completa del genoma se obtuvo de una muestra clínica o de un cultivo aislado (números de acceso de GISAID EPI\_ISL\_410545 y EPI\_ISL\_410546)".*

## **Secuenciación del genoma de India y Colombia**

El SARS-CoV-2 también se aisló de la orina de un paciente con COVID-19.<sup>18</sup> Un artículo de noviembre de 2020<sup>19</sup> trató de determinar "si varias muestras clínicas que se obtuvieron de pacientes con COVID-19 contenían el virus infeccioso", y encontró ARN del SARS-CoV-2 "en todos los hisopos naso/orofaríngeos, muestras de saliva, orina y heces recolectadas entre los días 8 y 30 del curso clínico."

También se encontró SARS-CoV-2 en los lavados nasales de hurones que se inocularon con orina o heces de un paciente con COVID-19. El virus también ha sido aislado por investigadores en los Estados Unidos,<sup>20</sup> China,<sup>21</sup> India,<sup>22</sup> Canadá,<sup>23</sup> Australia,<sup>24</sup> Corea<sup>25</sup> y Colombia.<sup>26</sup> El documento de investigación en Colombia dice lo siguiente:<sup>27</sup>

*"Objetivo: Describir el aislamiento y las características de una persona que se aisló ante los primeros síntomas de SARS-CoV-2 de la epidemia en Colombia.*

*Materiales y métodos: Se inoculó una muestra nasofaríngea de un paciente con COVID-19 en diferentes líneas celulares.*

*Para confirmar la presencia de SARS-CoV-2 en cultivos, utilizamos qRT-PCR, ensayo de inmunofluorescencia indirecta, microscopía electrónica de*

*transmisión y escaneo, y secuenciación de próxima generación.*

*Resultados: Determinamos el aislamiento del SARS-CoV-2 en células Vero-E6 por la presencia del efecto citopático tres días después de la infección y lo confirmamos por los resultados positivos en la qRT-PCR y la inmunofluorescencia con suero convaleciente.*

*Las imágenes de microscopía electrónica de transmisión y escaneo que se obtuvieron de células infectadas demostraron la presencia de estructuras compatibles con el SARS-CoV-2. Al final una secuenciación completa del genoma que se obtuvo por secuenciación de próxima generación permitió clasificar el aislado como linaje B.1.5.*

*La evidencia que se presentó en este artículo confirma el primer aislamiento de SARSCoV-2 en Colombia. Además, demuestra que, en el cultivo celular, esta cepa se comporta de manera similar a lo que se reporta en la literatura para otros aislados y que su composición genética es consistente con la variante predominante en el mundo”.*

## **Si existe el virus, ¿por qué no se hacen ciertos estudios?**

Como se mencionó antes, se necesita el virus real para realizar ciertos estudios. Ahora, debido a que el virus si existe, también deberíamos poder realizar estudios para evaluar si las vacunas antiCOVID causan una mejora dependiente de anticuerpos (ADE).

Como sugiere Kirsch,<sup>28</sup> “Apliquele la vacuna a los animales, espere, expóngalos al virus” y vea qué sucede. ¿Evita la infección y la transmisión, o hace que los animales sean más propensos a contraer la infección? Si los animales se enfermaran más, sería evidencia de que existe una ADE, un problema que ha afectado la investigación de vacunas contra el coronavirus durante décadas.

Es por eso que no tenemos una vacuna contra el resfriado común, causado por los coronavirus. De manera sorprendente, esta investigación con animales nunca se ha realizado para las vacunas antiCOVID. La pregunta es ¿por qué? Kirsch cree que la



respuesta es porque "nadie quiere saber la respuesta. Los altos mandos de la FDA saben que acabarían con el programa de vacunas si hicieran esto".

Por otro lado, las personas vacunadas, al igual que las personas sin vacunar, tienden a experimentar solo síntomas leves con la variante Ómicron. Entonces, tal vez las vacunas no causen una ADE (lo que podría convertir incluso una variante más leve en algo mortal).

Sin embargo, la ADE no es la única preocupación. Es obvio que estas vacunas se relacionan con un riesgo mayor de sufrir problemas cardiovasculares, cardíacos y neurológicos. Estos también podrían confirmarse a través de estudios en animales, en lugar de pruebas en nuestros hijos, de hecho, ni siquiera necesitaríamos el virus para eso.

De cualquier manera, creo que es correcto afirmar científicamente que el SARS-CoV-2 se aisló, se secuenció de manera genética y que existe como una entidad patógena. Profundizar demasiado en las teorías que refutan la existencia del virus por completo solo ralentizará y obstaculizará el movimiento de la verdad en lugar de ayudarlo, y no aconsejaría a nadie involucrarse en esta narrativa tan improductiva.

## Fuentes y Referencias

---

- <sup>1, 7, 8, 28</sup> [Steve Kirsch Substack January 9, 2022](#)
- <sup>2</sup> [NPR January 24, 2020](#)
- <sup>3</sup> [Gen Bank SARS-CoV-2 isolate, complete genome](#)
- <sup>4</sup> [ATCC Coronavirus](#)
- <sup>5, 6</sup> [CDC Viral Culturing](#)
- <sup>9, 10</sup> [Gut Pathogens 2021; 13\(7\)](#)
- <sup>11, 12</sup> [Jeremy Hammond March 9, 2021](#)
- <sup>13</sup> [Journal of Virology May 18, 2020 DOI: 10.1128/JVI.00543-20](#)
- <sup>14</sup> [MT019532.1](#)
- <sup>15</sup> [Microbiology Resource Announcements June 2020; 9\(23\): e00520-20](#)
- <sup>16, 17</sup> [Annals of Internal Medicine August 4, 2020 DOI: 10.7326/M20-1176](#)
- <sup>18</sup> [Emerging Microbes & Infections December 2020; 9\(1\):991-993](#)
- <sup>19</sup> [Clinical Microbiology & Infections November 2020;26\(11\):1520-1524](#)
- <sup>20</sup> [BioRxiv March 7, 2020 DOI: 10.1101/2020.03.02.972935](#)
- <sup>21</sup> [CCDC Weekly February 15, 2020 DOI: 10.46234/ccdcw2020.033](#)

- <sup>22</sup> Indian Journal of Medical Research February & March 2020; 151(2 & 3):244-250
- <sup>23</sup> Emerging Infectious Diseases September 2020; 26(9): 2054–2063
- <sup>24</sup> The Medical Journal of Australia July 28, 2021
- <sup>25</sup> Osong Public Health Research Perspectives February 2020; 11(1): 3-7
- <sup>26, 27</sup> Biomedica October 30, 2020; 40(Supl. 2):148-158