UN ADIÓS A LA VIROLOGÍA

(EDICIÓN EXPERTA)

Dr. Mark Bailey

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Publicado el 15 de septiembre de 2022

C O N T E N I D O S

Resumen **4**

P A R T E U N O

SARS-CoV-2 no encontrado **5**

Dr. Siouxsie Wiles – acólita del “aislamiento” de la virología **6**

Por qué el aislamiento importa **9**

¿Qué es la virología? **14**

La falta de controles de la virología significa que no es una actividad científica **20**

Abuso de animales y estudios de “anticuerpos” **22**

La paradoja de la cantidad de virus **26**

P A R T E D O S

Fan Wu et al. deus ex machina **27**

Turtles all the way down **34**

La afirmación de la CDC sobre el SARS-CoV-2 **38**

Las revelaciones de Peng Zhou et al. **41**

¿Más engaño desde Wuhan? **43**

La iniciación del profesor Bustin de una pandemia PCR **44**

P A R T E T R E S

“Little Mountain Dog” - ¿Ingenuidad o luz de gas? **50**

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

La distracción de la “fuga de laboratorio” **54**

La Virología y La Sociedad Cerrada **59**

Secuenciación metagenómica - ¿el último aliento de la virología? **62**

¿Por qué cuestionar la existencia de virus durante una guerra? **65**

E P Í L O G O

Sobre el autor **67**

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

UN ADIÓS A LA VIROLOGÍA (EDICIÓN EXPERTA)

Resumen

La virología inventó el modelo del virus pero ha fallado de forma consistente en cumplir sus propios requerimientos. Se afirma que los virus causan enfermedad tras transmitirse entre anfitriones como los humanos, y, sin embargo, falta la evidencia científica de estas afirmaciones. Uno de los mayores fracasos de la virología ha sido la incapacidad de obtener cualquier partícula vírica directamente de los tejidos de los organismos de los que se dice que padecen enfermedades "víricas". Para ofuscar este estado de las cosas, los virólogos han recurrido a la creación de sus propios métodos pseudocientíficos para reemplazar el método científico de siempre, así como al cambio del significado de palabras de diccionario para apoyar sus prácticas anti-científicas. Por ejemplo, un aislado "aislado" no requiere la existencia física de las partículas para que se le conceda el estatus de "aislado".

Una partícula vírica debe cumplir propiedades físicas y biológicas definidas, incluyendo ser un parásito intracelular con competencia de replicación capaz de *causar* enfermedad en un anfitrión como el ser humano. Sin embargo, “virus” como el SARS-CoV-2 no son nada más que constructos fantasma, existiendo sólo en imaginaciones y simulaciones de ordenador. En este paradigma, casos de enfermedades inventadas como el COVID-19 no son nada más que la detección de secuencias genéticas seleccionadas y proteínas supuestamente“virales”. La existencia de un virus no es requerida en este bucle de razonamiento circular y así pandemias enteras pueden construirse

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

sobre creaciones digitales y falsamente apoyadas a través de reacciones moleculares *in vitro* (“tubo de ensayo”).

Este ensayo contiene tres partes. La Parte Uno esboza parte de la historia de la virología y los fracasos de los virólogos en el seguimiento del método científico. Se puede demostrar que todas las numerosas y trascendentales afirmaciones de los virólogos son erróneas debido a: (a) la falta de evidencia directa, y (b): la invalidación de “evidencia” indirecta debido a la naturaleza sin controles de los experimentos. Los ejemplos proporcionados cubren los aspectos principales del fraude virológico, incluyendo presuntos aislamientos, efectos citopáticos, genómica, anticuerpos, y estudios de patogenicidad animal.
La Parte Dos examina el fraude usado para propagar la “pandemia” de COVID-19. Un desglose de la metodología en la que se sustentaron los inventores originales Fan Wu et al. muestra cómo el ficticio SARS-CoV-2 fue “creado” a través de métodos anti-científicos y malabarismos lingüísticos. Forma parte de un engaño continuado en el que se reivindica la existencia de virus comparándolos con plantillas de "virus" anteriores. Usando el SARS-CoV-2 como ejemplo, el rastro de plantillas genómicas de “coronavirus” que lleva hasta la década de los 80 revela que ninguna de estas secuencias genéticas han sido demostradas como procedentes del interior de ninguna partícula viral – los árboles filogenéticos son fantasías. La aplicación errónea de la reacción en cadena de polimerasa ha propagado este aspecto del fraude de la virología y ha creado los “casos” para mantener la ilusión de una pandemia.

La Parte Tres proporciona un análisis de cómo algunos participantes clave, instituciones de “salud”, y los medios *mainstream* mantienen la ilusión del virus a través del control de la información y narrativas que cacarean las afirmaciones de la virología. Por casualidad, el fraude virológico se encuentra ahora al frente del fraude de COVID-19. A partir de aquí, sin embargo, puede ser críticamente evaluado por aquellos que se encuentran fuera de la virología, y el paradigma pseudocientífico que la virología ha construido a su alrededor puede finalmente ser desmantelado y enterrado.

El objetivo de este ensayo es proporcionar refutaciones a distintos alegatos de que los virus patogénicos existen y causan enfermedad. El SARS-CoV-2 ha sido utilizado como el ejemplo principal, pero los principios se aplican a todos los presuntos virus. Lo que sigue aborda la literatura virológica, a menudo arcana, en sus propios términos, lo cual, debería ser dicho, puede hacer partes de este ensayo lectura un tanto pesada. A pesar de todo, se tiene la esperanza de que esta contribución llenará un nicho para el lector que busque una comprensión más técnica de la hipótesis del virus, ya que trata de sacar a la luz los fundamentos mismos de supuestas pandemias y prácticas médicas fraudulentas. La amenaza de la virología a la humanidad está aumentando, así que es momento de decir adiós a estas prácticas pseudocientíficas destructivas y liberarnos de miedos innecesarios.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

P A R T E U N O

SARS-CoV-2 NO ENCONTRADO

> *Tal vez la evidencia principal de que la teoría del virus patogénico es problemática es que ningún artículo científico publicado ha mostrado nunca que partículas que cumplan la definición de virus hayan sido aisladas y purificadas directamente de ningún tejido o fluido corporal de ningún animal o ser humano enfermo. Usando la comúnmente aceptada definición de "aislamiento", la cual es la separación de una cosa de todas las demás cosas, hay un acuerdo general de que esto nunca se ha hecho en la historia de la virología.* -- Dr. Thomas Cowan et al., de la Declaración "Zanjando el Debate de los Virus", 2022.[1] [Settling the Virus Debate]

A fecha de 11 de septiembre de 2022 y después de extensas consultas a través de peticiones de Freedom of Information [Libertad de Información] (FOI [por sus siglas en inglés]) coordinados por Christine Massey, ni una de las 209

[1] Thomas Cowan, et al., "The 'Settling the Virus Debate' Statement", 14 jul 2022: https://drsambailey.com/resources/settling-the-virus-debate/

[2] Christine Massey, "209 health/science institutions globally all failed to cite even 1 record of 'SARS-CoV-2' purification, by anyone, anywhere, ever": https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/ (Se accedió el 11 sep 2022.)

[3] NZ Ministry of Health, "Official Information Act response Ref: H20210878": https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3tiei_g67zTUfok92kuqqS

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

instituciones de principalmente salud o ciencia en más de 35 países han sido capaces de proporcionar evidencia directa del presunto virus SARS-CoV-2[2]. Se les pidió a las instituciones que proporcionasen cualquier documento demostrando, “la purificación del “SARS-CoV-2” presuntamente causante de enfermedad en humanos (a través de maceración, filtrado, y uso de un ultracentrifugado; también llamado a veces "aislamiento" por algunas personas), directamente de un humano enfermado…” En muchas ocasiones, tras admitir que no existen tales pruebas, instituciones como el Ministerio de Sanidad neozelandés sugieren a continuación que "existen varios ejemplos de aislamiento y cultivo del virus en laboratorio".[3] Sin embargo, los ejemplos a los que se hace referencia son universalmente experimentos indirectos de cultivo de tejidos, en los que la palabra "aislamiento" se ha desvinculado de su significado entendido y no se ha demostrado que ninguna partícula, imaginada o en imagen, tenga las propiedades de un virus causante de enfermedad. En cualquier caso, se trata de una distracción del problema mayor expuesto por los pedidos FOI, que es que partículas reivindicadas como virus no pueden nunca ser encontradas en sujetos humanos. La virología ha puesto excusas para esta evidencia desaparecida, pero incluso permitiendo esta embarazosa deficiencia, se está quedando sin sitios en los que esconderse a medida que se incrementa el escrutinio a sus distintas metodologías por aquellos externos al campo. Este ensayo esboza los muchos aspectos de la anti-ciencia de la virología que han sido empleados para mantener la ilusión de que los virus patogénicos existen. La situación se ha vuelto cada vez más peligrosa, y desde principios de 2020, la “pandemia” de COVID-19 ha sido usada como un caballo de Troya para poner a la humanidad de rodillas.

---

[4] Stefan Lanka, “The Virus Misconception, *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 06/2015: https://researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art

[5] https://unidirectory.auckland.ac.nz/profile/s-wiles

[6] Christine Massey, https://fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/

[7] “Microbiologist Siouxsie Wiles gives advice on preventing coronavirus”, *1News*, 16 Mar 2020: https://youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s

[8] Nikki Preston, “Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year”, *NZ Herald*, 1 Apr 2021: https://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year; “Dr Siouxsie Wiles MNZM”, New Zealander of the Year Awards (sin fecha, accedido el 22 May 21), 2: https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/ . The citation for the award reads as follows: “In the face of considerable criticism – on her authority, on her appearance, on her gender – Siouxsie’s continued to respond to one of the greatest challenges of our time with empathy, innovation and courage, and her work has been seen by millions and even used by governments and organisations as part of their official pandemic communications.”

[9] Siouxsie Wiles, “Koch’s postulates, Covid, and misinformation rabbit holes”, 16 Nov 2020: https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html

[10] Thomas Rivers, “Viruses and Koch’s Postulates”, *Journal of Bacteriology*, 33/1, 1937.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

LA DOCTORA SIOUXSIE WILES – ACÓLITA DEL “AISLAMIENTO” DE LA VIROLOGÍA

> *El centrifugado por gradientes de densidad es la técnica estándar científicamente requerida para la demostración de la existencia de un virus. A pesar del hecho de que este método es descrito en todos los manuales de microbiología como la “técnica de aislamiento de virus”, nunca es aplicada en experimentos cuya intención es demostrar la existencia de virus patogénicos.* - Dr. Stefan Lanka, 2015.[4]

La defensa de las metodologías de la virología la intentan obviamente sus promotores, incluyendo la microbióloga del gobierno de Nueva Zelanda, favorecida por los medios financiados por el estado, Siouxsie Wiles[5]. Su empleador, la Universidad de Auckland, se encuentra entre aquellas instituciones que ahora han confirmado que “[la universidad] no ha hecho ningún trabajo relacionado con la purificación de ningún virus COVID-19”[6], y por lo tanto, no ha encontrado en ningún sujeto humano, ni aislado de él, el denominado virus SARS-CoV-2. Esta profesora asociada, que sugirió al país que, “el mundo está en llamas”, en marzo de 2020[7], fue nombrada Neozelandesa del Año en 2021 por “ayudar a millones globalmente a ver más allá del miedo y de las complejidades de la pandemia… y ayudar a mantenernos a salvo”[8]. En su artículo de noviembre de 2020, “Los postulados de Koch, COVID, y madrigueras de desinformación”, Wiles alegó que “la gente pidiendo pruebas de la existencia del virus SARS-CoV-2 responsable del COVID-19 están haciendo sus peticiones específicamente en términos que imposibiliten la obtención de cualquier evidencia de que el virus existe.”[9] Su artículo rápidamente se fue por la tangente sobre por qué los postulados de Koch son inapropiados para los virus y ella los declaró, pues, inválidos en ese contexto. No está claro por qué no mencionó los postulados de Rivers[10], que fueron diseñados específicamente para incluir virus, aunque tal vez porque tendría que admitir que estos postulados tampoco han sido satisfechos nunca. Y mientras los postulados de Koch tienen que ver con el establecimiento de la causación de enfermedad y el contagio, en lugar de la cuestión específica de si partículas víricas pueden ser encontradas en o de sujetos humanos, podría simplemente haber explicado que los virólogos se han pasado gran parte del siglo XX tratando de identificar virus directamente de humanos enfermos sin ningún éxito. Wiles introdujo entonces de manera falaz los Postulados Moleculares de Falkow[11] en su argumento, sin proporcionar explicación alguna sobre cómo podían ser empleados para demostrar la existencia física del supuesto SARS-CoV-2 en un humano o en cualquier otro sitio.

Incómodamente para Wiles, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró en 2003 que con respecto al SARS-CoV-1, “identificación concluyente de un [agente] causativo debe cumplir todos los criterios en el llamado ‘Postulado de Koch [*sic*]’. Los experimentos adicionales que se necesitan para cumplir estos criterios están actualmente en marcha en un laboratorio en Los Países Bajos”.[12] El artículo de la OMS fue eliminado de su página web sin explicación en 2021, pero todavía es accesible a través del Internet Archive.[13] El imaginativo alegato

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

de que los Postulados de Koch fueron cumplidos en 2003 por Fouchier et al. con el SARS-CoV-1 ha sido refutado en otro sitio.[14] Su experimento con monos no sólo fue invalidado por su falta de controles y ruta de exposición antinatural, pero como todas las publicaciones de virología, fracasaron en evidenciar una partícula que cumpliese la definición de un virus. Wiles también parecía estar en contradicción con Na Zhu et al., uno de los primeros equipos que declararon haber descubierto el SARS-CoV-2, porque admitieron que, "aunque nuestro estudio no cumple los postulados de Koch, nuestro análisis proporciona evidencia que implica al 2019-nCoV [más tarde "SARS-CoV-2"] en el brote de Wuhan. Evidencia adicional para confirmar la significancia etiológica del 2019-nCoV en el brote de Wuhan incluye… experimentos animales (monos) para proporcionar evidencia de patogenicidad".[15]

> *- Sin embargo, tanto si distintos virólogos quieren considerar la validez de los Postulados de Koch como si no, es simplemente otra distracción, ya que* ***los postulados requieren el aislamiento físico de un microbio*** *en lugar de afirmaciones de que uno existe a través de medios tales como simulaciones de ordenador, imágenes de vesículos de función biológica desconocida, o alegando que sopas biológicas sin purificar dadas a animales contienen "virus".*

Wiles también decidió defender el mal uso descarado de la palabra "aislamiento" cuando declaró, "¿y en lo que se refiere al uso de aislamiento en el sentido común de la palabra, en lugar de la definición que es relevante a la pregunta formulada? Bien, eso es condenadamente ridículo y una señal clara de que estos requerimientos de evidencia no se están haciendo de buena fe".[16] Parecía estar incrédula de que otros hubiesen señalado que la definición de una palabra usada científicamente fue unilateralmente cambiada por los virólogos para dar a entender que cierta prueba era obtenida. Sin embargo, si su uso de aislamiento no significa lo que la mayoría de la gente piensa que significa, entonces es probable que la mayoría del público esté siendo desinformado. A cuenta de esto, Wiles es una participante activa en la promulgación de

---

[11] Postulados Moleculares de Falkow: "(1) El fenotipo o propiedad bajo investigación debería ser asociado con miembros patógenos de un gen o cepas patógenas de una especie. (2) Inactivación específica del gen (o genes) asociado con el atributo virulento sospechado debería conducir a una pérdida medible en patogenicidad o virulencia. (3) La reversión o sustitución alélica del gen mutado debería conducir a restauración de patogenicidad." - Stanley Falkow, "Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity", *Reviews of Infectious Diseases*, Jul-Ag 1988: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/

[12] WHO, "Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) – multi-country outbreak – Update 12", 27 Mar 2003.

[13] https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/

[14] Torsten Engelbrecht, et al., *Virus Mania*, 3ª Edición en Inglés, Books on Demand, 2021, 2: Samantha Bailey, "What Happened To SARS-1?", 27 Ene 2021: https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/

[15] Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", El *New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, primero publicado 24 Ene 2020, actualizado 29 Ene 2020), 728: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/

[16] Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16 Nov 2020: https://auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html

[17] Ibid.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

desinformación, ya sea un acto de ceguera voluntaria u otro. Wiles necesita mostrar su mano como experta y explicar al público lo que la definición de aislamiento significa, en particular en lo que respecta a la existencia putativa de virus. Tal vez piensa que lo explicó cuando escribió, “cuando los virólogos quieren aislar un virus de una muestra, toman la muestra o alguna parte de ella y la añaden a algunas células, normalmente unas que son relativamente fáciles de cultivar en el laboratorio, y entonces miran para ver si las células mueren y/o si hay alguna partícula de virus liberada al baño de nutrientes líquidos en que las células están creciendo”.[17] No está claro si Wiles está insinuando que el “aislado de virus” se establece por: (a) la toma de la muestra, (b) ver morir algunas células *in vitro*, (c) la liberación de pretendidas “partículas de virus” en el cultivo de tejido, o (d) la continuación total o parcial de estos elementos. Sin embargo, nada de lo que ella describe requiere la existencia de virus, es un juego de engaño, se sea o no consciente de ello. Simplemente requiere la aseveración de que un virus se hallaba en la muestra, culpando del desgaste de células estresadas experimentalmente en el tubo de ensayo al imaginado virus, y declarando entonces que algunas de las vesículas (cuya función y composición biológica no fueron establecidas) eran los virus. Todavía hay un error fatal más en este ejercicio. Como este ensayo detallará, las afirmaciones de que se ha demostrado que el SARS-CoV-2 existe a través de esta metodología son todas científicamente nulas, puesto que ninguno de los experimentos fue realizado con controles válidos.

Esto es ejemplar de cómo Wiles ha actuado en su rol como una de las *influencers* clave de la campaña de desinformación del gobierno de Nueva Zelanda y de su programa homicida de lanzamiento de un producto inyectable llamado Comirnaty™, afirmando que los experimentos no específicos de cultivo de tejidos verifican la existencia del virus cuando nada por el estilo ha sido demostrado. El problema se extiende más allá de sólo el SARS-CoV-2, *todo* virus cuya existencia se asevera se apoya en pseudociencia similar. La historia de la virología revela que los tipos de células finalmente seleccionadas para estos experimentos han sido aquellas que tienen una propensión a descomponerse con la afirmación de “efectos citopáticos” inducidos por virus (ECPs), en lugar de aquellas que son “relativamente fáciles de cultivar en el laboratorio”, como aseveró Wiles en su artículo. Por ejemplo, las células de mono Vero E6[18] han sido largamente favorecidas por los virólogos, supuestamente debido a su “adecuación” para hospedar muchos virus, pero también sospechosamente, porque la línea de células aneuploide es más susceptible a efectos tóxicos por parte de ingredientes adicionales como los ubicuos antibióticos nefrotóxicos y antifúngicos añadidos al mix del cultivo. Cuando un grupo intentó el cultivo de SARS-CoV-2, no tuvieron el resultado deseado con células de adenocarcinoma humano (A549), células de hígado humanas (HUH7.0), células embrionarias humanas de riñón (HEK-293T), y la línea de células de riñón de gran murciélago marrón (EFK3B), pero declararon entonces que tenían un aislado vírico después de la observación de ECPs en

[18] ATCC, “VERO C1008 [Vero 76, clone E6, Vero E6]”: https://atcc.org/products/crl-1586

[19] Aneuploidia significa la presencia de un número anormal de cromosomas en una célula.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

células Vero E6[20]. Como es típico, parecía no haber sentido de la ironía para ellos en que el pretendido virus respiratorio humano no podía mostrarse "infectando" el tipo de célula relevante, todavía menos la especie relevante. Y sus experimentos fueron una vez más invalidados por la ausencia de cultivos de control adecuados.

POR QUÉ EL AISLAMIENTO IMPORTA

> *Aquel que controla el lenguaje controla a las masas.* - Saul Alinsky[21]

Un [estorbo] más para la virología es que las presuntas partículas víricas que han sido purificadas con éxito no han sido demostradas como capaces de replicación o causantes de enfermedad por sí mismas. En otras palabras, lo que ha sido físicamente aislado sólo puede decirse que son vesículas extracelulares (VEs). En mayo de 2020 una publicación apareció en la revista *Viruses* que afirmaba, "hoy en día, es casi una misión imposible separar VEs y virus por medio de métodos de aislamiento de vesículas canónicos, como ultracentrifugado diferencial, porque son a menudo co-peletizados debido a sus dimensiones similares"[22]. "Hoy en día" quiere decir en contraste con el pasado, y no está claro cómo tal cambio técnico observado pueda ser reconciliado con leyes biológicas. Parece más plausible que los virólogos están distanciándose a sí mismos de sus propias técnicas para poder evadir la refutación de sus propios postulados. Puede que tengan que aceptar que la razón por la cual el ultracentrifugado diferencial no es capaz de separar virus de otros vesículos es porque su aseveración de que los virus están presentes en la muestra es infundada.

Los virólogos están claramente distrayendo del problema de base del aislamiento, ya que no han sido capaces de cumplir en este frente. En lugar de tratar el problema honesta y científicamente, han ofuscado el lenguaje. En 2017, el Perth Group señalaron en su *magnum opus* "HIV, a virus like no other" ["El VIH, un virus sin igual"] que, "en virología, mientras purificación mantiene su significado cotidiano, "aislamiento" es un término de conveniencia al que los virólogos asignan datos que ellos afirman son prueba de que un virus particular existe".[23] En otras palabras, es conveniente y práctico, pero en lo que se refiere a las afirmaciones que se hacen y a las acciones subsiguientes que se llevan a cabo contra la humanidad, debería ser visto como impropio e inmoral. En el mismo ensayo, el Perth Group documentó los siguientes ejemplos de virólogos adaptando el lenguaje científico, como bien les viene, para sus propios propósitos:

> *El experto en VIH Jay Levy define el aislamiento de virus como una "muestra de un virus de una fuente definida", White y Fenner como la*

[20] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infectious Diseases*, Junio 2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

[21] *Rules for Radicals,* Random House, 1971.

[22] Flavia Giannessi, et al., "The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses", *Viruses*, 22 May 2020: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7519827/

Copyright © 2022 Mark Bailey

habilidad de "identificar un virus totalmente imprevisto, o incluso de descubrir un agente enteramente nuevo". Montagnier y Weiss como "propagarlos [los virus] en células en cultivo". La sexta edición de 2013 de Fields Virology define aislamiento como "Los virus pueden ser aislados de un anfitrión infectado cosechando material excretado o secretado, sangre o tejido y testando para inducción de los síntomas originales en el anfitrión idéntico, o inducción de alguna patología anormal en un anfitrión sustituto, o en un cultivo de células... Una vez que la presencia de un virus ha sido establecida, es a menudo deseable preparar un clon genéticamente puro". Ni que decir tiene que si el aislamiento de virus es "tomar una muestra de un virus de una fuente definida", o propagarlos en células en cultivo, uno debe tener evidencia primero de que el virus existe en "una fuente definida" o "en células en cultivo". Tampoco es aislamiento de virus "inducción de alguna patología anormal" o "una vez la presencia de un virus ha sido establecida".[24]

Es una farsa que este estado de los acontecimientos exista, y esta práctica sumamente engañosa hace que las numerosas afirmaciones de aislamiento de la virología carezcan de fundamento. ¿Pero pueden los virólogos mismos ofrecer alguna explicación para su incesante abuso del lenguaje inglés? En 2021, el virólogo veterano Profesor Vincent Racaniello explicó, incluso en lo que se refiere a la definición de términos fundamentales como "aislar" que: "lo que ocurre es que te entrenas en el laboratorio de alguien y le oyes decir cosas y asocias un significado con ellas y eso es lo que haces, y puede que sean o no sean correctas"[25]. En la misma presentación, el mismo Racaniello no pareció apreciar ningún problema con su propia definición de lo que se supone han de ser términos científicos cuando procedió a decir: "un aislado es un virus que hemos aislado de un anfitrión infectado y hemos propagado eso en cultivo". De forma irónica, en un artículo de 2015, con respecto a la terminología científica apropiada y la palabra "transfección"[26], Racaniello declaró: "si ves el lenguaje inglés como un medio de comunicación dinámico que evoluciona continuamente y proporciona a las palabras nuevos significados, entonces este uso incorrecto de transfección probablemente no te moleste. Pero los científicos deben ser precisos en su uso del lenguaje, de lo contrario su habilidad para comunicar será dañada."[27] Un análisis de la presentación de Racaniello sobre aislamiento vírico y el mal uso del lenguaje en la ciencia ha sido llevado a cabo previamente por la Dra. Samantha Bailey en "The Truth About Virus Isolation"[28] [La Verdad Sobre el Aislamiento de Virus]. Es ilustrativo del problema donde múltiples generaciones de virólogos parecen estar atrapados en un mundo de razonamientos semánticos circulares, aunque con diferentes grados de perspicacia.

La virología inventó la hipótesis de los virus para que cualquiera sea el método que emplee en un intento de probar su existencia, este debe satisfacer esa definición. El meollo de la cuestión es un concepto simple, y necesitamos ver evidencia de que supuestas partículas causantes de enfermedad causan

[23] The Perth Group, "HIV – a virus like no other", 12 Jul 2017: http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf

[24] Ibid.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

nuevas partículas que son clones de las anteriores. Afirmar que proteínas y ácidos nucleicos son de un origen viral específico no es posible a menos que las presuntas partículas virales hayan sido verdaderamente aisladas por purificación y mostradas como poseedoras de estas características biológicas clave. Como señala el Perth Group en "El VIH, un virus sin igual", la purificación es necesaria para probar la existencia de los virus en general por varias razones, incluyendo las siguientes:

> *1. Los virus se replican sólo en células vivas. Dado que células y virus están compuestos de los mismos constituyentes bioquímicos, la separación de partículas de material celular es esencial para definir qué ácido nucleico y proteínas pertenecen a las partículas de virus.*
>
> *2. Probar que las partículas son infecciosas. En otras palabras, son las partículas, no otros factores, las que son responsables de la producción de nuevas partículas. Esto requiere la purificación de ambos sets de partículas.*
>
> *3. Demostrar sus efectos biológicos y patológicos.*
>
> *4. Obtener antígenos (proteínas) y ácidos nucleicos para uso en tests de anticuerpos y genómicos respectivamente.*[29]

Aunque es menos común. En ocasiones los virólogos también ofuscan el significado de "purificación". El 23 de marzo de 2022, el profesor belga de virología Marc Van Ranst[30] declaró que con respecto al SARS-CoV-2, "en otro artículo (https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600) han purificado el virus mediante ultracentrifugación en beta-ciclodextrina".[31] Van Ranst se estaba refiriendo a un artículo de 2008 que describía "preparación a gran escala de viriones de coronavirus SARS-CoV-1[32]. Sin embargo, este artículo se limita a esbozar un protocolo que *afirma* purificar viriones, y no hay parte del artículo que demuestre la existencia de ninguna partícula capaz de replicación - todo lo que se mostraba eran algunas imágenes de baja calidad pretendiendo mostrar células Vero E6 "infectadas". (Véase la siguiente sección concerniendo "efectos citopáticos"). Con respecto a la "comprobación de viriones purificados" siguiendo a la centrifugación, no se proporcionaron imágenes, pero la afirmación fue hecha de que "la concentración de viriones purificados

[25] Vincent Racaniello, "Virus isolates, variants, strains – what are they?", *Vincent Racaniello*, 2 Mar 2021: https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s

[26] "Transfection is a process of introducing nucleic acid into eukaryotic cells using various chemical or physical methods", from *Comprehensive Biotechnology*, 2nd edition, Elsevier, 2011.

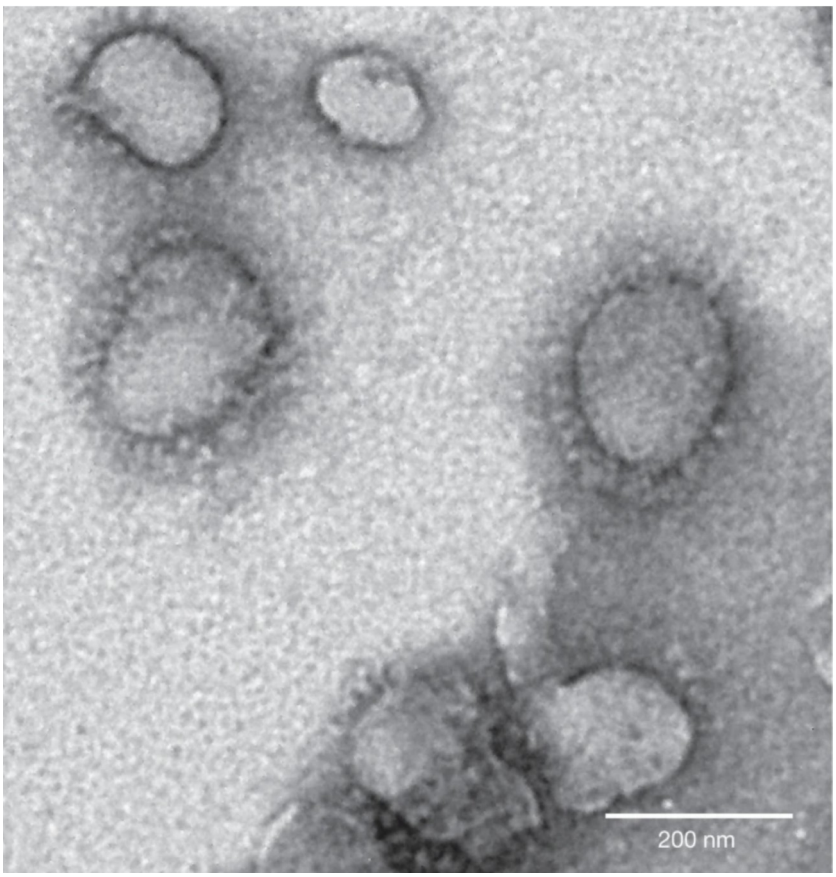
[27] Vincent Racaniello, "What does transfection mean?", *Virology blog*, 12 Feb 2015: https://www.virology.ws/2015/02/12/what-does-transfection-mean/

[28] Samantha Bailey, "The Truth About Virus Isolation", 14 Abr 2021: https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

se determina por ensayo BCA [ácido bicinconínico, por sus siglas en inglés] con BSA [albúmina de suero bovino, por sus siglas en inglés] como estándar". Esta fue una conclusión sin fundamento, ya que el ensayo BCA simplemente mide la concentración total de proteína en una solución: la técnica es incapaz de proporcionar evidencia de que haya "viriones" presentes en una muestra.

La Figura 1 más abajo es una imagen pretendiendo mostrar viriones de "coronavirus de murciélago parecidos al SARS" y fue publicada en *Nature* en 2013 - el pie de foto explica por qué tamaña declaración es ridícula. (La conveniente variación en tamaños de partícula es aparentemente porque "[los coronavirus] usualmente tienen un diámetro, excluyendo proyecciones, de entre 80 y 120 nm, aunque en casos extremos el diámetro puede variar entre 60 y 220 nm."[33]) De igual manera, la afirmación en el artículo citado por Van Ranst de que "es mejor confirmar la cantidad de viriones por 10% SDS-PAGE"[34], es igual de errónea pues esto es simplemente un proceso de electroforesis gel para separar proteínas por su masa molecular – no puede proporcionar evidencia de que las proteínas pertenecen a un virus. Van Ranst declaró también, "ya podemos detectar



Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Figura 1. Esta imagen fue descrita como, “[una] micrografía de electrones de viriones purificados”, obtenida por “ultracentrifugación a través de un cojín de 20% de sucrosa (5ml) a 80.000g durante 90 min usando un rotor Ty90 (Beckman)”. Aparte del hecho de que las propiedades biológicas de estos vesículos en imagen no fueron establecidas, no hay indicación de que nada en el cultivo de células Vero E6 haya sido purificado, y no se proporcionaron ningunas otras imágenes contextuales. Adicionalmente, no se documentaron controles de micrografías de cultivo. Fuente: Xing-Yi Ge, et al., “Aislamiento y caracterización de un coronavirus de murciélago parecido al SARS que usa el receptor ACE2”, *Nature*,30 de octubre de 2013: https://doi.org/10.1038/nature12711 (Ver también página 56 con respecto a la afirmación de que Ralph Baric et al. Utilizaron estos “virus” para crear otros nuevos).

el ARN viral en muestras clínicas. Podemos completar el descifrado del genoma vírico. Podemos cultivar el virus en cultivo de células e inocularlo en modelos animales e inducir enfermedad”.[35] Se desconoce si Van Ranst apreciaba que las metodologías sin controles siendo utilizadas en todos estos experimentos no proporcionan la evidencia requerida de ningún “virus”. Así que cuando Van Ranst hizo la afirmación de que “ningún científico duda de la existencia del SARS-CoV-2”[36], le hace a uno preguntarse si los virólogos tendrán ahora que cambiar la definición de científico para mantener sus prácticas engañosas.

Pero Van Ranst no era el único virólogo haciendo afirmaciones sobre purificar virus. En respuesta a una consulta por correo electrónico, la Dra. Marica Grossegesse[37] del Robert Koch Institute respondió que “hemos purificado partículas de SARS por gradiente de densidad. Sin embargo, solamente del virus derivado de cultivo de células, como usted escribió. El desafío de purificar SARS de muestras de pacientes es que no obtienes una banda visible”[38]. Aparte de la terminología imprecisa de sustituir el nombre de un síndrome (“SARS” es síndrome respiratorio agudo severo[por sus siglas en inglés]) por un postulado virus, no se suministró evidencia adicional alguna sobre cómo estas afirmaciones fueron establecidas. Presumiblemente, ¿Grossegesse también está usando las definiciones de “purificación” y “virus” como se representan en

[29] The Perth Group, “HIV – a virus like no other”, 12 jul 2017: http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf

[30] “Marc Van Ranst”, Wikispooks: https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst

[31] Por email de Marc Van Ranst, “Purification of SARS-CoV-2”, 23 May 2022: https://fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf

[32] Yasuko Tsunetsugu-Yokota, “Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for vaccine antigen”, *Methods in Molecular Biology*, 1 Ene 2008: https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11

[33] Malcom Macnaughton y Heather Davies, “Coronaviridae”, en *Animal Virus Structure*, Elsevier, 1987.

[34] Electroforesis en gel de poliacrilamida con dodecilsulfato sódico (siglas en inglés)

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

la Figura 1? En cualquier caso, cuando fue presionada para más detalles sobre cómo los experimentos fueron controlados, respondió: “no se nos permite compartir ningún protocolo con una persona privada. Yo sólo puedo referir a nuestras publicaciones, donde los experimentos de infección se describen en detalle”. Parece que “detalle” también ha adquirido un nuevo significado, puesto que las publicaciones fracasaron en revelar las respuestas francas concerniendo a los controles buscados.

El área de aislamiento es uno de los ámbitos donde la virología está completamente desquiciada, y como se esbozará en este ensayo, el SARS-CoV-2 sigue siendo nada más que un hipotético constructo informático, armado a partir de fragmentos genéticos de procedencia no probada. Nunca ha habido una partícula físicamente aislada (es decir, purificada) que se haya mostrado como responsable de la producción de partículas idénticas, o una partícula que se haya mostrado como la causa de efectos patológicos en ningún humano o en un modelo animal experimental. Así, la declaración por virólogos como Van Ranst, junto con la OMS y sus partidarios, de que una partícula infecciosa denominada “SARS-CoV-2” está causando una pandemia de enfermedad, se muestra como un fraude científico e intelectual patente.

¿QUÉ ES LA VIROLOGÍA?

> *Cuando es sobresaltado, el pájaro despegará y volará alrededor en círculos cada vez más pequeños hasta que se las arregle para volar adentro de su propio trasero, desapareciendo completamente, lo que aumenta su rareza.*
>
> - El mítico “pájaro oozlum”.[39]

Es difícil saber exactamente qué llamar a la virología, pero no es ciencia. Los actuales profesionales se dedican a alguna forma de especulación algorítmica o estadística, añadida a razonamiento circular y sesgo de confirmación, con una completa ausencia de lo que debería ser el correspondiente proceso de refutación que yace en el corazón del método científico. Aunque el abandono del método científico pueda pasar desapercibido o accidentado por participantes de nivel más bajo, hay de forma casi segura, motivaciones conspirativas en niveles más altos de la jerarquía global. Por ejemplo, la OMS, los Centers for Disease Control (CDC) [Centros para el Control de Enfermedades], y la Health Security Agency [Agencia de Seguridad Sanitaria] del Reino Unido son todos partícipes de las prácticas engañosas de la virología, como será expuesto en este ensayo. Sin embargo, las prácticas anti-científicas son replicadas en la mayoría de los otros países , ya sea en lo relacionado a

[35] Por email de Marc Van Ranst, “Purification of SARS-CoV-2”, 23 May 2022: https://fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf

[36] Ibid.

[37] https://researchgate.net/profile/Marica-Grossegesse

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

afirmaciones de aislamiento de virus y la mala aplicación en masa de la reacción en cadena de polimerasa (PCR) [por sus siglas en inglés] para diagnósticos clínicos[40], o un fracaso en revelar los detalles cruciales de control concernientes al cultivo de virus y creación de genoma, lo cual es el foco de gran parte de este ensayo.

¿Cómo ponemos a prueba una teoría científica? Karl Popper expresó así la parte central de la refutación de una teoría o hipótesis:

> *De manera que es, sostengo, la posibilidad de derribarla, o su falsabilidad, lo que constituye la posibilidad de ponerla a prueba, y por lo tanto el carácter científico de una teoría; y el hecho de que todas las pruebas de una teoría son falsificaciones intentadas de predicciones derivadas con su ayuda, proporciona la clave del método científico. Esta visión del método científico es corroborada por la historia de la ciencia, la cual muestra que las teorías científicas son a menudo derribadas por experimentos, y que el derribamiento de teorías es efectivamente el vehículo del proceso científico. El parecer de que la ciencia es circular no puede ser sostenido.*[41]

Es por lo tanto, una cuestión razonable preguntar: ¿ha sido la virología un cometido científico? Con respecto al método científico, los virólogos crean hipótesis infalsificables mediante el montaje de paradigmas donde cualquier número de observaciones, ya sea enfermedad o presuntos resultados de tests pueden ser atribuidos a sus “virus”. Las observaciones se hacen pasar por pruebas de la existencia de virus en el estilo de un bucle circular de razonamiento que ya no requiere la existencia demostrable de un virus. Cualquier afirmación de reproductibilidad, por ejemplo, en la forma de un proceso PCR o un pretendido genoma viral, son simplemente más circuitos del mismo bucle.

Históricamente, la virología ha estado caracterizada por una falta de experimentos de control válidos y ninguna de sus reivindicaciones fundacionales han sido establecidas a través del ejercicio apropiado del método científico. El primer presunto virus en haber sido descubierto fue el Virus de Mosaico del Tabaco y se dice que una de las pruebas de ello se hallan contenidas en el tratado de Dmitri Ivanovsky de 1903 *Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze (Sobre la Enfermedad Mosaico de la Planta del Tabaco)* [42]. Sin embargo, está patentemente claro que los experimentos descritos por Ivanovsky carecían de cualquier comparación de control válida, y eran por lo tanto acientíficos e inconcluyentes. Él incluso comentó que, “esta enfermedad encuentra condiciones de existencia favorables sólo en regiones costeras. Tal conclusión concuerda completamente con las observaciones de más arriba

[38] Por email de Marica Grossegesse, Robert Koch Institute, “SARS-CoV-2 / questions”, 1 Abr 2022: https://fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegesse-controls-PACKAGE-redacted.pdf

[39] Bill Wannan, *Crooked Mick of the Speewah: And Other Tall Tales*, Lansdowne, 1966.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

concernientes a la influencia de la humedad en el desarrollo de la enfermedad. La enfermedad de mosaico parece ser única en climas húmedos y cálidos”[43]. A pesar de todo, como la teoría de los gérmenes se estaba desarrollando hacia la ideología predominante de causación de enfermedad en la época, en lugar de concluir que la Enfermedad de Mosaico estaba causada por condiciones medioambientales, Ivanovsky concluyó que había descubierto un virus invisible.

Es tal vez tentador el perdonar a los pioneros tempranos el que sus metodologías fuesen simples prácticas típicas de aquella era. Sin embargo, Claude Bernard, crítico de la teoría del germen ofreció la siguiente visión sobre la importancia de los controles cuando se sigue el método científico décadas antes en 1865: “Si efectivamente caracterizamos experimento como una variación o trastorno llevado a un fenómeno, sólo lo es en la medida en que damos a entender que el trastorno ha de ser comparado con el estado normal. Como los experimentos sólo son, efectivamente, juicios, necesariamente requieren comparación entre dos cosas; y el elemento activo o intencionado en un experimento es realmente la comparación que la mente se propone hacer”.[44] Bernard estaba aconsejando la necesidad de tener un control válido, o alguna comparación adecuada para asegurar que era tan sólo el nuevo elemento experimental lo que estaba causando un resultado. Así, lo más caritativos que podríamos ser es sugerir que tal vez algunos de los cazadores de virus tempranos no eran conscientes de la importancia del método científico en su entusiasta y desenfrenada persecución de enemigos invisibles.

Moviéndonos adelante a otro temprano descubrimiento de otro virus reivindicado, el libro de texto *Retroviruses* nos informa de que “en 1911, Peyton Rous, en el Rockefeller Institute en Nueva York reportó la transmisión libre de células de sarcoma en gallinas… El virus aislado por Rous porta el nombre de su descubridor: virus del sarcoma de Rous”[45]. Sin embargo, una revisión del artículo de Rous, “A Sarcoma of the Fowl”[46][Un Sarcoma del Ave de Corral], revela que él nunca afirmó haber aislado nada, menos todavía algo que satisficiese la definición de un virus. Su metodología involucraba machacar material de tumor de gallina, filtrarlo, e inyectarlo directamente a otras gallinas con la observación de que algunas de ellas también desarrollaban tumores. Reportó que los experimentos “de control” consistían en inyectar material de tumor *no filtrado* a gallinas, lo cual tendía a resultar en tumores mucho más grandes. Rous postuló la presencia de un organismo causativo ultramicroscópico pero concedió que “un agente de otra clase no es descartable”. En efecto, el experimento falló en proporcionar cualquier evidencia de una partícula replicante e infecciosa. Solamente mostró que tejido enfermo introducido por una ruta invasiva y antinatural a otro animal podría causarle a exhibir un proceso de enfermedad similar.

La afirmación de que en 1925 el patólogo William Gye demostró que Rous había encontrado un virus también es falsa. Él simplemente aseveró que un

[40] Mark Bailey y John Bevan-Smith, “The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey

virus estaba acutuando en estos experimentos y de forma llamativa declaró: “Deseo particularmente enfatizar un aspecto de la búsqueda de virus invisibles, y este es que el test en animales es la prueba final de la presencia del organismo en un inóculo”[47]. De nuevo, la “prueba final” no involucraba la identificación en sí de un organismo en el inóculo, simplemente demostraba la formación de tumor siguiendo a la inyección de tejido enfermo. Es más, en 1927 se determinó que el sarcoma del ave de corral podía ser inducido por la inyección de ácido arsénico diluido y pulpa embriónica [extraña][48]. Los efectos cancerígenos también fueron replicados siguiendo la filtración bacteriológica equivalente a la que Rous llevó a cabo, y se mostró que la enfermedad procedía de los tejidos [extraños], no de los tejidos del anfitrión. La hipótesis viral debería haber sido desechada, pero medio siglo más tarde el establishment la mantenía viva y premió a Rous con un premio Nobel en 1966 por “su descubrimiento de virus causantes de tumores”.[49]

En 1954, cuando John Enders y Thomas Peebles alegaron que habían propagado el virus del sarampión en células de riñón humano y de mono[50], no debería haberse concedido tolerancia adicional a los experimentos no científicos de la virología. Enders y Peebles añadieron lavados de garganta y sangre a sus cultivos de células y al observar ECPs, o células muriendo y descomponiéndose en sus tubos de ensayo, concluyeron que las apariencias *in vitro,* “podrían estar asociadas con el virus del sarampión”. Advirtieron de que “los efectos citopáticos que se asemejan superficialmente a aquellos resultantes de la infección por agentes del sarampión posiblemente podrían estar inducidos por otros agentes víricos o por factores desconocidos”, pero continuaron para concluir inapropiadamente que “este grupo de agentes está compuesto de representativos de la especie viral responsable del sarampión”[51]. Enders y Peebles no llevaron a cabo experimento de control alguno para comprobar si el procedimiento de cultivo mismo, esto es, el estrés de las células en un tubo de ensayo, produciría los mismos ECPs, invalidando así la evidencia para su conclusión.

Idealmente, varios experimentos de control deberían haberse realizado: algunos sin muestras no humanas añadidas, algunos con muestras derivadas de humanos de sujetos sanos, y algunos con muestras humanas de sujetos enfermos, pero de los que no se dijese tener sarampión clínico o alguna otra presunta condición “vírica”.

Los virólogos, sin embargo, han continuado repitiendo la metodología sin controles de Enders y a día de hoy afirman que tales ECPs son evidencia incontestable de virus. El Dr. Stefan Lanka ha documentado la historia de estas prácticas no científicas[52], y en 2021 demostró que los ECPs podían ser inducidos en cultivo de células por el proceso de laboratorio mismo[53]. Los resultados de los experimentos de Lanka se muestran en la Figura 2. En muchas publicaciones de virología un control o “infectado falso” es

[41] Karl Popper, *The Open Society and its Enemies: Volume II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx and the Aftermath* (London: Routledge & Kegan Paul (1962, publicado por primera vez 1947), 260.

[42] Dmitri Ivanovsky, “Über die Mosaikkranheit der Tabakspflanze”, *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten*, Vol.13, No. 1, 1903, 1-41.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

mencionado, pero los detalles de tales experimentos son llamativos por su ausencia. Una página web de Northwestern University, en Illinois, declara que infectado falso significa “un control usado en experimentos de infección. Se usan dos especímenes, uno que es infectado con el virus/vector

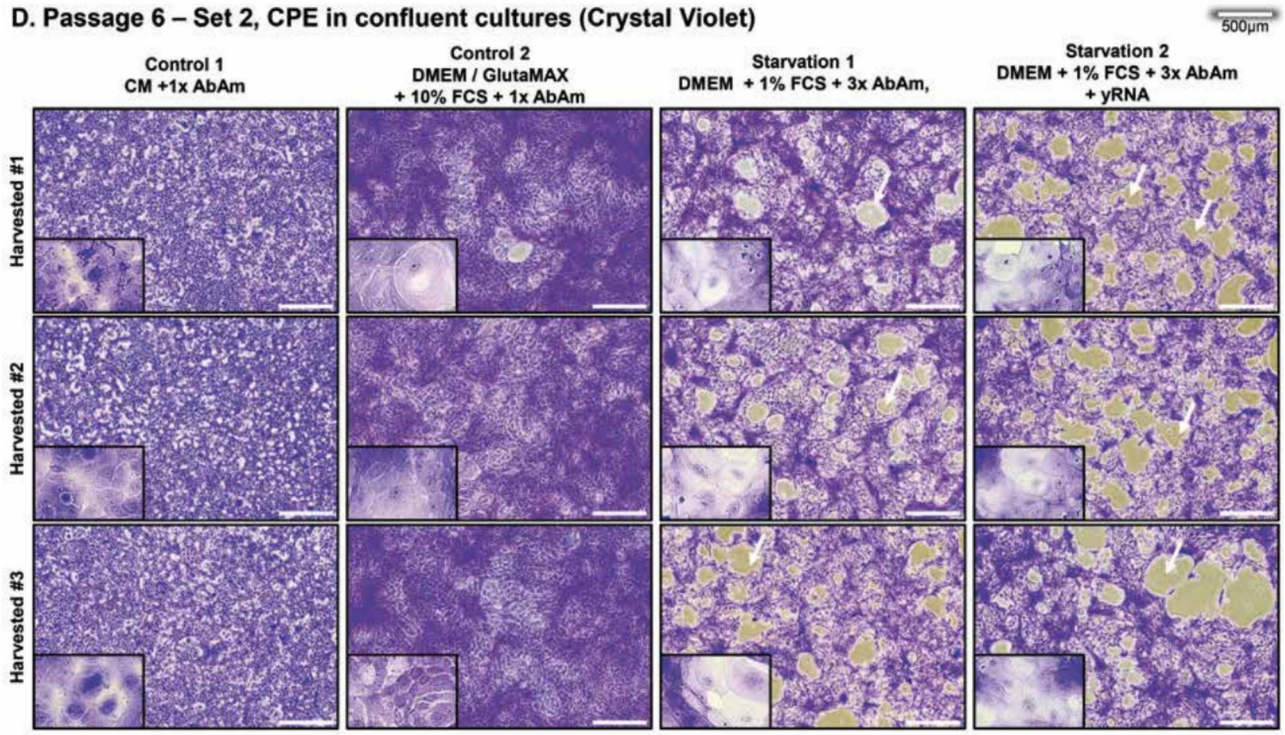


Figura 2. Experimentos del doctor Stefan Lanka: ECPs (flechas blancas) fueron inducidos con antibióticos y passaging. La añadidura de ARN de levadura (4ª columna indujo todavía más ECPs. No se añadieron “virus” y los experimentos fueron realizados en triplicado. Fuente: Stefan Lanka et al., “Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die Reaktion primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikations – Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2”, 25 de marzo de 2022: https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment

de interés y el otro es tratado de la misma manera pero sin el virus”.[54] La definición ya es problemática, pues términos como “virus” e “infectado” han sido introducidos, y por lo tanto presumidos como existentes antes de haber sido establecidos. En cualquier caso, como resultará claro más tarde, aquellos involucrados en presunto aislamiento de virus y creación de genoma ciertamente no están tratando el espécimen de falso infectado de la misma

[43] Ibid.

[44] Claude Bernard, *An Introduction to the Study of Experimental Medicine*, 1865, traducido por Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

[45] *Retroviruses*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1997.

[46] Peyton Rous, “A Sarcoma of tje Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells”, *J Exp Med*, 1 Abr 2022: https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

forma menos el “virus”, y pueden ser deshonestos o descaradamente obstructivos cuando se les presiona a admitir este hecho.

En junio de 2022, en respuesta a una petición de Acto de Información Oficial (OIA [por sus siglas en inglés]) concerniendo al artículo “Caracterización de los Primeros Aislados de SARS-CoV-2 de Aotearoa, Nueva Zelanda como parte de una Respuesta Rápida a la Pandemia de COVID-19”[55], la University of Otago declaró: “el artículo publicado por el profesor Quiñones-Mateu y colegas era un artículo descriptivo… Esto significa que no había hipótesis que probar o refutar”[56]. La respuesta, en pocas palabras, resumió, tal vez involuntariamente el estado más amplio de las cosas en la virología. En 2008 la revista *Infection and Immunity* incluía un comentario invitado titulado “Ciencia Desc riptiva” que explicaba por qué “la investigación descriptiva por sí misma rara vez es concluyente” y podría simplemente servir como punto de partida para orientar investigaciones posteriores[57]. Los autores señalaron que “la microbiología y la inmunología ahora son ciencias experimentales y consecuentemente, los investigadores pueden ir más allá de simplemente describir observaciones para formular hipótesis y después realizar experimentos requeridos, aparentemente para no refutarse a sí mismos. Se limita intencionadamente a sí misma a continuas y oportunistas expediciones de pesca apoyadas por el sesgo de confirmación, descalificándose así del método científico debido a su inconsistencia con el enfoque falsificable y basado en hipótesis descrito por Popper.

El autor ha escrito previamente en un epílogo derivado del libro de A.F. Chalmers *What is this thing called Science?* Que uno de los problemas centrales con la virología fue que se inventó a sí misma como campo antes de establecer si los virus realmente existían. Ha estado tratando de justificarse a sí misma desde su concepción:

> *En esta instancia, una partícula de virus no fue observada primero y subsecuentemente la teoría y patología viral se desarrollaron. Los científicos de mediados y finales del siglo diecinueve se preocuparon con la identificación de entidades patogénicas contagiosas imaginadas. Las observaciones del inductor ingenuo no identificaron un virus* a priori*, y entonces se puso a estudiar sus propiedades y características. La presuposición todavía existente de los tiempos era que existía una partícula de germen muy pequeña que podría explicar*

[47] William Gye, “Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer”, *BMJ*, 1 Ago 1925: https://www.istor.org/stable/25445900

[48] A. W. M. White, “A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp”, *The Journal of Cancer Research*, 1 Mar 1927: https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic

[49] “The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1966”: https://www.nobelprize.org./prizes/medicine/1966/summary/

[50] John Enders y William Peebles, “Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles”, *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (recibido el 16 May 1954), 277-286.

[51] Ibid.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

el contagio. Lo que vino después surgió para cumplir la premisa presuposicional.[58]

Porque la teoría científica exige evidencia que haya sido repetidamente probada y corroborada en concordancia con el método científico, está claro que "los virus" nunca llegaron siquiera a la etapa de una teoría.[59] De acuerdo a la ciencia, siguen siendo mera especulación.

LA FALTA DE CONTROLES DE LA VIROLOGÍA SIGNIFICA QUE NO ES UN COMETIDO CIENTÍFICO

Las peticiones OIA han revelado que el New Zealand's Institute of Environmental Science and Research (ESR) [Instituto de Ciencia e Investigación Medioambiental de Nueva Zelanda], que ha declarado el aislamiento y secuenciación genómica de la partícula SARS-CoV-2 en las Antípodas, también son culpables de fracaso en la realización de controles válidos.[60] En la tradición de Enders, no han parado a comprobar si los ECPs de los que habían sido testigos, o genomas que habían ensamblado via simulaciones de ordenador, podrían también haber sido creadas en comparaciones de control válidas. Eso es, realizando experimentos con otros especímenes derivados de humanos, tanto de sujetos sanos como de sujetos enfermos de los que no se diga haber contraído la presunta enfermedad COVID-19. En lugar de eso, el ESR describió su insuficiente "control negativo" en el cual "el matraz se somete a las mismas condiciones que los matraces usados para cultivo viral, pero sólo usamos medios de Infección".

El director de orquesta en estas actividades anti-científicas es la OMS. Es muy revelador que en su documento de 94 páginas "Secuenciación genómica del SARS-CoV-2" haya cuatro meras líneas que hablan de "muestras de control":

6.4.2 Muestras de control

Muestras de control negativas, como tampón o agua, deberían ir siempre incluidas en cualquier ejecución de secuenciación que contenga muestras múltiples. Deberían ser incluidas en la etapa más temprana posible y debería procederse con muestras a través de todas las etapas del proceso de secuenciación. Esto es extremadamente importante para descartar contaminación durante una ejecución de secuenciación que ocurra en el laboratorio o durante el procesamiento bioinformático.
Las muestras de control positivo con secuencias genéticas conocidas pueden ser útiles para validar procesos bioinformáticos adaptados o

[52] Stefan Lanka, "The Virus Misconception, *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 01/2020, 4.

[53] Dean Braus, "CPE – Control Experiment – 21 April 2021 – English version": https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

nuevamente adoptados para llamada al consenso, pero no necesitan estar incluidas en cada ejecución de secuenciación.[61]

Sin embargo, ni uno ni otro de estos controles son suficientes para validar los "genomas" que los virólogos están produciendo a través de estas técnicas porque sólo pueden servir para calibrar el proceso. Como se ha hecho aparente, la OMS no puede señalar a un experimento de control positivo, y aun así el 11 de febrero de 2020 habían llamado a la nueva enfermedad que habían inventado "COVID-19" con la asociada afirmación de que estaba causada por un coronavirus novel.[62] Habían proporcionado luz verde para cualquiera alrededor del mundo para "encontrar" SARS-CoV-2 en sus jardines también sin necesidad de controles válidos. Aun así, hay una clara necesidad de controles comparativos donde muestras de pacientes similares, pero sin el pr esunto virus, sean procesadas de la misma manera para que sólo una variable esté siendo testada. Comparar los resultados de una muestra de la que se dice contener el virus con uno de los controles negativos descritos por el anterior documento de la OMS no puede validar el proceso ya que las últimas muestras contienen la sopa genética que es parte de las primeras. En cualquier caso, incluso en sus propios términos, el control negativo al que se refiere la ESR en Nueva Zelanda es incapaz de proporcionar validación de la metodología que están usando para crear estos genomas de virus, porque como declara la OMS, es simplemente un chequeo de contaminación de precaución.

Con todos los fracasos para cultivar virus, la virología moderna favorece ahora metagenómica[63] directa de muestras crudas, a menudo con secuenciación de escopeta[64] y el subsecuente ensamblaje artificial de estos fragmentos genéticos para crear nuevos "virus" *in silico*[65] de la nada. Esta invención entonces proporciona a otros cazadores de virus con paneles de cebador[66] PCR prediseñados para que ellos puedan también descubrir las mismas secuencias y afirmar que es el mismo virus. ESR estuvieron involucrados en una publicación en la que proclamaron el descubrimiento de SARS-CoV-2 en nueve sujetos a través de esta metodología.[67] Se les pidió por parte de mi colega que proporcionasen "todos los detalles del grupo de control que fue usado al comparar los resultados de la secuenciación", pero en lugar de responder a la pregunta, el ESR dio una excusa sobre no involucrarse en la "generación de nuevos datos", y proporcionaron algunos enlaces a proyectos de secuenciación de SARS-CoV-2.[68] Si el ESR estuviese usando tales protocolos, como se detalla en la página protocol.io, entonces podemos ver que están aprobando controles

[54] Northwestern University, Illinois, definición de "falso infectado": https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html

[55] Rhodri Harfoot, et al., "Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic", *Viruses*, 10 Feb 2022: https://doi.org/10.3390/v14020366

[56] Carta de Kelsey Kennard, University of Otago, "Official information request for information regarding the paper 'Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic", 22 Jun 2022.

[57] Arturo Casadevall y Ferric Fang, "Descriptive Science", *Infection and Immunity*, 14 Jul 2008: https://doi.org/10.1128/iai.00743-08

Copyright © 2022 Mark Bailey

insuficientes que son descritos como “un control negativo de agua libre de nucleasas, aunque un opcional “control positivo puede ser también incluido que podrá ser un constructo sintético ARN o una muestra clínica de alto contenido que puede ser diluida”.[69] Una vez más, estos tipos de controles sólo pueden servir como técnicas de calibración de proceso, no la validación o la significancia clínica de ningún “genoma” que ensamblen.

A pesar de los recursos que tienen a su disposición, el ESR no cree aparentemente en la necesidad de comprobar por sí mismos si el SARS-CoV-2 puede ser mostrado de existir. En julio de 2022, en respuesta a una OIA declararon que “ESR no ha realizado ningún experimento para probar científicamente la existencia del virus SARS-CoV-2 y por lo tanto no puede proporcionarle ningún documento”.[70] El 17 de agosto de 2022 en respuesta a otra petición, admitieron que “ESR no ha llevado a cabo ningún experimento para probar que [el] virus SARS-CoV-2 causa COVID-19 y por lo tanto no puede proporcionarle ningún documento”.[71] Nadie más ha realizado tampoco estos requeridos experimentos científicos.

ABUSO ANIMAL Y ESTUDIOS DE “ANTICUERPOS”

Con la incapacidad de demostrar el aislamiento físico de una partícula causante de enfermedad que cumpla la definición de un virus, los virólogos se han involucrado en experimentos con animales para convencer a los no iniciados de que tales partículas patogénicas existen. El sello de estas publicaciones es que carecen de controles válidos, así que incluso sobre la premisa sin establecer de que están manejando “virus”, revelan otro aspecto de la anti-ciencia de la virología. Un ejemplo ilustrativo fue el artículo “Patogénesis comparativa de COVID-19, MERS y SARS en un modelo de primate no-humano”, publicado en mayo de 2020 por un equipo que incluía a Christian Drosten y a Ron Fouchier.[72] El sinsentido de lo que fue publicado en *Science* puede resumirse como sigue:

1. Los ocho monos cynomolgus en los experimentos fueron “inoculados con SARS-CoV-2 bajo anestesia a través de una combinación de rutas intratráquea (4.5 ml) e intranasal (0.25 ml por fosa nasal)…”[73]- Esta no es una ruta de exposición natural y 4.5 ml vertidos dentro de los pulmones de un mono pequeño (3.5 – 5.0 kg) es equivalente a verter alrededor de 80 ml (⅓ de taza) de material biológico extraño en los pulmones de un ser humano, mientras están dormidos. Este volumen de material es suficiente por sí solo de causar daño e inflamación en el tejido del pulmón.

[58] Mark Bailey, “Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists… Again”, 25 Jul 2022: https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/

[59] Ibid.

[60] Mark Bailey, “Fact-check: New Zealand can’t find the ‘SARS-CoV-2 virus’”, 12 Feb 2022: https://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/

Copyright © 2022 Mark Bailey

2. El inóculo vertido en sus pulmones estaba hecho de “aislado SARS-CoV-2 BetaCoV/Munich/BavPat1/2020) obtenido en un caso clínico en Alemania” y, “el virus fue propagado al pasaje tres sobre células Vero E6 en Opti-MEM I (1x) + GlutaMAZ (Gibco), suplementado con penicilina (10.000 IU/mL) y estreptomicina (10.000 IU/mL)”.- Han aseverado que tienen un aislado viral cuando ni ellos ni su proveedor[74] han demostrado la existencia de un virus en la muestra. Todo lo que se puede decir es que la muestra contiene material biológico extraño del espécimen clínico derivado de humano y células de riñón de mono, en añadidura a productos de desgaste celular y dos antibióticos.

3. “No se observaron signos clínicos abiertos en ninguno de los animale s infectados, excepto una secreción nasal serosa en un animal viejo el día 14 post inoculación (p.i.). No se observó pérdida de peso significativa durante el estudio”. - En otras palabras, a pesar de la entrada directa a los pulmones con lo que afirmaban era el virus SARS-CoV-2, no puso a ninguno de los monos visiblemente enfermo.

4. “Por el día 14 p.i., todos los animales restantes seroconvertían como se revela por la presencia de anticuerpos específicos al SARS-CoV-2 contra las proteínas del virus nucleocápside y de dominio S1 en sus sueros”. - Las proteínas S1 y nucleocápside no han sido mostradas como de origen viral independientemente de si inducen la detección (a través de un ensayo *in vitro*) de otras proteínas bautizadas “anticuerpos” en un anfitrión. Los virólogos emplean una vez más razonamiento circular para afirmar que la detección de un anticuerpo prueba la existencia de un virus porque el anticuerpo es declarado ser específico al presunto virus.

5. “Como medición de secreción de virus, se analizaron frotis nasales, faríngeos y rectales para detectar el virus por reacción en cadena de polimerasa de transcripción cuantitativa revertida (RT-qPCR)…” - No había “secreción de virus”, simplemente había detección de las mismas secuencias que se habían vertido recientemente en los tractos respiratorios de los monos. Estas secuencias de ácido nucleico extrañas desaparecieron sin sorpresa de los

---

[61] Organización Mundial de la Salud, “Genomic sequencing of SARS-CoV-2- A guide to implementation for maximum impact on public health”, 8 Ene 2021.

[62] “WHO Director-General’s remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020”, WHO, 11 Feb 2020: https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020

[63] “La metagenómica es el estudio de la estructura y función de secuencias enteras de nucleótidos aisladas y analizadas de todos los organismos (típicamente microbios) en una muestra global. La metagenómica a menudo se usa para estudiar una comunidad específica de microorganismos, como aquellos que residen en la piel humana, en la tierra o en una muestra de agua.” - NIH National Human Genome Research Institute, “Metagenomics”: https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics (accedido el 27 Abr 2022). Es una metodología ilegítima cuando es usada por virólogos ya que ninguna de las secuencias que se obtienen y se declaran “virales” han sido demostradas de proceder de un virus en ningún momento, como este ensayo detallará.

[64] La secuenciación en escopeta es un método que fragmenta aleatoriamente el ADN en una muestra en segmentos cortos, por ejemplo 150 pares base en longitud. Estos fragmentos cortos son secuenciados para obtener “lecturas”. A partir de este punto el proceso depende de software de ensamblaje de secuencias para ordenar las lecturas solapadas en “cóntigos”.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

cuerpos de los monos en los siguientes días a través de mecanismos de limpieza natural.

6. “ARN del SARS-CoV-2 sólo fue detectado en un frotis rectal de un animal el día 14 p.i., y ningún ARN viral se detectó en sangre entera en ningún momento durante todo el estudio”. - De nuevo esto indica que sólo estaban encontrando el material genético introducido en los lugares en los que lo habían introducido. El único frotis rectal positivo podría haber sido un falso positivo, o el mono podría haber tragado algo del material biológico introducido). Ni en un solo caso pudieron demostrar que el postulado “virus” tuviese características invasivas en absoluto.
7. Se mató a cuatro de los monos y se les hizo autopsia 4 días tras la inoculación con la sopa biológica externa. Se reportó que dos de los cuatro tenían pequeños focos de consolidación en sus pulm ones, y los autores declararon que “la principal lesión histiológica en los tejidos pulmonares consolidados tanto de animales jóvenes y viejos tenía que ver con los alveolos y bronquiolos y consistía de áreas con DAD [daño alveolar difuso] agudo o más avanzado”. Las características histiológicas fueron aseveradas como características del “SARS-CoV-2”- Véase la Figura 3 más abajo para una explicación de por qué estas afirmaciones carecen completamente de fundamento.

8. “Expresión de antígenos de SARS-CoV-2 fue detectada en números moderados de neumocitos tipo I y unos pocos neumocitos tipo II dentro de focos de DAD”. - Esto fue afirmado a través de una técnica inmunohistoquímica (IHQ) de manchado que estaba basada en “un anticuerpo policlonal de conejo contra nucleoproteína-SARS-CoV (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA).” Desafortunadamente para ellos el proveedor de este producto declara, “las aplicaciones de IHC, FCM, IF, IP et al. no han sido validadas. (Aplicaciones de los anticuerpos no han sido validadas con las correspondientes muestras positivas de virus)”.[75] En cualquier caso, este ejemplo puede ser utilizado para exponer la falacia más amplia en lo concerniente a anticuerpos como “evidencia” de virus. Sino Biological declara que los anticuerpos fueron el resultado de inyectar su producto “Proteína Nucleocápside SARS-CoV(His

[65] “In or on a computer: done or produced by using computer software or simulation.”: https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico

[66] Example for SARS-CoV-2: “xGen™ SARS-CoV-2 Amplicon Panels”: https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel

[67] Nick Eichler, et al., “Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 during border quarantine and air travel, New Zealand (Aotearoa), *Emerg Infect Dis.*, May 2021: https://doi.org/10.3201/eid2705.210514

[68] (Carta del ESR, ‘Official Information Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514’, 25 Mar 2022.)

[69] protocols.io, “nCoV-2019 sequencing protocol v3 (LoCost) V.3”: https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1 (accedido el 28 Mar 2022)

[70] (Carta del ESR, ‘Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence’, 19 Jul 2022.)

[71] Carta del ESR, ‘Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation’, 17 Aug 2022: https://mega.nz/file

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Tag)”[76] a conejos. Esta proteína nucleocápside fue a su vez producida de “una secuencia de ADN codificando la nucleoproteína SARS-CoV (aislado:Tor2)”. Veremos en la página 30 que la secuencia “Tor2” fue uno de las dos plantillas *in silico* usadas por Fan Wu et al. para inventar el SARS-CoV-2, otro modelo *in silico*. En resumen, incurre en más razonamientos circulares: ninguna proteína se ha mostrado proceder de un virus, incluyendo la proteína nucleocápside en este caso. Simplemente se aseveró que habían inyectado proteínas “virales” a animales y en respuesta los animales produjeron otras proteínas que se afirmó eran “anticuerpos”. Sin embargo no se mostró ni que existiese un virus, ni se requería que existiese para este tipo de ejercicio. (Como otro ejemplo, la generación de “anticuerpos VIH en el 100% de voluntarios sanos de la University of Queensland destaca embarazosamente para aquellos que promulgan tanto la industria de los anticuerpos como la del VIH.[77])

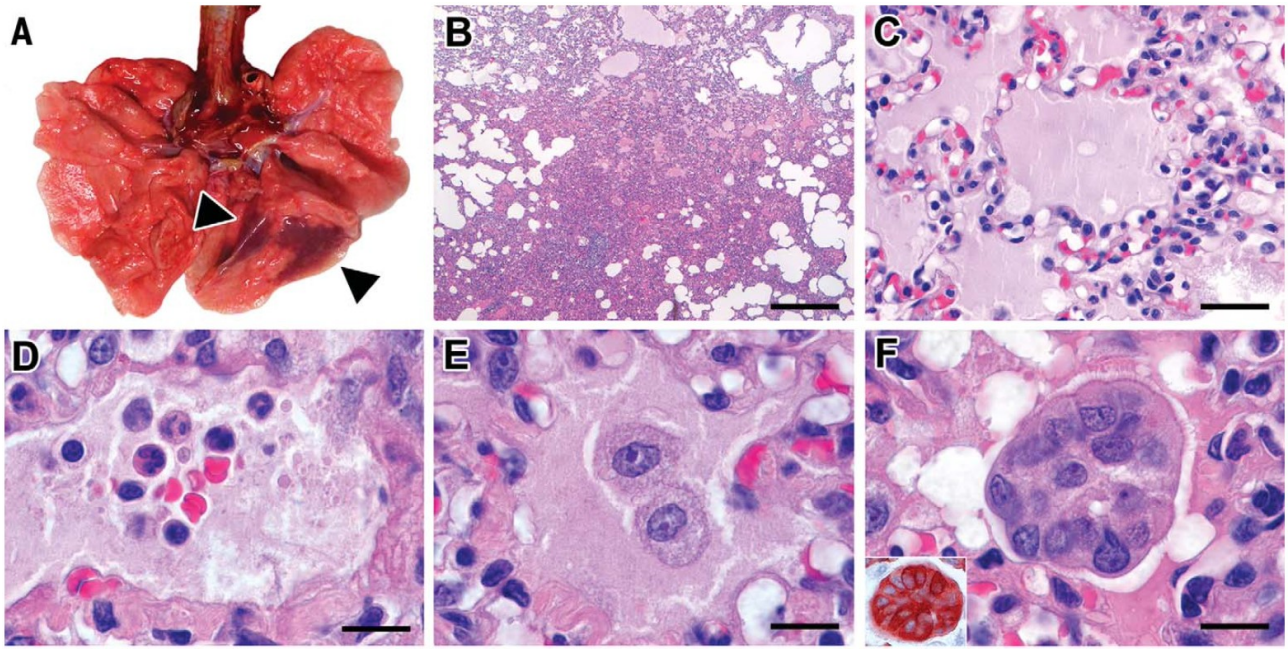


Figura 3. Algunas de las imágenes presentadas en el artículo “Patogénesis comparativa de COVID-19, MERS y SARS en un modelo de primate no humano”, y de las que se afirma que son “cambios patológicos característicos” del SARS-CoV-2. Los cambios en los pulmones en (A)-(C) son consistentes con neumonitis, causada por verter un líquido que contenía material biológico extraño directamente a la tráquea del mono mientras estaba anestesiado. Los cambios histiológicos (D)-(F) simplemente representan células inflamatorias como macrófagos y neutrófilos como sería de esperar en tal neumonitis infligida. No se realizaron experimentos de control.

[72] Barry Rockx, et al., “Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model”, *Science*, 29 May 2020: https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314

[73] Ibid, material suplementario.

[74] European Virus Archive Global, “Human 2019-nCoV Isolate”: https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Sin embargo, el aspecto más defectuoso del experimento animal era que no seguía el método científico, pues carecía de controles. Eso es, un grupo comparable de monos no fue sometido a un asalto interno con la misma composición y volumen de sopa biológica *sans* el presunto "virus", siendo vertida directamente a sus pulmones. Para ser claro, el autor no aprueba un experimento tal, ya que es un procedimiento cruel que no tiene nada que ver con rutas naturales de exposición – es simplemente para señalar el concepto de un experimento adecuadamente cont rolado. Desafortunadamente, tales metodologías acientíficas se replican tristemente en todos los estudios animales del estilo que han sido revisados. Ni uno de ellos demuestra: (a) un método natural de exposición utilizando las muestras de las que se afirma contienen virus, (b) falsas infecciones válidas (por ejemplo, el engañoso uso de sólo solución salina tamponada con fosfato o (c) transmisión de *enfermedad* de animal a animal. Esto es, por supuesto, en añadidura al problema fundacional de que ninguno de los estudios muestra la existencia de hecho de una partícula infecciosa que están pretendiendo testar.

Adicionalmente, si los "virus" son tan infecciosos, ¿por qué no simplemente pulverizar una muestra en las jaulas de los animales para que lo inhalen? Una vez más, tales experimentos son evitados de manera que los virólogos no se refuten a sí mismos en lo que concierne a las afirmaciones de contagio que involucran a las imaginadas partículas.

LA PARADOJA DE LA CANTIDAD DE VIRUS

Se nos conduce a creer que dentro de un anfitrión como un humano, las partículas virales se producen en números tan grandes que pueden romper las mismas células que las contienen, mientras al mismo tiempo están presentes en números tan diminutos que los virólogos dicen que no pueden ser vistas en ningún espécimen de pacientes. Aparentemente, en lo concerniente a la presunta partícula SARS-CoV-2 se ha calculado que "un estornudo de un paciente de COVID-19 contiene 200 millones de virus".[78] Sin embargo, si obtenemos una muestra (físicamente más grande) directamente de la nariz o los pulmones de un sujeto, se encuentran precisamente ninguno. Para encubrir este incómodo problema, los virólogos han recurrido a ofrecer "evidencia" indirecta a través de cultivos de tejido en un intento de sacar el virus perdido del sombrero. Como bosquejamos en *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* [El Fraude de COVID-19 y la Guerra contra la Humanidad], esto involucra la segunda parte del doble engaño de la virología, que es "la sustitución del falso proxy de inducir efectos citopáticos (ECPs) mediante la inoculación de líneas de células típicamente anormales *in vitro* por el proxy postulado de infectar un anfitrión sano o sin enfermedad *in vivo* para establecer causalidad entre el pretendido patógeno y la enfermedad".[79] ¿Así que se supone que nos tenemos que creer que el tracto respiratorio humano, que está revestido con las presuntas células anfitrión perfectas, no produce suficientes virus para ser

[75] "SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid Antibody, Rabbit PAb, Antigen Affinity Purified", Sino Biological: https://www.sinobiological.com/antibodies/cov-nucleocapsid-40143-t62

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

vistos por ellos, pero un experimento de tubo de ensayo involucrando tejido de una especie y tipo de célula diferentes, sí?

Por la definición de la virología, las partículas hipotetizadas son pasivas y no producen desperdicios, así que es por tanto un misterio cómo infligen mala salud en un anfitrión humano. Pfizer sugirió al lego que "el sistema inmune reacciona a la herida de estas células corporales mediante un aumento de las revoluciones", pero no citaron ninguna evidencia científica para esta imaginativa afirmación.[80] La 4ª edición de *Medical Microbiology* se aventuró más allá y declaró que:

> *Daño directo y muerte de la célula por infección vírica* ***podría*** *resultar por (1) desviación de la energía de la célula, (2) corte de la síntesis macromolecular de la célula, (3) competición de ARNm viral por ribosomas celulares, (4) competición de promotores virales y potenciadores transcripcionales por factores transcripcionales de la célula como polimerasas ARN, e inhibición de los mecanismos de defensa de interferones. Daño de células indirecto puede resultar de la integración del genoma humano, inducción de mutaciones en el genoma anfitrión, inflamación, y la respuesta inmune del anfitrión.*[81] [Mi énfasis]

Esencialmente, los virólogos han ofrecido múltiples mecanismos patogénicos *hipotéticos* para una partícula hipotetizada de existir en un organismo como un ser humano. Y de nuevo, incluso si estos mecanismos especulativos estuviesen en acción, se requeriría que números *enormes* de células estuviesen afectadas para producir síntomas. Pero números enormes de células resultarían en cantidades astronómicas de partículas virales saliendo de ellas – así que, ¿por qué nunca pueden ser encontradas ningunas partículas virales? La virología tiene la costumbre de desviar la atención de estos aspectos que plantean dudas sobre su modelo fantasmal.

P A R T E D O S

FAN WU ET AL: DEUS EX MACHINA

Estaban obligados a hacerlo, determinados a encontrar un virus como la causa para este tipo. Así que hicieron esta red de arrastre para todo este ARN, millones de pequeñas hebras de ARN en esta persona, usando tecnología que se llama metatranscriptómica. Y es una de estas cosas de genes... pueden mirar todo el ARN, todo el ADN, secuenciarlo, amplificarlo... Está impulsado por la tecnología, no por la ciencia... Y se les ocurrió una secuencia y entonces

---

[76] "SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)", Sino Biological: https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-cov-nucleocapsid-40143-v08b

77 Dr Sam Bailey, "Covid-19 Shots, Cancer and HIV", 14 Jul 2021: https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

decidieron que habían descubierto un "virus", aunque nunca habían tocado un virus en absoluto, y dijeron que esa era la causa de la neumonía de este tipo.
- Dr. David Rasnick, sobre el "descubrimiento" del SARS-CoV-2 por Fan Wu et al.[82]

En *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*[83] [El Fraude de COVID-19 y la Guerra contra la Humanidad] documentamos la invención del SARS-CoV-2 por el equipo de Fan Wu, quienes ensamblaron un "genoma" *in silico* a partir de fragmentos genéticos de procedencia desconocida, encontrados en los lavados pulmonares crudos de un único "caso" y lo documentaron en "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China"[84] [Un nuevo coronavirus asociado a enfermedad respiratoria humana en China]. Un análisis más detallado de este artículo es indicado, ya que se ilustra cómo la fraudulenta pandemia de COVID-19 fue creada por medio de un "genoma" inventado, a través de secuenciación metatranscriptómica profunda, que simplemente buscaba detectar todo el ARN en una muestra cruda, y cómo fue mal utilizada para inventar un patógeno inexistente. La afirmación de que cualquiera puede declarar "[ellos] identificaron una nueva cepa de virus ARN de la familia *Coronaviridae*, la cual es designada aquí 'coronavirus WH-Human 1'"[85] de un único sujeto humano diagnosticado con neumonía es absurda en sí misma. Los autores trataron de justificar esto afirmando, "aunque el aislamiento del virus de un único paciente no es suficiente para concluir que causó estos síntomas respiratorios, nuestros hallazgos han sido corroborados independientemente en más pacientes en un estudio por separado". En primer lugar, no hubo aislamiento físico de ningún virus, como será discutido en detalle más adelante. En segundo lugar, su afirmación de estar "corroborados independientemente" es una referencia al artículo de 2020 de Peng Zhou et al. - un artículo que no puede corroborar nada y cuyo fraude es discutido en la página 41. Todo lo que puede decirse es que si el razonamiento circular es empleado, entonces encontrar secuencias genéticas similares en más de una ocasión es visto como la confirmación de un virus. La base de datos GISAID es el cofre del tesoro de este disparate virológico y para agosto de 2022 tenía más de 12,8 millones de declaraciones de haber "encontrado" el SARS-CoV-2.[86] Sin embargo, ninguno de ellos puede señalar a un virus en sí, están simplemente gritando "bingo" al ensamblar secuencias similare s que han alineado con Fan Wu et al. y otros ensamblajes previos, sin virus real requerido.

También hay que señalar que aunque el autor no hace pronunciamiento sobre la *causa* de ningún caso de neumonía o síndromes respiratorios febriles agudos, la comunidad médica general reconoce que ningún "patógeno" es identificado en alrededor de la mitad de los casos.[87,88] Por tanto, ¿qué razón tenían Fan Wu et al. Para sospechar que su paciente estaba abrigando un virus nuevo? Aparentemente porque, "investigaciones epidemiológicas por el Wuhan Center for Disease Control and Prevention [Centro de Wuhan para el Control y

[78] "Number of the day: one sneeze of a COVID-19 patient contains 200 million viruses", *Новые известия*, 22 May 2020: https://en.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-patient-of-covid-19

79 Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity

Copyright © 2022 Mark Bailey

Prevencióon de Enfermedades] revelaron que el paciente trabajaba en un mercado local interior de marisco”[89] Parece una razón muy débil dado el hecho de que estos mercados húmedos son extremadamente comunes en China y que a pesar de las teorías de origen de murciélago, Fan Wu et al. reportaron “no había murciélagos disponibles para venta”.

En cualquier caso, obtuvieron algún fluido de lavado broncoalveolar (BALF [por sus siglas en inglés]) de su paciente y con este espécimen crudo reportaron que, “el ARN total fue extraído de 200µl de BALF”. Su sección de métodos detallaba cómo se había logrado esto, “usando el Rneasy Universal Mini Kit (Qiagen)”, es decir, a través de centrifugación en columna centrífuga. Afirmaron que “agotamiento del ARN ribosomal fue realizado durante la construcción de la biblioteca”, sin embargo, véase la página 43 respecto a por qué esto es dudoso, ya que continuaba habiendo una alta coincidencia para secuencias humanas de ARN. Procedieron entonces a secuenciar en escopeta el brebaje, empezando por fragmentación aleatoria del material genético a longitudes cortas con una media de 150 nucleótidos y conversión del ARN a ADN usando una enzima de transcriptasa inversa.[90] Se generaron 56.565.928 lecturas cortas de este tipo, y esta información fue introducida a Megahit y Trinity, plataformas de software para ensamblaje *de novo* basado en algoritmos. A través de Megahit, 384.096 cóntigos, o hipotéticas secuencias superpuestas fueron generadas y la más larga (30.474 nucleótidos) fue declarada como poseedora de una “identidad nucleótida del 89,1%” al SL-CoVZC45, otro constructo ficticio con el que se lidiará posteriormente. (Trinity generó más de 1.3 millones de cóntigos, pero el más largo era de sólo 11.769 nucleótidos – en otras palabras, no habrían encontrado el “genoma” si sólo hubiesen usado esta plataforma de software). La palabra virus aparece repentinamente cuando declaran, “la secuencia genómica de este virus, así como sus [termini], fueron determinados y confirmados por PCR de transcripción reversa”. Esto son malabarismos, pues la PCR simplemente amplifica secuencias pre-seleccionadas y no tiene capacidad de confirmar un genoma previamente desconocido. Como el experto en PCR Stephen Bustin ha explicado, “La PCR requiere que sepas cuál es la secuencia de tu objetivo… así que una vez que sabes que hay algo en tu muestra, entonces intentarías aislarlo, sí. Y entonces, una vez lo has aislado, entonces lo secuencias otra vez, o lo sometes a PCR”.[91] En otras palabras, la PCR por sí misma no puede identificar los orígenes de las secuencias, y la metodología de Fan Wu et al. No estableció el origen de sus secuencias descritas. Sin embargo, justo en la siguiente frase anuncian al mundo que, “esta cepa de virus fue designada como coronavirus WH-Human 1 (WHCV)”.

- Necesitamos pausar en este punto, ya que es donde el virus fraudulento, pronto a ser renombrado SARS-CoV-2, ***fue inventado de la nada.*** *Un virus*

[80] “How do Viruses Make us Sick?”, *Pfizer.com*: https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick (accedido el 20 May 2022).

81 Samuel Baron, et al., “Viral Pathogenesis” en *Medical Microbiology*, 4ª edición, 1996: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

que la OMS afirma, sin apoyo evidencial en absoluto, es el agente causativo del COVID-19.

Pues es este "genoma" el que fue presentado a GenBank el 5 de enero de 2020, el que fue agarrado por Drosten et al. Para ayudar a producir sus falsas secuencias de ensayo de protocolo PCR,[93] las cuales a su vez fueron publicadas con indecente celeridad por la OMS para ser usadas por todo el mundo, convirtiendo así a WH-Human 1 en el genoma de referencia del mundo para un pretendido patógeno. Es esta invención la que es responsable de todo un saco de trucos destructivos impuestos al mundo siguiendo al anuncio de pandemia por la OMS el 11 de marzo de 2020.[94]

Sin embargo, cualquiera prestando atención puede ver que no hay evidencia alguna de un virus en el artículo de Fan Wu et al. Se afirma que un virus es un parásito diminuto capaz de replicación y obligadamente intracelular, consistente de un genoma envuelto en una capa proteica: es una partícula infecciosa que causa enfermedad en un anfitrión. Todo lo que Fan Wu et al. tenían era un hombre de 41 años con neumonía y un modelo "genoma" ensamblado por software hecho de secuencias de origen no establecido encontradas en los lavados pulmonares del hombre. Para hacerlo parecer legítimo declararon, "la organización de genoma vírico de WHCV fue determinada por un alineamiento de secuencia de dos miembros representativos del género Betacoronavirus: un corona virus asociado con humanos (SARS-CoV Tor2, número de acceso de GenBank AY27419) y un coronavirus asociado a murciélagos (bat SL-CoVZC45, número de acceso de GenBank MG772933)". Estos pretendidos genomas también son simplemente constructos *in silico* que nunca han sido probados de existiren su totalidad en la naturaleza, menos todavía han sido mostrados como procedentes del interior de un virus. Por ejemplo, SL-CoVZC45 fue inventado en 2018 mediante el proceso de, "19 pares de iniciadores degenerados de PCR… diseñados por alineación múltiple de secuencias disponibles SARS-CoV y SL-CoV de murciélago depositadas en GenBank."[95]

Los genomas de virus se han convertido en lo que es posiblemente la mayor ilusión en virología, una ilusión que propaga una creencia de que los virus verdaderamente existen. Los virólogos mismos no parecen apreciar el defecto fatal en sus metodologías incluso cuando lo declaran ellos mismos:

---

[82] "Episode One: The Tragic Pseudoscience of SARS-CoV-2", *The Viral Delusion*, Paradigm Shift, 2022: https://paradigmshift.uscreen.io/

[83] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[84] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature*, 579, 265-269, 3 Feb 2020: https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3

[85] Ibid.

[86] GISAID: https://www.gisaid.org/ (accedido el 29 Ago 2022).

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

> *Tres métodos principales basados en HTS [secuenciación de alto rendimiento, en inglés "high-throughput sequencing"] se usan actualmente para secuenciación viral del genoma entero: secuenciación metagenómica, secuenciación* target enrichment *y secuenciación de amplicón, cada uno mostrando beneficios e inconvenientes (Houldcroft et al., 2017). En secuenciación metagenómica, el ADN total (y o ARN) de una muestra incluyendo al anfitrión pero también bacterias, virus y hongos, es extraída y secuenciada. Es un acercamiento simple y de bajo coste, y es el único acercamiento que no requiere secuencias de referencia. En su lugar, los otros dos enfoques HTS,* target enrichment *y secuenciación de amplicón, ambos dependen de información de referencia para diseñar señuelos o iniciadores. La limitación de la secuenciación metagenómica es que requiere una profundidad de secuenciación muy alta para obtener suficiente material de genoma vírico.*[96]

La limitación más importante con la secuenciación "vírica" es que el proceso mismo no determina la precedencia de los fragmentos genéticos, así que, ¿cómo puede ser usada para establecer la secuencia de un genoma previamente desconocido? Para mayor claridad, no estamos hablando acerca de situaciones donde la proceden cia de las secuencias pueden ser independientemente verificadas, por ejemplo, células bacterianas físicamente aisladas. De manera adicional, no tiene sentido declarar arbitrariamente que secuencias son virales por un proceso de eliminación, eso es, basado en el hecho de que no tengan una asociación conflictiva previa en las bases de datos genéticas. Ninguno de los virólogos está demostrando que las secuencias son de naturaleza viral cuando ensamblan la primera plantilla y declaran que han descubierto un virus patógeno. En ninguna etapa está ninguno de ellos purificando presuntas partículas víricas para probar su relación con las secuencias. Y aun así, el primer genoma *de novo* inventado se convierte en la piedra de toque con la que otros cazadores de virus alinearán sus propios genomas *in silico* o diseñarán protocolos PCR "confirmativos".

Hasta donde el autor es consciente, los virólogos no tienen ninguna técnica de laboratorio que pueda comprobar directamente si existe siquiera una hebra de ARN completa de 30 kilobases en cualquiera de sus muestras. La tecnología existente de electroforesis en gel de campos pulsados sólo puede diferenciar de forma fiable hebras de ADN de este tamaño.[97] En cualquier caso, estas simulaciones continúan siendo una distracción porque incluso en el evento de

[87] Catia Cilloniz, et al., "Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns", *Int. J. Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 16 Dic 2016

[88] Gao Liu, et al., "Viral and Bacterial Etiology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among Patients in Qinghai, China", *Biomed Environ Sci*, Jun 2019: https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058

[89] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature*, 579, 265-269, 3 Feb 2020: https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3

90 Illumina, "RNA Sequencing Methods Collection", 2017: https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

que la existencia física de un genoma *in silico* de SARS-CoV-2 – una secuencia completa ARN de 30 kilobases – pueda ser mostrada como existente en la naturaleza, los virólogos todavía tendrían abundancia de trabajo que hacer. Antes de nada, tendrían que demostrar que esta secuencia pertenece a una partícula capaz de replicación *causante de enfermedad* que puede poner mala a una persona, y no sólo afirmar que lo hace.

A este respecto, el autor tuvo un intercambio por email con un biólogo evolucionista del Wellcome Sanger Institute, quien sugirió que la secuenciación ARN de larga lectura (en contraste a sólo secuenciación de escopeta) proporcionaba las pruebas necesarias de la existencia del "SARS-CoV-2".[98] Se refería a una publicación de abril de 2022 referente a secuenciaciń ARN a través de lecturas largas de Oxford Nanopore Technologies (ONT),[99] afirmando que confirmaba la validez de los genomas de "virus" que se habían construido previamente a través de secuenciación en escopeta. El estudio propuesto describía un experimento que comparaba las respuestas entre distintas líneas celulares "infectadas por SARS-CoV-2" y "falsamente infectadas". Se alegó que las células experimentales fueron "infectadas con virus de Australia SARS-CoV-2 (Australia/VIC01/2020, NCBI:MT007544.1)" – afirmado por el autor Leon Caly et al. de ser un "aislado"[100], cuando el aislamiento de un virus nunca fue demostrado, como se explica en la Figura 4 más abajo, y como señalamos en *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*.[101] Por eso, el argumento del biólogo evolucionista dependía del producto fraudulento de un experimento fraudulento siendo comparado con una "falsa infección", donde el primero es invalidado por la declaración engañosa de "aislamiento de virus", y la última se invalida a sí misma, ya que los virólogos han cambiado la definición para permitir que otras variables sean alteradas. Obtener lecturas más largas no cambia estos problemas estructurales. El biólogo evolucionista estaba aseverando

[91] *Planet Waves FM* con Eric F. Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/ , transcript by Joshua Halinen: https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf

[92] Zhang, et al., "Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1", presentado el 5 Ene 2020: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1

[93] Victor Corman and Christian Drosten, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Ene 2020: https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045. Además de GenBank: MN908947.1, que fue hecho públicamente accesible en virological.org (https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319), Drosten, et al. también emplearon "otros cuatro genomas depositados el 12 de enero en la base de datos de secuencia viral comisariada por la Iniciativa Global en Compartir Todos los Datos de Influenza (GISAID [por sus siglas en inglés])", al diseñar sus protocolos PCR.

94 OMS, "WHO Director-General's Opening remarks at the media briefing on COVID-19 March 2020", 11 Mar 2020.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

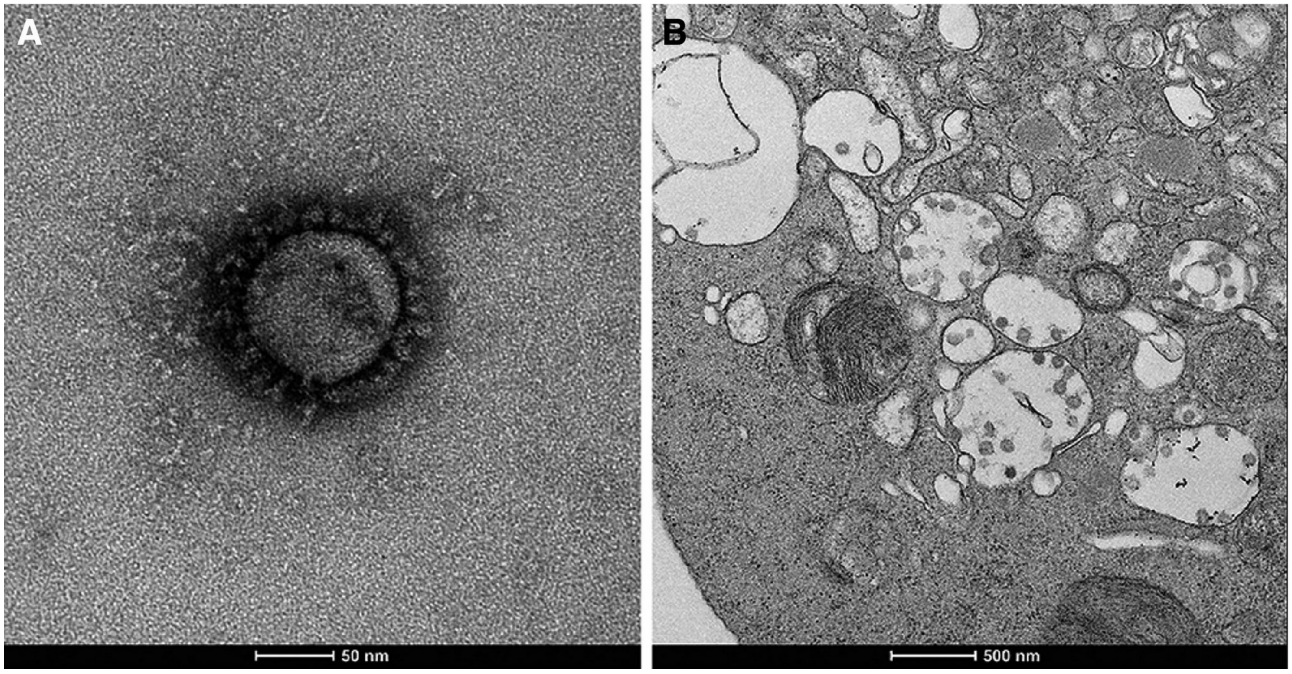


Figura 4. "Aislamiento" de Caly et al. Del SARS-CoV-2. Las micrografías de electrones son de un sobrenadante de cultivo de células Vero/hSLAM: Se declaró que (A) era un "virión", cuando es simplemente una partícula de procedencia desconocida. Adicionalmente, los "pinchos" capsulares fueron producidos *después* de que la enzima tripsina digiriese las proteínas exteriores para crear la apariencia deseada. (B) simplemente nos informa del tamaño de las partículas en una mezcla de tejido. No hubo experimento de control válido realizado con un espécimen derivado de humano similar.

que las variaciones en secuencias y proteínas monitorizadas a lo largo del tiempo representaban evidencia de un virus evolucionando.[102] Él es otra víctima del engaño de la virología a través de su en gañosa anexión de la palabra "viral" a estas entidades. Cuando se detectaron originalmente todas estas secuencias y proteínas en experimentos de cultivo de tejidos no se demostró que pertenecieran a virus patógenos, pero la afirmación de que son "virales" continúa hasta este día.

En las mismas líneas y unos pocos meses tras ese intercambio, el patólogo/virólogo Dr. Sin Hang Lee afirmó que su artículo preimpreso[103] proporcionaba, "evidencia de secuenciación Sanger irrefutable de que el virus [SARS-CoV-2] existe y sigue mutando", con una invitación abierta a desafiar su trabajo.[104] De nuevo, el presente autor proporcionó una respuesta, detallando el mal uso en curso de la virología de terminología científica, además del

[95] Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 2018: https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5

96 Florence Maurier, et al., "A complete protocol for whole-genome sequencing of virus from clinical samples: Application to coronavirus OC43", *Virology*, 531, May 2019: https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

problema subyacente de procedencia no establecida de las secuencias siendo analizadas:

> *Para exponer los problemas de la virología es crucial examinar la sección de metodología de cualquier publicación, y no es distinto en este caso... Aquellos de nosotros que disputamos la narrativa del virus señalamos que ninguna secuencia de ARN (o ADN) se han demostrado jamás como procedentes de ninguna partícula específica identificable que cumpla la definición de un virus. Assí pues, sólo puede decirse que todos los ARN son expresados por un organismo conocido, introducidos artificialmente (inyecciones de ARNm sintético, por ejemplo) o de procedencia desconocida. Las "mutaciones" sólo existen dentro de modelos* in silico *que no han demostrado ser entidades independientes en la naturaleza. Hay otras razones por las cuales las secuencias de ARN pueden variar, y lo hacen, en sistemas dinámicos biológicos, y no puedo imaginar que ningún virólogo pueda discrepar con este hecho. Simplemente detectar ARNs no es suficiente para sacar conclusiones sobre su procedencia. Se requieren otros experimentos para hacer esta determinación.*[105]

Indudablemente, ninguna cantidad de tecnología genómica o proteómica que pueda escapar al hecho de que en lo que respecta a tales datos siendo supuesta evidencia de virus, es *turtles all the way down.* [expresión intraducible del inglés, asociada al mito hindú de la Tortuga del Mundo. Según *Wikipedia*, "es una expresión del problema de la regresión infinita. El dicho alude a la idea mitológica de una tortuga mundial que sostiene sobre su lomo una Tierra plana. Sugiere que esta tortuga descansa sobre el lomo de una tortuga aún mayor, que a su vez forma parte de una columna de tortugas cada vez más grandes que continúa indefinidamente."]

TURTLES ALL THE WAY DOWN

Como se ha indicado, "bat SL-CoVZC45" era un genoma *in silico*, de 29.802 nucleótidos de longitud, inventado en 2018,[106] que fue usado por Fan Wu et al.

---

[97] David Schwartz and Charles Cantor, "Separation of Yeast Chromosome-Sized DNAs by Pulsed Field Gradient Gel Electrophoresis", *Cell*, Vol. 37, May 1984: https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5

[98] Por email de Zachary Ardern: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf

[99] Jessie Chang, et al., "Long-Read RNA Sequencing Identifies Polyadenylation Elongation and Differential Transcript Usage of Host Transcripts During SARS-CoV-2 In Vitro Infection", *Front. Immunol.*, 6 Abril 2022: https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223

[100] Leon Caly, et al., "Isolation and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first patient diagnosed with COVID-19 in Australia", *Med. J. Aust.*, 1 Abr 2020: https://doi.org/10.5694/mja2.50569

101 Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Como una plantilla genómica para la invención del genoma SARS-CoV-2. Se dio a entender que venía del tejido intestinal de un murciélago que fue capturado en la provincia de Zhejiang, en China. En este estudio los autores reportaron que, “los murciélagos parecían sanos y no tenían signos clínicos obvios cuando se capturaron”, pero declararon que el virus fue detectado en 89 de 334 murciélagos en base a un “ensayo PCR de transcripción reversa de pan-coronavirus”. El desatino de afirmar “aislamiento” de cualquier virus a través de inducir ECPs ya se ha señalado, pero en este caso fallaron en observar siquiera este fenómeno en cultivos de células Vero E6. En vez de eso, intentaron otro método para, “testar la patogenicidad del agente ZC45”. Esto consistía en tomar 20µl del tejido intestinal triturado de murciélago e inyectarlo directamente a los cerebros de ratas BALB/c de tres días de edad. (Por peso sería el equivalente de inyectar varios centenares de mililitros de material a un cerebro humano[107]). El sinsentido de inyectar tal tejido biológico directamente al interior de los cerebros de animales neonatos endogámicos y vulnerables no debería necesitar más explicación. Como es típico en los experimentos de virología, no hubo grupo de control donde material biológico similar, del que se decía no contener el virus, fuese inyectado directamente a los cerebros de otras ratas bebé. Reportaron que “partículas víricas sospechadas” fueron vistas en algunos de los cerebros de las ratas, pero en ni ngún punto demostraron la composición o función biológica de tales “partículas virales sospechadas” observadas en sus dispositivos. Adicionalmente, se declaró “infección” sobre el fundamento de tests RT-PCR positivos que detectaron las mismas secuencias ARN en las ratas bebé en el momento de su sacrificio, ya que se les había inyectado recientemente – obviamente no es algo que requiriese la existencia de un virus.

De modo que sin aislar físicamente ningunas presuntas partículas virales, procedieron a homogeneizar, centrifugar y filtrar las muestras intestinales antes de declarar, “el ARN víral fue extraído con un Viral ARN Mini Kit (Qiagen, Hilden, Alemania) de acuerdo a las recomendaciones del fabricante”. (Véase la página 49 para une explicación de por qué no es posible para kits de este tipo el extraer selectivamente el ARN sobre la base de su procedencia, independientemente de si los virus existen o no). Tuvo lugar entonces un paso de transcripción reversa, antes de la amplificación PCR de su brebaje. Afirmaron secuenciar el genoma entero de [SL-CoV]ZC45 a través de 19 pares de iniciadores PCR degenerados, “diseñados por alineamiento múltiple de secuencias disponibles de SARS-CoV y bat SL-CoV depositadas en GenBank”. En otras palabras, su declaración de descubrir un genoma viral estaba basad no en evidencia directa de un virus, sino en detección de secuencias de origen no establecido alineadas con todavía más plantillas de virus ficticios. No fue revelado cuánta amplificación PCR tuvo lugar en este punto pero el paso de “cribado RT-PCR” involucró una primera ronda de 40 ciclos, seguida por una segunda ronda de 30 ciclos. Amplificación tan ridícula resultaría en artefacto, significando que las secuencias objetivo son “encontradas” simplemente como resultado del proceso mismo, en lugar de estar necesariamente físicamente presentes en las muestras.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Cabe destacar que la historia del virus del murciélago lleva en juego desde el "brote" de SARS de 2003 y aparentemente después de miles de años, la raza humana está ahora bajo amenaza constante de virus percolándose en cuevas chinas de murciélagos. En 205, el pr esidente de EcoHealth Alliance, Dr. Peter Daszak, fue el co-autor de un artículo que apareció en *Science* titulado, "Bats Are Natural Reservoirs of SARS-like Coronaviruses"[108] ["Los Murciélagos Son Reservas Naturales de Coronavirus tipo SARS."] En este estudio, Daszak y co. no pudieron encontrar ningún "coronavirus" en su selección de murciélagos a través de la técnica fraudulenta de observar ECPs *in vitro*, declarando que, "ningún virus ha sido aislado de hisopados fecales de muestras de PCR positiva usando células Vero E6". Sin embargo, estaban encantados de declarar que tenían evidencia de tales virus a través de sus productos PCR de ciclos disparatadamente altos (35-45), obtenidos de muestras crudas de murciélago. Estas se afirmaron como "secuencias virales" porque dentro del razonamiento circular de la virología, "encontraron" las mismas secuencias "virales" que su protocolo PCR estaba diseñado para detectar. Debidamente informaron al mundo de que, "eciste diversidad genética entre los virus zoonóticos en murciélagos, aumentando la posibilidad de variantes que crucen la barrera de las especies y causen brotes de enfermedad en poblaciones humanas". Desafortunadamente, este folkore zoonótico se ha extendido de la literatura virológica a la imaginación del público. Daszak es un entusiasta promotor y benefactor de la historia del virus de murciélago y en 2015 aconsejó a sus colegas que para poder mantener los ingresos entrantes, necesitarían, "aumentar el entendimiento público de la necesidad de CMM [contramedidas médicas] como una vacuna pan-influenza o pan-coronavirus".[109]

En cualquier caso, una rama de una de las rutas imaginarias del coronavirus lleva de vuelta a una de las afirmaciones originales hecha concerniendo al genoma del SARS-CoV pretendido de ser la causa del primer "brote" de SARS. En abril de 2003, Yijun Ruan et al. Presentaron a GenBank su "coronavirus SARS Sin2500, genoma completo", que se convirtió en el número de acceso AY283794.1.[110] Sin embargo, este genoma fue inventado no mediante la secuenciación directa de presuntas partículas víricas, por supuesto, sino mediante secuenciamiento de ARN en n experimento de cultivo de células Vero, a través de "acercamientos tanto en escopeta como priming específico", con alineación a, "la secuencia de genoma del virus de hepatitis de ratón (NC_001846) como columna vertebral".[111] El genoma NC_001846.1 fue inventado a su vez en 1997 y se afirmaba que procedía de un virus que fue "obtenido originalmente del Dr. Lawrence Sturman", y secuenciado, "usando como plantillas ARN citoplásmico extraído de monocapas de células L2 infectadas con MHV-A59, C12, C3, C5, C8, B11, o B12 de tipo salvaje".[112] La

[102] Por email de Zachary Ardern: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf

[103] Sin Lee, "Implementation of the eCDC/WHO Recommendation for Molecular Diagnosis of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants and Its Challenges", *preprints.org*, 14 Jun 2022: https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1

104 Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists… Again", 25 Jul 2022: https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/

Copyright © 2022 Mark Bailey

aseveración de que empezaron con un virus parece estar basada en la garantía del Dr. Sturman de que la muestra que él proporcionó contenía tal cosa.

A estas alturas debería estar claro que cada genoma de coronavirus ha sido plantillado contra otros así llamados genomas sin que los virólogos demuestren que *ninguna* de las secuencias venga de un virus. Es por tanto instructivo volver al pretendido primer genoma de todos de coronavirus en ser publicado, que era el "Virus Aviar de Bronquitis Infecciosa" (VBI) por Boursnell et al. en 1987,[113] y posteriormente usado por otros como una de las plantillas originales. No secuenciaron ninguna postulada partícula viral directamente, pero usaron, "diecisiete clones ADNc cubriendo la 3'-mayoría de los 27.569 kb del genoma", señalando que los clones, "han sido derivados de ARN aislado de virus purificado por gradiente de la cepa Beaudette (Beaudette y Hudson, 1937; Brown y Boursnell, 1984). El artículo citado por Brown y Boursnell declara, "la preparación de clones ADNc ha sido descrita previamente (Brown y Boursnell, 1984).[114] La cita subsiguiente es su publicación titulada "El ARN genómico del virus aviar de bronquitis infecciosa contiene homologías secuenciales en los límites intergénicos".[115] En su artículo afirman que la, "cepa VBI Beaudette fue cultivada en huevos embrionarios de 11 días de edad. Se aislaron viriones del fluido alantoideo y se purificaron por centrifugación isopícnica[116] sobre gradientes de sacarosa". Sin embargo, no se proporcionó evidencia en ninguno de estos artículos de que ellos: (a) hubiesen purificado nada, menos todavía "viriones", en la forma de micrografías de electrones de confirmación, o (b) llevasen a cabo experimentos de control válidos. Todo lo que podemos ver es que *asumieron* que había virus presentes en su mezcla de cultivo y tras la centrifugación afirmaron que las secuencias de ARN detectado

[105] Ibid.

[106] Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 2018: https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5

[107] Western Australian Government – Animal Resource Centre, "Rat and Mice Weights": https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

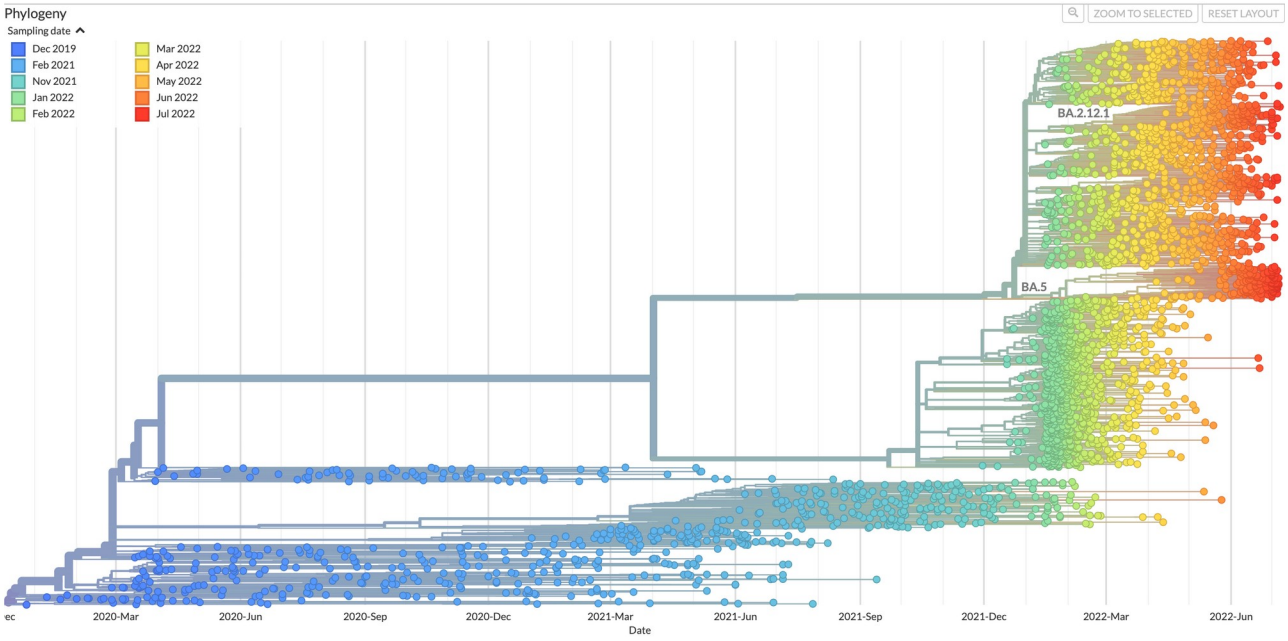


Figura 5. El árbol filogenético del SARS-CoV-2 en GISAID.org, a día de 15 de julio de 2022. El primer "genoma" de diciembre de 2019 (Fan Wu et al.) nunca fue demostrado como procedente de un virus, pero a través del razonamiento circular de la virología se ofrecen secuencias similares en otros lugares como evidencia de un "virus" en evolución. Sin embargo, las metodologías incontroladas que se utilizan lo convierten en un árbol familiar *in silico* ficticio. Detectar, o pretender detectar secuencias genéticas en el ambiente no confirma la existencia de un virus dado que la procedencia de las secuencias no han sido establecidas o han sido mal atribuidas. Lo mismo se aplica a las proteínas detectadas.

eran de estos virus imaginados.

La afirmación original de que estaban lidiando con un virus (VBI) data de los 1930s y estaba basada en las mismas conclusiones defectuosas sacadas de la metodología empleada en los experimentos de "virus" del sarcoma de Rous de 1911 (ver página 17). En el caso de VBI, se tomó material de gallinas enfermas, se pasó a través de filtros bacterianos Berkefeld y entonces se introdujeron en los tractos respiratorios de otras gallinas.[117] En base a que esto también podía enfermar a los pájaros receptores, se declaró que, "estos resultados demuestran que la enfermedad está causada por un virus filtrable". Sin embargo, en ningún momento ha demostrado experimento alguno que una partícula infecciosa sea responsable de los efectos tóxicos. En resumen, los subsiguientes árboles filogenéticos de "coronavirus" que se han creado desde los años 80 no son evidencia de "virus en evolución", son evidencia de un esquema de marketing multinivel que no tiene un producto físico establecido.

[108] Wendong Li, et al.,"Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses", *Science*, 29 Sep 2005: https://doi.org/10.1126/science.1118391

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

El peligro para la humanidad es que los genomas putativos de coronavirus que han sido plantillados de las especulaciones de los virólogos se usan ahora como plantillas para crear e inyectar productos a desventurados receptores que fueron timados y estafados a creer que la última invención de la virología era real. Eso es, se ha contado con las invenciones genómicas ficticias de la virología para crear intervenciones médicas y políticas enteramente innecesarias. La peligrosa y altamente experimental biotecnología de ARNm y nanolípidos ha matado a más gente que todas las demás vacunas combinadas en los últimos 30 años, y sólo acabamos de empezar a contar.[118]

LA AFIRMACIÓN DE LA CDC SOBRE EL SARS-COV-2

Con impuntualidad ya familiar, la CDC tardó ocho meses en responder a una petición Freedom of Information [Libertad de Información] concerniente a sus afirmaciones de "aislar el SARS-CoV-2" en su publicación *Emerging Infectious Diseases* [Enfermedades Infecciosas Emergentes] de junio de 2020, "Síndrome Respiratorio Agudo Severo Coronavirus 2 de Paciente con Enfermedad Coronavirus, Estados Unidos", por Jennifer Harcourt et al.[119] Las preguntas que se le hizo a la CDC por mi colega eran simples e incluían las siguientes: "¿Usó la científico de este artículo grupos de control? Si es así, ¿usaron los grupos de control las mismas formulaciones de mezclas de cultivos de células que los grupos experimentales *sans* la muestra que contenía los presuntos virus?... En resumen, si se usaron grupos de control, por favor, liste detalles de los grupos de control".[120] En lugar de pedirle a Jennifer Harcourt o a alguien de su equipo que respondiese esta sencilla petición, el 29 de marzo de 2022, la CDC respondió que habían "localizado 37 páginas de registros de respuesta y una hoja de cálculo excel", supuestamente de conformidad con el material solicitado.[121] En resumen, los "registros de respuesta" de la CDC incluían lo siguiente:[122]

1. Emails internos de la CDC que compartían imágenes como la Figura 6 pretendiendo mostrar "fotos de alcance de N-CoV 2019 potencial del primer caso de EEUU". Microbiólogos de investigación de la CDC Azaibi Tamir

[109] "Developing MCMs for Coronaviruses", en Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Enabling Sustainable Capabilities Through Ongoing Public – and Private-Sector Partnerships: Workshop Summary, Washington DC: National Academies Press, 12 Feb 2016: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040

[110] GenBank, "SARS coronavirus Sin2500, complete genome – AY283794.1", 27 Abr 2003: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042

[111] Yijun Ruan, et al., "Comparative full-length genome sequence analysis of 14 SARS coronavirus isolates and common mutations associated with putative origins of infection", *Lancet*, 24 May 2003: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/

[112] Isabelle Leparc-Goffart, et al., "Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MHV-A59 Is Associated with a Q159L Amino Acid Substitution in the Spike Protein", *Virology*, 8 Dec 1997: https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877

[113] Michael Boursnell, et al., "Completion of the Sequence of the Genome of the Coronavirus Avian Infectious Bronchitis Virus", *J gen Virol*, 1 Ene 1987: https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

esperaba “algunos de estos 7 lisis muestran que ECP están causados por el N-CoV 2019”, mientras Stephen Lindstrom comentaba que eran, “células infelices muy majas”. La líder del equipo de inmunología del virus respiratorio, Natalie Thronburg preguntaba entonces si ellos podían “mandar los archivos originales JPEG o TIFF para vuestras imágenes de ECPs? Quiero empezar a trabajar en una figura de calidad de publicación”.

2. Números de acceso a GenBank MT020880 y MT020881, que estaban listados en la publicación de Harcourt et al. de la CDC y ya estaba públicamente disponible.

Figura 6. En su respuesta FOIA [Freedom of Information Answer] del 29 de marzo de 2022, los detalles de la diapositiva del “falso” experimento no fueron proporcionados por la CDC, a pesar de que fueron solicitados específicamente. Las otras diapositivas son supuestamente evidencia de los efectos citopáticos (y por tanto, existencia *implícita*) del SARS-CoV-2.

3. El artículo del *New England Journal of Medicine* de Na Zhu et al., “Un Coronavirus Novel de Pacientes con Neumonía en China, 2019”,[123] el cual, de acuerdo a la microscopista de electrones Cynthia Goldsmith, “tiene dos imágenes ME [de microscopio de electrones] muy bonitas en la Figura 3, una de ‘epitelio respiratorio de vías humanas’”. Nosotros lidiamos con

[114] T.D.K. Brown y Michael Boursnell, “Sequencing of coronavirus IBV genomic RNA: a 195base open reading frame encoded by mRNA B”, *Gene*, Jul-Ago 1984: https://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0

[115] T.D.K. Brown y Michael Boursnell, “Avian infectious bronchitis virus genommic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries”, *Virus Research*, Ene 1984: https://doi.org/10.1016/0168-1702(84)90031-5

[116] La centrifugación isopícnica separa las partículas por tasa de densidad cf., la centrifugación zonal separa las partículas por tamaño: https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

desatinos de este artículo en *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, con Na Zhu et al. siendo también culpables de experimentos incontrolados de descomposición de cultivo de tejidos, en los cuales bautizaron las micrografías de electrones de vesículas extracelulares de función biológica y composición no probadas "2019-nCoV".[124] (Una de las co-autoras del artículo, Wenje Tan, le dijo a Torsten Engelbrecht el 18 de marzo de 2020 que tenían, "una imagen de partículas de virus sedimentadas, no purificadas."[125] Así, la afirmación de que son "partículas de virus" es simplemente una aseveración, ya que no hay parte del artículo que demostrara la composición o función biológica de estas vesículas en imágenes).

4. Una hoja de cálculo con resultados no informativos de umbrales de ciclos PCR de "4 virus" que fueron presentados al Laboratorio de Diagnóstico de Virus Respiratorios de la CDC.

5. Una página que empezaba con, "por conveniencia administrativa y para responder plenamente a su petición, el personal del programa le ha proporcionado la siguiente información más abajo con los enlaces web correspondientes", los cuales no proporcionaban ninguna información en absoluto relacionada con cómo los experimentos de "aislamiento vírico" de la CDC estaban adecuadamente controlados.

El 23 de diciembre de 2021, Christine Massey también presentó una petición a la CDC buscando detalles completos del experimento "falso infectado" incluyendo, "la cantidad de material procedente de frotis nasofaríngeos y orofaríngeos no infectados que se añadió al grupo de control de cultivo celular."[126] La CDC finalmente respondió a la petición de Massey el 10 de mayo de 2022 con 36 páginas de información similarmente inútil y la excusa de que:

> *En lo concerniente a ciertas porciones de su petición, una búsqueda de nuestros registros fracasó en revelar cualquier documento pertinente a su solicitud. Estas porciones tienen que ver con su petición específica de "...Cultivo de Células – Detalles de Grupo Experimental:" y "Cultivo de Células – 'Falso Infectado'/ Detalles del Grupo de Control:" y "Secuenciación del 'Genoma Entero' – Detalles de Pureza y Control:" Su petición fue enviada al National Center for Immunization and Respiratory Diseases [Centro Nacional para la Inmunización y Enfermedades Respiratorias] (NCIRD) para su búsqueda. Respondieron que ciertos detalles en su petición no estaban disponibles como archivos controlados o mantenidos por CDC.*[127]

[117] J. R Beach y O. W. Schalm, "A Filterable Virus, Distinct from that of Laryngotraecheitis, the Cause of a Respiratory Disease of Chicks", *Poultry Science*, May 1936: https://doi.org/10.3382/ps.0150199

[118] https://vaersanalysis.info/ (accedido el 25 Junio 2022)

[119] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infectious Diseases*, Jun 2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

En otras palabras, la CDC parece completamente ignorante al hecho de que no están siguiendo el método científico o se han dado cuenta de que se acabó el juego y se dedican a dar respuestas insinceras. De cualquier manera, no pueden ser tomados seriamente como una fuente de información científica fiable si ellos también están promocionando experimentos incontrolados como prueba de virus.

LAS REVELACIONES DE PENG ZHOU ET AL.

Ha habido ocasiones en las que investigadores han proporcionado respuestas concerniendo a sus metodologías donde, intencionadamente o no, han sido sorprendentemente francos sobre sus experimentos acientíficos. El 3 de febrero de 2020, Peng Zhou et al. publicaron su artículo, “Un brote de neumonía asociado con un nuevo coronavirus de origen probable de murciélago”, en *Nature*, afirmando, “la identificación y caracterización de un nuevo coronavirus (2019-nCoV)”.[128] En su experimento de aislamiento, los autores produjeron imágenes mostrando aparentes ECPs en las supuestas células Vero E6 “infectadas de 2019-nCoV”, pero ningún ECP en las “células falsamente infectadas”,[129] estas últimas pretendían ser un “control”. ¿Pero cuál era la naturaleza de este aparente experimento de control? Los detalles no se proporcionaron en su artículo publicado, así que fueron contactados por uno de mis colegas en agosto de 2021, quien extrajo algunas admisiones asombrosas de uno de los co-autores del artículo, Xin-Lou Yang. Primero, aparte del hecho de que no hubo experimentos de control positivos (es decir, con muestras humanas comparables menos el presunto virus), Yang declaró que doblaron la dosis de penicilina y estreptomicina en el grupo experimental.[130] Cuando se le preguntó por qué fue alterada esta variable, la respuesta fue, “La intención de Anti-Anti [los dos antibióticos] es prevenir la contaminación de bacterias y hongos durante el aislamiento de virus, así que el 1% o 2% de concentración no afectó al crecimiento celular. 2% en 1ª gen [generación] fue sólo para prevenir contaminación [de muestras].[131] Mi colega sugirió que deberían repetir el experimento “de control” otra vez con la dosis más alta de antibióticos para asegurar que este no fuese uno de los factores induciendo ECPs en la línea de células de riñón. Yang proporcionó subsecuentemente la evasiva respuesta, “si pudieses asegurarte de que pudieses prevenir contaminación de bac [bacterias] u hongos, no necesitas usar el Anti-Anti”,[132] aparentemente ignorando el punto crucial de que podían ser los mismos antibióticos adicionales que fuesen tóxicos para las células (particularmente dado que la estreptomicina es conocida como nefrotóxico). Como mínimo, habían alterado

[120] Por email a Solicitudes FOIA (CDC), “FOIA: Control Group Information requested for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirys Disease, United States”, 1 Ago 2021.

[121] Carta de Roger Andoh, Oficial de CDC/ATSDR FOIA, “#21-01704-FOIA”, 29 Mar 2022: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf

[122] Ibid: Documento PDF de 37 páginas de Roger Andoh, Oficial de CDC/ATSDR FOIA, “USA CDC – Controls – Responsive Records.pdf”, 29 Mar 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

otras variables comparadas con sus controles y habían así invalidado sus resultados todavía más.

Otra pasmosa revelación de los autores fue que en su grupo experimental, sólo *uno* de 24 pozos que contenían cultivos de células de riñón Vero E6 mostró alguna evidencia de EPCs.[133] De modo que, lo que debería ser considerado un margen de error experimental es la base de una de las declaraciones de un pretendido patógeno mortífero nuevo, descrito en un artículo al que, a fecha de julio de 2022, se ha accedido 1.34 millones de veces y se ha citado más de 10.000 veces.[134] ¿Se dan cuenta los demás autores que citan este artículo de las escasas "pruebas" sobre las que se construye este castillo de naipes llamado COVID-19? Tal vez no se perturbarían por tal revelación, dado que los experimentos biológicos están siendo crecientemente abandonados al tiempo que se afirma absurdamente que "genomas" *in silico* proporcionan evidencia adecuada para la existencia de virus. En el caso de Zhou et al., se proclamó con orgullo que su simulación por ordenador era, "idéntica en un 96% al nivel de genoma entero de un coronavirus de murciélago". Decidieron plantillar su nueva invención vírica contra esta secuencia, basándose en el sinsentido de que, "estudios previos han mostrado que algunos SARSr-CoVs de murciélago tienen el potencial de infectar humanos."[135] Su software ensambló lo que se

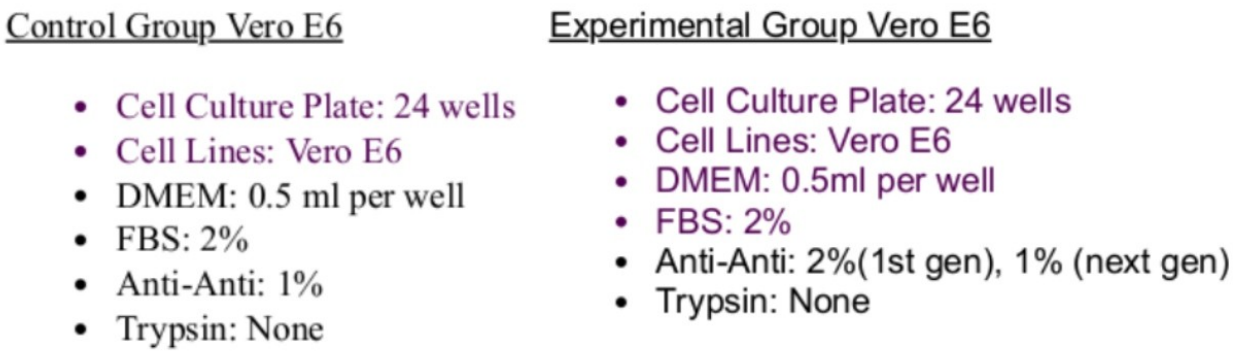


Figura 7. El estudio de Peng Zhou et al. Y su metodología previamente no revelada: el doble de antibióticos en el grupo experimental para ver ECPs en sólo uno de los 24 pozos. Se declara que esto constituye evidencia de un nuevo patógeno viral "2019-nCoV", a ser renombrado más tarde SARS-CoV-2.

[123] Na Zhu, et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, publicado por primera vez el 24 Ene 2020, actualizado el 29 Ene 2020), 728: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/

[124] Mark Bailey y John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[125] Torsten Engelbrecht y Konstantin Demeter, "COVID19 PCR Tests are Scientifically Meaningless", *off-Guardian*, 27 Jun 2020: https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/

[126] Christine Massey, por email a la CDC, "FOIA request to CDC: Harcourt et al. 'SARS-COV2 isolation' paper – unpublished details" 23 Ene 2021: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

convirtieron en números de acceso a GenBank MN996527-MN996532, y esta forma de “evidencia” de imitación, que también carece de controles válidos, ha sido documentada en este ensayo.

¿MÁS ENGAÑO DESDE WUHAN?

A principios de 2022, un matemático que trabajaba con el Dr. Stefan Lanka publicó un análisis de los datos de secuencia asociados producidos por Fan Wu et al.[136] Sorprendentemente, se concluyó que:

> *una repetición del ensamblaje de novo con Megahit (v.1.2.9) mostró que los resultados publicados no podían ser reproducidos. Puede que hayamos detectado ácidos ribonucleicos (ribosomales) de origen humano, contrariamente a lo que se reportó [por Fan Wu et al.]... Falta evidencia de que sólo se usaron ácidos nucleicos víricos para construir el pretendido genoma viral para el SARS-CoV-2. Además, con respecto a la construcción de la pretendida hebra genómica, no se han publicado ningunos resultados de posibles experimentos de control. Esto es igualmente cierto para todas las otras secuencias de referencia consideradas en el presente trabajo. En el caso del SARS-CoV-2, un control obvio sería que el pretendido genoma viral no puede ser ensamblado de fuentes de ARN insospechadas de origen humano o incluso de otro origen.*

Aparte del hecho de que las metodologías actuales de la virología para encontrar virus deberían ser rechazadas, la falta de reproductibilidad de su propio experimento instantáneamente levanta preguntas sobre las circunstancias en las cuales los inventores originales del SARS-CoV-2 anunciaron su nuevo virus al mundo. Efectivamente, este análisis independiente sólo obtuvo 28.459 cóntigos, significativamente menos que el número (384.096) descrito por Fan Wu et al. Adicionalmente, el cóntigo más largo obtenido de forma independiente fue 29.802 nucleótidos, lo que era 672 nucleótidos más corto que el de Fan Wu, significando que, “datos de secuencia publicados no pueden ser lecturas originales usadas para el ensamblaje”. El análisis del matemático también concluyó que:

---

[127] Carta de Emerique Magyar, Oficial de CDC/ATSDR FOIA a Christine Massey, “#22-00578-FOIA”, el 10 May 2022: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf

[128] Peng Zhou, et al., “A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin”, *Nature*, 579, 12 Mar 2020: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7

[129] Ibid. “Extended Data Fig. 6: Isolation and antigenic characterization of 2019-nCoV”: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9

[130] (Correspondencia personal por email de Xing-Lou Yang, 5 Ago 2021.)

[131] Ibid.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

> *Alineamiento con la base de datos de nucleótidos el 05/12/2021 mostró una alta coincidencia (98.85%) con "Homo sapiens RNA, 455 preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA" (GenBank: NR_146117.1, fechado 04/07/2020). Esta observación contradice la afirmación en [1] que el agotamiento de ARN ribosomal fue realizado y que las lecturas de secuencia humanas fueron filtradas usando el genoma humano de referencia (human release 32, GRCh38.p13). De importancia particular aquí es el hecho de que la secuencia NR_146117.1 no fue publicada hasta después de la publicación de la biblioteca de secuencia SRR10971381 considerada aquí. Esta observación enfatuza la dificultad de determinar a priori el origen exacto de los fragmentos individuales de ácido nucleico usados para construir pretendidas secuencias de genoma viral.*

En cualquier caso, los problemas no acabaron allí. La distribución de cobertura para algunos de los cóntigos fue extremadamente inhomogénea y dadaa la alta tasa de error, planteó la cuestión de si algunas de las secuencias fueron simplemente aquellas generadas por las mismas condiciones de amplificación PCR. De nuevo, es un método anti-científico, ya que no se realizan experimentos de control apropiados (con muestras similares derivadas de humanos) para examinar estas posibilidades. El análisis independiente reveló que Fan Wu et al. Podrían haber encontrado mejores coincidencias de consenso *in silico* para "VIH" y "virus de Hepatitis D" que "un nuevo coronavirus" en su hombre de 41 años de Wuhan, que fue presentado con neumonía como uno de los primeros pretendidos casos de COVID-19. Si los virólogos qierenn encontrar un virus, todo depende de cómo diseñan sus protocolos y qué le piden buscar al ordenador - ¿y cómo sabían estos adivinos qué buscar?

LA INICIACIÓN DEL PROFESOR BUSTIN DE UNA PANDEMIA PCR

> *Los científicos tienen una tendencia a asumir que todo lo que está fuera de su ámbito de interés es cierto y que pueden simplemente confiar en ello.*
> - David Crowe después de su entrevista a Stephen Bustin en abril de 2020.[137]

Para mantener la ilusión de la "pandemia" de COVID-19, se requerían casos. Estos fueron proporcionados por el programa de testeo humano más grande

[132] Ibid.

[133] Ibid.

[134] Métrica del artículo, "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics (accedido el 1 Abr 2022)

[135] Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12 Mar 2020: https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

jamás realizado, involucrando miles de millones de kits PCR distribuidos alrededor del mundo. Todavía no está claro para nosotros el por qué Stephen Bustin, quien es un, "renombrado experto a nivel mundial en PCR cuantitativa, y su investigación se centra en traducir técnicas moleculares a herramientas prácticas, robustas y confiables para uso clínico y diagnóstico",[138] fracasó en señalar decisivamente el uso inapropiado del proceso PCR. Bustin fue el autor principal de la publicación de 2009, "The MIQE Guidelines: Minimum Information of Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments",[139] [Las Directrices IMEC: Información Mínima de Publicación de Experimentos PCR Cuantitativos en Tiempo Real], en la que las consideraciones clave para experimentos PCR a tiempo real fueron señalados como sigue:

> 1. *2.1* ***Sensibilidad analítica*** *se refiere al número mínimo de copias en una muestra que pueden ser medidas de forma precisa con un ensayo mientras que* ***sensibilidad clínica*** *es el porcentaje de individuos con un desorden dado a quienes el ensayo identifica como positivos para esa condición* [/malestar (de salud)]
>
> 2. *2.2* ***Especificidad analítica*** *se refiere al ensayo qPCR que detecta la secuencia objetivo adecuada en lugar de otros objetivos inespecíficos también presentes en una muestra.* ***Especificidad diagnóstica*** *es el porcentaje de individuos sin una condición [/*malestar] *a quienes el ensayo identifica como negativos para esa condición.*

Si Bustin se mantenía fiel a a la ciencia debería haber llamado a un alto a la pandemia de PCRs en enro de 2020 cuando los protocolos PCR Corman-Drosten fueron publicados.[140] La palabra "especificidad" aparece sólo una vez en el artículo de Corman-Drosten y no tenía nada que ver con diagnosticar una condición clínica, y mucho menos una infección vírica. No hubo "detección de 2019-nCoV", como el artículo afirmaba, todo lo que fue establecido fue la especificidad analítica de su ensayo para detectar secuencias objetivo seleccionadas. Además, no se estableció cómo el resultado PCR estaba relacionado con una condición clínica, esto es, los kits PCR de COVID-19 nunca se mostraron diagnosticando cosa alguna en un sujeto humano. Una enfermedad inventada basada en un virus ficticio.

Aparte del problema de la especificidad, no se publicitó bien que el experto mundial en PCR dijese a David Crowe en abril de 2020 que, (incluso en los propios términos de la virología) llamar a un resultado de PCR de coronavirus "positivo" a 36-37 ciclos, como estaba ocurriendo alrededor del mundo era, "absolutas tonterías. No tiene ningún sentido en absoluto."[141] Sin embargo, el fraude PCR fue todavía más aparente cuando Eric Coppolino entrevistó a Bustin en *Planet Waves FM* en febrero de 2021.[142] La intención de Coppolino era averiguar más detalles sobre el problemático paso de transcripción reversa (RT) del proceso RT-PCR, pero se quedó aturdido tras la entrevista al darse cuenta de que lo que pensaba que era un test impreciso en ocasiones, era completamente fraudulento.[143] Bustin parecía incómodo cuando Coppolino

[136] "Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie · tabellen und Abbildungen", *WiSSeNSCHAFFtPLUS magazin*, Ene 2022. Versión en inglés: https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

señaló que todos los resultados PCR positivos estaban siendo llamados un, "caso confirmado de infección", incluso si no tenían síntomas.[144] En lugar de admitir que la especificidad diagnóstica de los kits PCR nunca había sido establecida, Bustin ofreció explicaciones periféricas, como afirmar que, "las UCI están saturadas en este momento".

Defendió, además, los protocolos PCR en uso con la aseveración de que, "esta neumonía estaba siendo causada por este virus. Y este virus empezó a aparecer cuando más y más gente estaba cayendo con los mismos síntomas. Y estos iniciadores estaban detectando ese virus." Cuando Coppolino le presionó sobre la falta de aislamiento de virus para ser capaz de hacer esas afirmaciones, Bustin respondió que, "la forma en que la secuencia fue establecida mediante la toma de muestras del paciente original, cultivando algo y después secuenciándolo y después desensamblando la secuencia y lo que salió de eso era el virus SARS." Desafortunadamente, Bustin prestó apoyo al mal uso de la virología de la palabra "aislamiento" y la holgada terminología involucrada en detectar un "virus". El problema crucial es que no importa lo bien diseñados que los iniciadores estén – si la procedencia o importancia de las secuencias genéticas siendo amplificadas a través de la PCR son desconocidas, entonces no se puede concluir nada más por su mera presencia. Bustin puede tranquilizar al mundo sobre el potencialmente muy alto rendimiento de un protocolo PCR, pero el establecimiento de su rendimiento diagnóstico es donde el neumático toca la carretera. Incluso si el SARS-CoV-2 se hubiese demostrado que el SARS-CoV-2 existe físicamente y la PCR fuese aceptada como una herramienta de diagnóstico válida, Bustin tendría que admitir que ninguno de los ensayos PCR han sido desarrollados como sus *MIQE Guidelines* especifican y ninguna se cualifica como clínicamente válidada.

Fue una sorpresa durante la misma entrevista que negase cualquier conocimiento anterior del falso brote de tos ferina en Dartmouth-Hitchcock, en New Hampshire en 2006, cuando el kit PCR que fue distribuido resultó en una tasa de falsos positivos del 100%.[145] Bustin afirmó haberse enterado de ello por primera vez sólo días antes de la entrevista, unos 15 años después del hecho, cuando leyó sobre ello en el sitio web de Coppolino, de un artículo proporcionado para los propósitos de la entrevista. Pero el incidente era bien conocido, y recibió cobertura en *The New York Times*, con comentarios de muchos profesionales de tests diagnósticos y de salud pública.[146] Para 2006, Bustin era Profesor de Biología Molecular, y es una pequeña maravilla que el especialista en PCR no hubiese tenido ninguna pregunta de colegas médicos en 2006 cuando el incidente ocurrió. Sin duda, en ese tiempo había muy pocos expertos en PCR en existencia para contactar, y fue una indicación temprana de cómo la PCR podría ser catastróficamente mal utilizada como herramienta de diagnóstico clínico. Si eso no fuese suficientemente malo, tenía que ver con

[137] *The Infectious Myth* con David Crowe – "Simplifying RT-PCR", 21 Abr 2020: https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-simplifying-rt-pcr/

[138] https://aru.ac.uk/people/stephen-bustin

[139] Stephen Bustin, et al., "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Qantitative Real-Time PCR Experiments", *Clinical Chemistry*, 1 Abr 2009: https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

un incidente donde el pretendido microbio causal (la bacteria *Bordetella pertussis*) es algo que puede ser físicamente aislado, y sus secuencias genéticas confirmadas para que la PCR esté calibrada contra ella. En contraste, los protocolos PCR del SARS-CoV-2 están simplemente calibrados a fragmentos genéticos de origen desconocido. Cuando Coppolino le presionó sobre este punto, Bustin respondió, "bueno, ya sabes, esta es una manera estándar de hacer esto, así que no puedo realmente comentar más allá sobre eso, excepto que para mí es perfectamente aceptable y esa es la manera de hacerlo".[147]

Para cuando Bustin fue entrevistado por Coppolino, él ya había co-escrito y presentado un artículo titulado, "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-q PCR – Facts and Fallacies" [COVID-19 y Testeo Diagnóstico de SARS-CoV-2 por RT-q PCR – Hechos y Falacias] que fue publicado más tarde en febrero de 2021.[148] En este artículo, Bustin y co. Declararon que, el ensayo Corman-Drosten funciona y fue específico y demostró sagacidad y abnegación por todos los científicos involucrados, además de la notable velocidad con la cual los tests basados en PCR pueden ser desarrollados y puestos en práctica". Ignorando los elogios lisonjeros, la pregunta obvia permanece, ¿es específico para qué? ¿Estaban Bustin y co. Insinuando que los tests PCR son específicos para (a) secuencias ARN *short targeted*, (b) un coronavirus conocido como SARS-CoV-2, o (c) la enfermedad inventada por la OMS conocida como COVID-19? El artículo Corman-Drosten sólo establecía la especificidad analítica para amplificar algunas secuencias seleccionadas de ARN, no tenía nada que ver con establecer un virus o diagnosticar una enfermedad. El desarrollador de los *MIQE Guidelines* sin duda sabe que de los tres, sólo el primero fue estabecido científicamente y nada fue, o ha sido, validado para aplicación clínica. Y aun así, este artículo continúa para hacer el ridículo *non sequitur* de que "el testeo PCR es altamente adecuado para testeo a gran escala, como es demostrado a diario por los millones de tests llevados a cabo hasta la fecha." ¿Ha olvidado Bustin que los "tests" son simplemente una herramienta de amplificación molecular? Como el inventor de la PCR, Dr. Kary Mullis advirtió en 1993, "No creo que puedas usar mal la PCR, no, los resultados, la interpretación de ello [es usado mal]."[149]

La PCR simplemente amplifica secuencias genéticas seleccionadas y la reacción molecular misma no tiene capacidad de determinar su procedencia o la relevancia de su presencia. Si un protocolo PCR particular es realizado correctamente y tiene una sensibilidad y especificidad analíticas conocidas del

[140] Victor Corman, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Ene 2020: https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045.

[141] *The Infectious Myth* con David Crowe, "Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR", 14 Abr 2020: https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/

[142] *Planet Waves FM* con Eric Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/

[143] (Correspondencia personal de Eric Coppolino.)

[144] *Planet Waves FM* con Eric Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

100%, puede decirse que un resultado positivo no ha hecho nada más que confirmar la presencia de una secuencia objetivo. Sin embargo, si se están haciendo afirmaciones de que la PCR es una herramienta de diagnóstico, debería ser obvio que estudios de validación clínica tendrían que ser realizados antes de que el test fuese introducido a la práctica clínica. El artículo Corman-Drosten se saltó este paso, y la OMS aceptó el fraude al colocar versiones del protocolo PCR en su página web el 13 y después el 17 de enero de 2020, antes de que el artículo hubiese siquiera sido publicado.[150] Después de eso la PCR fue simplemente usada a través de razonamiento circular para hacer afirmaciones sobre diagnosticar "infecciones" en la gente.

La siguiente fase en los estadios tempranos de la presunta pandemia involucraba a "expertos" como el Especialista Australiano en Enfermedades Infecciosas, el Profesor Asociado Sanjaya Senanayake promulgando afirmaciones infundadas al público sobre la precisión de los tests. En una entrevista el 26 de abril de 2020 declaró que con respecto al testeo de COVID-19, "no hay un verdadero estándar de oro, así que los tests actuales que estamos usando, los tests PCR… son nuestro estándar de oro, pero tratando de solucionar eso, los tests PCR… pensamos que probablemente están captando alrededor del 70% de los casos".[151] Senanayake insinuó que sin no tienes un estándar de oro puedes simplemente suponer que un nuevo test PCR puede validarse a sí mismo. Sin embargo, esto va contra toda la erudición concerniente a la validación de tests. No está claro a través de esta desviación de los preceptos de lógica de validación, cómo calculó él que funcionaba "alrededor del 70%" del tiempo, sin mencionar la gimnasia mental involucrada en un estándar de oro que se detecta a sí mismo sólo *el* 70% del tiempo. Se estaría de acuerdo con esta admisión inadvertida de que "no hay un verdadero estándar de oro en el testeo de COVID-19 porque el verdadero estándar de oro es algo que no existe – eso siendo el aislamiento físico y la prueba de una partícula viral.

La OMS no estaban preocupados por la falta de un estándar de oro o evidencia de un virus y cementaron el fraude PCR declarando que un caso de COVID-19 era, "una persona con confirmación de laboratorio [en 2020, típicamente PCR] de infección COVID-19, irrespectiva de signos clínicos y síntomas".[152] En esta única frase, proclaman que los tests PCR clínicamente no validados tienen especificidad diagnóstica del 100%, y retuercen tontamente el significado de la palabra "infección" para incluir a individuos que no tienen signos o síntomas. La etimología de la palabra "infección" proporciona una derivación del latín *inficere*, que significa "manchar". El *Mosby's Medical Dictionary 2009* [Diccionario Médico de Mosby 2009] declara que la definición de infección es, "(1) la invasión del cuerpo por microorganismos patogénicos que se reproducen y multiplican, causando enfermedad por lesión celular local, secreción de una toxina, o reacción de anticuerpos antígenos en el anfitrión, y (2) una

[145] CDC, "Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Attributed to Pertussis – New Hampshire, Massachusetts, and Tennessee, 2004-2006", *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 24 Aug 2007: https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm

[146] Gina Kolata, "Faith in Quick Test Leads to Epidemic That Wasn't", *The New York Times*, 22 Ene 2007: https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

enfermedad causada por la invasión del cuerpo por microorganismos patogénicos".[153] Aunque el autor no se pronuncia sobre la patogenicidad de ningún microbio, el significado establecido de "infección" tiene que ver con un estado de enfermedad – de otra manera, debería usarse un término como "comensalismo". La OMS inventó una nueva definición absurda de "pandemia"[155] y están ahora subvirtiendo la definición de infección – una que la desconecta del concepto de enfermedad a través del sólo uso de resultados PCR. Kary Mullis no lo podría haber puesto de forma más simple cuando dijo que la PCR es, "sólo un proceso qu es usado para hacer de algo un montón de algo". Desafortunadamente, en más de una ocasión en la era COVID-19, figuras influyentes como Bustin y Senanayake han apoyado el uso de los virólogos de una herramienta de manufactura molecular para hacer toda clase de afirmaciones infundadas, incluyendo tanto la habilidad no ratificada de diagnosticar una infección novel como la detección de un presunto virus.

Cabe destacar que una mala interpretación sesgada de la PCR parece comenzar antes de que el proceso de amplificación haya empezado siquiera. Por ejemplo, el "High Pure Viral RNA Kit" de Roche, usado para preparar muestras para la PCR, declara que este, "aísla rápidamente ARN viral de plasma, suero, fluidos corporales y precipitado de cultivos de células, de mamíferos".[157] No está claro por la información del producto proporcionada cómo el kit separaría presunto ARN viral de otro ARN presente en la muestra.[158] El proceso incluye una etapa de aditivo aglutinante, pero las secuencias poliadeniladas son no específicas,[159] y los siguientes pasos de tamponación y centrifugación que describen tampoco serían capaces de diferenciar la procedencia del ARN. A pesar de esto, la sección de "protocolos" proclama que el producto final es "ARN viral purificado",[160] para que cualquiera que se crea esta afirmación infundada piense que su subsiguiente resultado RT-PCR positivo es evidencia de un virus. Lo mismo puede ser dicho para el "High Pure Viral Nucleic Acid Kit", usado por equipos como el de Na Zhu y el de Peng Zhou en sus afirmaciones de haber descubierto el SARS-CoV-2 en especímenes de pacientes y experimentos de cultivo de células. Una vez más, Roche hace la declaración espuria de que los pasos señalados en la sección de "protocolos" resultaría en "ácidos nucleicos virales purificados".[161]

Casualmente, Bustin fue cuestionado específicamente sobre las afirmaciones de Roche cuando se le planteó lo siguiente: "Supongo que el kit ha de ser capaz de distinguir ANs [ácidos nucleicos] virales de todos los otros. ¿Tienen los ANs virales una propiedad químicamente única?" Él respondió, "el proceso de extracción no es específico para ningún ácido nucleico particular pero puede ser específico para tipos de ácido nucleico. Algunos kits pueden diferenciales [*sic*] extraer *ADN* y *ARN*, pero esto significa que *cualquier ADN y ARN* estará

[147] *Planet Waves FM* con Eric F. Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: https:planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/

[148] Stephen Bustin, et al., "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR – Facts and Fallacies", *Int. J. Mol. Sci.*, 28 Feb 2021: https://doi.org/10.3390/ijms22052459

[149] David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick", *off-Guardian*, 5 Oct 2020: https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

presente en la muestra extraída [énfasis del autor]… Una pequeña cantidad del material extraído es entonces sometida a la reacción PCR. Esto es lo que proporciona la especificidad".[162] En otras palabras, Bustin no intentó proporcionar una explicación para las afirmaciones fraudulentas de Roche, pero ofuscó el asunto mediante la sustitución de la especificidad de procedencia de los ácidos nucleicos con la especificidad de las secuencias siendo seleccionadas por la PCR. Esto equivale a un engaño lingüístico que ayudó a permitir a un "virus" a aparecer de la nada.

P A R T E T R E S

"LITTLE MOUNTAIN DOG" – ¿INGENUIDAD O LUZ DE GAS?

> *Yo nunca lo habría visto si no me lo hubiese creído.* - Ashleigh Brilliant[163]

Estamos familiarizados con la alegación de que sería imposible para la mayoría de la comunidad médica y científica el ser todos cómplices a sabiendas de las metodologías acientíficas de la virología en el fraude de COVID-19. El autor no insinúa tal hipótesis, aunque se pregunta si, y durante cuanto tiempo podría la ignorancia usarse como defensa. Indudablemente, eso es por lo que se sugirió anteriormente en este ensayo (en "¿Qué es la virología?") que, "el abandono del método científico podría ser inadvertido o accidental por participantes de más bajo nivel." Se entrena a virólogos recién acuñados a seguir las metodologías de sus mayores y es improbable que lleguen lejos con su carrera profesional de elección, y por supuesto con la financiación, si disputan la base de su trabajo de laboratorio.

El 29 de junio de 2020, un supuesto científico virólogo chino conocido como "Winjor Little Mountain Dog" publicó un texto titulado, "Documentando la primera experiencia de descubrir un coronavirus novel".[164] Describía la apasionada historia de un insider decidido a revelar la verdad concerniente a lo que pasó en Wuhan a lo largo del mes precedente y quién "descubrió" realmente WH-Human 1, también conocido como "WH-01/2019", a ser renombrado más tarde "SARS-CoV-2". Para aquellos de nosotros conscientes del engaño que ha tenido lugar en la forma del COVID-19, el texto es ciertamente sospechoso de ser parte de una operación de luz de gas. De otro

---

[150] Victor Corman, et al., "Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR", OMS, 17 Ene 2020: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

[151] Sanjaya Senanayake siendo entrevistado por Jeremy Fernandez en *The Virus*, ABC News, 26 Abr 2020: https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00

[152] OMS, "WHO COVID-19: Case Definitions", 7 Ago 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

modo, la relativa facilidad en deducir de qué laboratorio originó la historia hace parecer al autor extremadamente ingenuo para un habitante del estado comunista Chino. Sin embargo, el documento será presentado como está descrito; esto es, con el narrador creyendo que estaban descubriendo virus en los siguientes pasajes seleccionados.

> *Acabo de ir a trabajar el 26 de diciembre de 2019. Como de costumbre, primero miraré los resultados de la interpretación automática de microorganismos patogénicos mNGS para este día.*

Aquí el autor describía su laboratorio realizando NGS metagenómico en especímenes crudos de pacientes, como se ha delineado en secciones precedentes de este ensayo. Fijaba el tema para el texto del autor, que describía "virus" en términos de secuencias genéticas que pueden ser detectadas en el medio ambiente y ensambladas con software de ordenador.

> *Inesperadamente, se encontró que una muestra reportó un patógeno sensible – coronavirus SARS. Con docenas de secuencias. Y esta muestra sólo tiene tal patógeno significativo.*

Este es un salto increíble de varias secuencias que han sido detectadas en un espécimen crudo al reporte de un "patógeno", aparentemente sobre la base de que esto puede ser establecido por un programa de ordenador. No sólo eso, pero el ordenador ha encontrado un "coronavirus SARS" así que de alguna manera se sabe asociado a la condición clínica "síndrome respiratorio agudo severo" [severe acute respiratory syndrome].

> *...este patógeno es muy similar a coronavirus de Murciélago parecido al SARS, con una similitud total de alrededor del 87%, y una similitud al SARS [SARS-CoV-1] de alrededor del 81%. El número de secuencias en la alineación ha aumentado de docenas a más de 500. Por añadidura, 5 cóntigos han sido ensamblados, lo cual suma más de*

---

[153] Mosby's Medical Dictionary - 8th edition, 2009, Elsevier.

[154] El diccionario Merriam-Webster define comensalismo como "una relación entre dos tipos de organismos en la que uno obtiene comida u otros beneficios del otro sin dañarlo ni beneficiarlo": https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism (accedido el 14 May 2022)

[155] Ron Law, "WHO and the pandemic flu 'conspiracies'", Rapid response, 6 Jun 2010: https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic

[156] David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick", *off-Guardian*, 5 Oct 2020: https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/ .

[157] Roche, "High Pure Viral RNA Kit – Product No. 11858882001": https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html

[158] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit – Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions for Use", Oct 2020: https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd

[159] Mary Edmonds, "A history of poly A sequences: from formation to factors to function", *Prog Nucleic Acid Res Mol Biol*, Vol 71, 2002: https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

> *1200 bp. En estos momentos, básicamente se puede confirmar que es un coronavirus... En una situación tan urgente, no hay tiempo para investigar la literatura, y no hay muchos datos a mano... Analizamos miles de genomas de coronavirus en una forma en alfombra, y los evaluamos en términos de similitud, cobertura e incluso distribución genómica, y finalmente encontramos los dos genomas más similares, bat-SL-CoVZC45 y bat-SL-CoVZXC21.*

Y simplemente así, se "confirma" que el virus existía sobre la base de comparar algunos ensamblajes *in silico* nuevos con otros ensamblajes *in silico* previamente presentados a bases de datos genéticas. El autor continúa para describir su próxima actividad de análisis de árbol filogenético y construcción de un camino evolutivo para la última adición al árbol familiar ficticio de la virología. Hay una completa ausencia de cualquier apreciación del hecho de que un virus debe poseer una existencia física real como partícula concreta con características biológicas específicas, incluyendo la habilidad de infectar anfitriones y causar enfermedad. El autor simplemente aseveró que, "el análisis ha confirmado básicamente que hay verdaderamente un virus en la muestra de este paciente". Más tarde en el texto, hace sonar alguna cautela con respecto a la patogenicidad clínica pero se mantiene convencido de su existencia al hacer el comentario de pasada de que, "si la neumonía fue causada por este virus, no lo analizamos, ni podíamos analizarlo. La detección del virus no significa que la neumonía fuese causada por el virus".

> *...para el 30 de diciembre, escuché que hay unos cuantos pacientes con síntomas similares... Lo que me puso realmente nervioso otra vez era que un amigo y hombre de negocios compartieron la secuencia para que nosotros la analizásemos. La analicé, ¡y era verdaderamente el mismo virus! ¡El primer pensamiento en el subconsciente es "este virus es contagioso"!*

No está claro si el autor sabía que los "síntomas similares" que afligían a los pacientes descritos en Wuhan eran todos síntomas respiratorios no específicos. A día de hoy, el COVID-19 no es una condición *clínica* legítimamente definida, dado que casos "confirmados" se refiere simplemente al resultado de un proceso de detección molecular. [165] Adicionalmente, ya hemos lidiado con el razonamiento circular y el proceso de autoreferencia de inventar un "genoma de virus" a través de la metodología de la virología y la posterior afirmación de que la detección de ensamblajes casi idénticos en otros lugares es confirmación de que el "mismo virus" ha sido encontrado.[166]

---

[160] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit – Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions for Use", Oct 2020: https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd

[161] Roche, "'High Pure Viral Nucleic Acid Kit – Version: 20, Cat. No. 11 858 874 001' Instructions for Use", Oct 2020: https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d

[162] (Correspondencia personal de Stephen Bustin a mi colega, 15 Oct 2021)

[163] https://ashleighbrilliant.com/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

> *El nerviosismo es que este virus desconocido pueda ser tan aterrador como el SARS; la excitación es que detectamos y confirmamos este patógeno pronto a través de tecnología mNGS y pusimos al paciente en cuarentena, y puede que sea posible prevenir y controlar el virus antes de que se propague ampliamente, ¡estrangulado en la cuna!... también espero que después de que hemos experimentado este nuevo incidente de coronavirus, la habilidad del país de manejar eventos de salud pública importantes haya hecho un gran progreso... Hasta donde yo sé, deberíamos haber sido los primeros en descubrir este virus, porque fue después de que reportamos los resultados que el sistema de control de enfermedades empezó a intervenir.*

Es cosa del lector decidir si el autor realmente creía que eran los primeros en descubrir el SARS-CoV-2 y que los expertos en salud pública tenían estas habilidades, o si este texto fue imaginado y "filtrado" como otra parte de la propaganda de COVID-19. Nunca hubo ningún virus que propagar. La única cosa que se estaba propagando alrededor del mundo, aparte del miedo, era el "genoma" ficticio WH-Human 1 y los tests PCR calibrados a sus frecuencias. La "pandemia" podría haber sido detenida de golpe mediante el rechazo de estos tests; en lugar de eso, "expertos" en salud pública ignorantes se tragaron la anti-ciencia de la virología y han sido parte del fraude de COVID-19 desde entonces.

Little Mountain Dog supuestamente quería que se supiera que su laboratorio fue, "el primero en descubrir el virus", tras la recogida de su muestra de Wuhan el 24 de diciembre de 2019, y la subsiguiente presentación a la base de datos GISAID el 11 de enero de 2020 como el ID de acceso "EPI_ISL_402123". Junto con la secuencia *in silico* de Fan Wu et al., EPI_ISL_402123 fue usada en el diseño de los protocolos PCR por el equipo de Christian Drosten (mostrado en la figura 8 más abajo). Sin embargo, como David Rasnick señaló, "nunca tocaron un virus en absoluto". Esto proporciona un elemento de ironía a la hipótesis de "fuga de laboratorio"; una narrativa que apareció en los medios *mainstream* tan temprano como febrero de 2020.[167] El "virus" fue ciertamente inventado en un laboratorio, pero era n laboratorio de ordenadores y la única entidad filtrada intencionadamente fue una simulación de ordenador. Los resultados de la simulación fueron enviados alrededor del mundo como código digital a través de internet, y los iniciadores PCR que fueron desplegados en kits *en masse* crearon los "casos" para el fraude de COVID-19.

La historia de Pequeño Perro de Montaña continuó cuando un editorial titulado, "A medida que la pandemia explotaba, un investigador vio el peligro. Los líderes de China se mantuvieron en silencio" apareció en *The Washington Post* el 22 de abril de 2022.[168] Reportaron que Little Mountain Dog tenía base en

[164] "记录一下首次发现新型冠状病毒的经历" 9 Ene 2020: https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101, una de las traducciones al inglés: "Documenting the first experience of discovering a novel coronavirus": https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

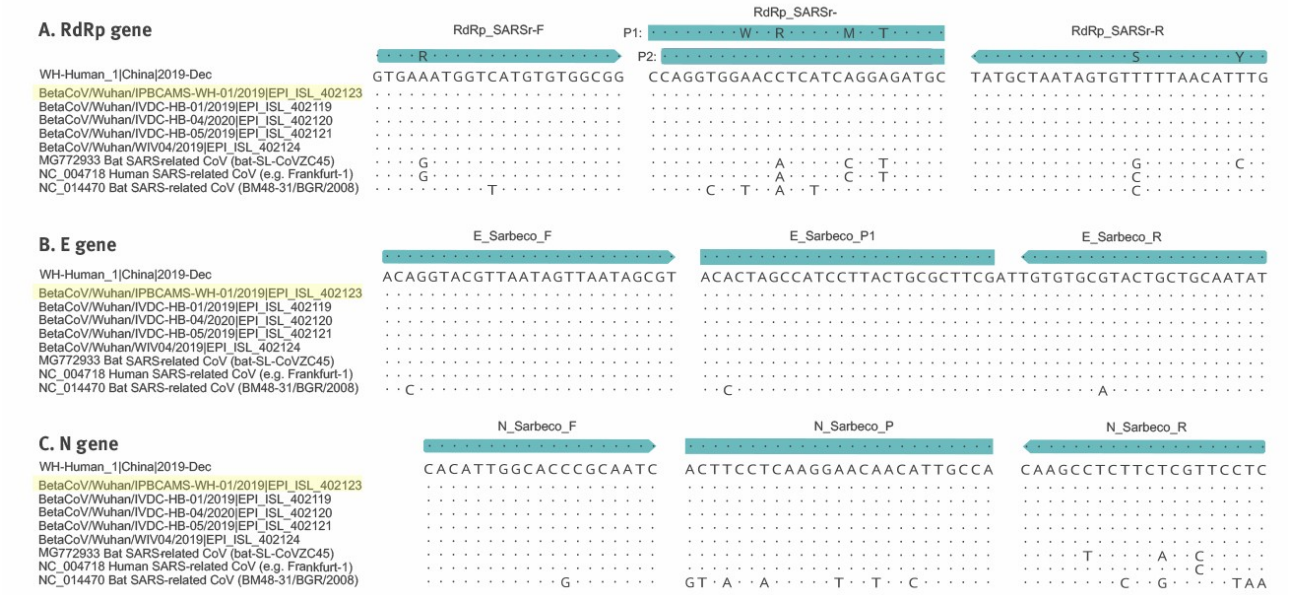


Figura 8. El depósito en GISAID de Little Mountain Dog “EPI_ISL_402123”. Apareció junto con el depósito de Fan Wu et al. “WH-Human_1 | China | 2019-Dec” para el protocolo RT-PCR de Corman-Drosten donde se declaraba, “el alineamiento [WH-Human_1 | China | 2019-Dec] fue complementado mediante secuencias adicionales publicadas independientemente en GISAID”. Fuente: “Detección de coronavirus novel de 2019 (2019-nCoV) mediante RT-PCR en tiempo real (Figura 2)”.

un laboratorio comercial “Vision Medicals” en Guangzhou, en el sur de China y, “su historia señala a un encubrimiento con consecuencias trágicas de proporción histórica. Se ocultó un grave peligro hasta que fue demasiado tarde”. El editorial promocionó todas las afirmaciones virológicas al pie de la letra e irónicamente, declararon que, “el episodio sirve para subrayar una vez más por qué se necesita una investigación seria para llegar al fondo de cómo empezó esta pandemia”. Una investigación seria de este tema demuestra que en el fondo de esta “pandemia” no hay nada más que tonterías, inventadas por los virólogos y promulgadas por outlets como *The Washington Post*.

LA DISTRACCIÓN DE LA “FUGA DE LABORATORIO”

> *Aquí asumes que la viruela es una cosa, una entidad. Este error garrafal es cometido por casi todos los seguidores de la autoproclamada “escuela normal”, y probablemente será una idea nueva para ti que te digan que ni la viruela ni ninguna otra enfermedad es una entidad, sino una condición.*
>
> - Dr. Montague R. Leverson, 1909.[169]

[165] “WHO COVID-19 Case definitions: Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case investigation and epidemiological protocol”, 16 Dic 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2 (El pequeño pie de página sí declara: “Las definiciones de casos de vigilancia no deben utilizarse como la única base para orientar la gestión clínica.”)

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

El 19 de mayo de 2022, Jeffrey Sachs, el presidente de la Lancet COVID-19 Commission, co-escribió su artículo con Neil Harrison titulado, “Una llamada a una investigación independiente del origen del virus SARS-CoV-2”.[170] La publicación abría con la siguiente enmarcación de la situación COVID-19:

> *Desde la identificación del* [sic] *SARS-CoV-2 en Wuhan, en China, en enero de 2020, el origen del virus ha sido un tema de intensa especulación pública y debate científico. Las dos hipótesis principales son que el virus emergió de exposición humana a un animal infectado (“zoonosis”) o que emergió en un incidente relacionado con investigación.*

Sin embargo, alegar que hay “dos hipótesis principales” cuenta con la aceptación de que, “la identificación del SARS-CoV-2”, significa que la partícula tiene tanto una existencia física como las propiedades biológicas específicas requeridas para cumplir la definición de un virus. Eso es, un parásito intracelular transmisible capaz de replicación que causa la presunta enfermedad novel “COVID-19”. Como se expuso en *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, no hay evidencia de que ni la partícula ni la enfermedad novel propuesta existan.[171] Además, en este presente ensayo ha habido un desglose más detallado del artículo de Fan Wu et al. Y su falsa afirmación concerniente a la “identificación” de un virus en Wuhan a principios de 2020. Por otro lado, los partidarios de la fuga de laboratorio como Sachs y Harrison, empiezan su análisis mediante la aceptación sin reservas de las premisas no establecidas de la virología.

En su artículo continuaron citando aspectos como, “la colección de CoVs de murciélago parecidos al SARS del ámbito… [y]… el análisis y manipulación de estos virus”, quejándose de que, “la naturaleza precisa de los experimentos que fueron realizados, incluyendo el despliegue entero de virus coleccionados del ámbito y la subsiguiente secuenciación y manipulación de esos vrus, continúa siendo desconocida”. Ellos obviamente no se dan cuenta de que “CoVs de murciélago parecidos al SARS” no son nada más que intestinos de murciélago triturados, declarados “patogénicos” al inyectar la porquería directamente a los cerebros de ratas neonatales. La manipulación de tales muestras tal vez sea una manera de asegurarse alguna financiación e impresionar al no iniciado, pero no cambia la realidad biológica. Tales experimentos no establecen que sus muestras contengan virus en sus tentativas públicas promocionales, no hay mucho de qué preocuparse – no importa lo que ocurre a puerta cerrada porque para empezar no tienen virus.

Con respecto al “genoma SARS-CoV-2” que los virólogos han propuesto, Sachs y Harrison declararon que ellos, “no sabemos si la inserción del FCS [sitio de corte de la furina[172] (por sus siglas en inglés)] fue el resultado de evolución

---

[166] Mark Bailey y John Bevan-Smith, “ The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[167] “Chronology for Covid & SARS-CoV-2 PCR and Metagenomics”: https://chironreturn.org/

Copyright © 2022 Mark Bailey

natural – tal vez a través de un evento de recombinación en un mamífero o humano intermedio – o fue el resultado de una introducción deliberada del FCS a un virus parecido al SARS como parte de un experimento de laboratorio". Estarían mejor aconsejados de investigar cómo fue establecido que *cualquiera* de las secuencias o proteínas que están analizando pertenecen a un virus patogénico. El debate a lo largo de los últimos años concerniente a los entresijos del FCS es simplemente un microcosmos detro del defectuoso paradigma más amplio de genómica y proteómica.

De forma similar, su mención de presunta investigación de virus ocurriendo en la University of North Carolina (UNC) o propuestas de subvenciones "filtradas" como "DEFUSE" hechos a la Agencia de Proyectos de Investigación Avanzada del departamento de Defensa de EEUU no son evidencia de virus.[173] Para ser claros, no se está disputando que instituciones como la UNC hayan estado experimentando con entidades como las proteínas espiga durante décadas. Algunas de estas secuencias han sido patentadas y utilizadas en el desarrollo de agentes biológicos inyectables, recientemente forzados a mucha gente bajo la guisa de vacunas de COVID-19.[174] Sin embargo, nada de esto requiere la existencia de partículas que califiquen como virus.

Desafortunadamente, el libro de afirmaciones de la virología se ha vuelto tan enrevesado que la mayoría de lectores no se da cuenta de que en gran medida está compuesto de tonterías. Pocos días después de que Sachs y Harrison publicasen su artículo, *The Intercept* pensaron que también estaban en la senda investigativa con respecto a, "la intrigante teoría de la ingeniería viral". Reportaron sobre un estudio de Chapel Hill de la UNC, de 2016 asociado con Ralph Baric, declarando, "los científicos crearon un virus nuevo usando la espiga de un coronavirus de murciélago que había sido aislado y caracterizado por el Wuhan Institute of Virology [WIV]". Puede suponerse con seguridad que el autor no aprecia cuán engañosamente los virólogos usan la palabra "aislado". Adicionalmente, la Figura 1 en la página 13 expone la afirmación absurda de que el WIV había "purificado viriones" que fueron entonces presuntamente utilizados por Baric et al. subsiguientemente mientras, "creaban un virus nuevo". No había evidencia de que ninguno de los dos laboratorios tuviese algo más que sopa de cultivo de células de riñón de mono.

La hipótesis de de la fuga de laboratorio es simplemente otra narrativa en la era del COVID-19 que mantiene viva en la imaginación del público la ilusión de la existencia material del SARS-CoV-2, así como de los virus patogénicos y del contagio relacionado con microbios en general. En los meses recientes la narrativa basada en el miedo ha continuado con declaraciones de brotes de viruela del mono, presunta detección de "virus" de polio en Londres, y la teoría de la fuga de laboratorio de COVID-19 hasta recibió respaldo del Director General de la Organización Mundial de la Salud en apoyo de la enfermedad fantasma y la pandemia a la que él dio nombre.[177] Parece probable que habrá

[168] Consejo editorial, "As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent", *The Washington Post*, 22 Abr 2022: https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/

[169] "English City of Leicester as Example of Benefits of Abolition of Vaccination", *Bridgeport Evening Farmer,* 21 Ago 1909.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

más historias de “fugas de laboratorio” en el futuro si continúan capturando la atención de forma tan efectiva.

Como la historia de “Little Mountain Dog”, la historia de la fuga de laboratorio no se sostiene sobre ninguna demostración científica de un virus, se sostiene simplemente sobre la creencia de que hay un virus, ayudada por alguna aparente evidencia de apoyo. En la misma línea, en noviembre de 2020, el Lowy Institute, que se describe a sí mismo como un “*think tank* de políticas internacionales” australiano, publicó un artículo con la siguiente introducción:

> *En abril de 2020 la Dra. Ai fen, cabeza del departamento de emergencia en el Hospital Central de Wuhan, concedió una entrevista a la revista china Renwu. Describió en gran detalle cómo, a finales de diciembre de 2019, había empezado a recibir numerosos pacientes en la sala de emergencias con síntomas similares a la gripe que eran resistentes a los tratamientos usuales. Relataba cómo “estalló en un sudor frío” cuando volvió el primer informe d virus de uno de sus pacientes. Rodeó precipitadamente las palabras “coronavirus SARS”, capturó la pantalla del informe, y la mandó a sus colegas. Muy rápidamente su informe circulaba por los círculos médicos de Wuhan. Pero en lugar de movilizar al hospital y a las autoridades, las acciones de la Dra. Ai le ganaron una reprimenda por el comité disciplinario del hospital, por “difundir rumores” y “dañar la estabilidad”. En lugar de advertir a los empleados y al público, las autoridades del hospital dijeron a los empleados que no llevasen equipamiento personal protector y retransmitieron instrucciones del comité de protección de salud local de que, para evitar causar pánico, se les prohibía a los doctores compartir mensajes e informes relacionados con el virus.*[178]

Al crédulo, puede sonar como un intento de cubrir el principio de la “pandemia viral” por las autoridades, pero aquellos familiarizados con el sinsentido de la virología pueden ver directamente a través de las falacias – nada de este marco requiere un virus real. Rodear “coronavirus SARS” en un “informe de virus” se basa en nada más que lo que el equipo de Fan Wu y otros equipos han hecho en sus simulaciones de laboratorio seco.

Otro doctor, Li Wenliang, aclamado por la BBC como un “*whistleblower*”,[179] también fue reportado como censurado por las autoridades chinas tras haber compartido el informe de la Dra. Ai. Se afirmó que el Dr. Li, de 33 años, murió subsecuentemente de COVID-19 después de que él, “contrajo el virus mientras trabajaba en el Hospital Central de Wuhan”. La lujosa promoción del “encubrimiento” por parte de Wikipedia[180] y los medios corporativos sería

[170] Neil Harrison y Jeffrey Sachs, “A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus”, *Proceedings of the National Academy of Sciences,* 19 May 2022: www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119

[171] Mark Bailey y John Bevan-Smith, “The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey

cómica si no fuese parte de una guerra contra la humanidad. Todas estas historias llevan de vuelta a la misma narrativa de miedo que involucra un contagioso y "mortífero virus". Permite a este fraude ser propagado y prepara el terreno para que otros fraudes similares se lleven a cabo en el futuro. Asombra al autor que tantos de la comunidad de "libertad de salud" no confíen en ninguna de las afirmaciones de los medios corporativos sobre el COVID-19, *excepto* la declaración de que hay un virus mortífero suelto, la mayor mentira de todas.

La afirmación de que solicitudes de patentes de "coronavirus" proporcionan evidencia de que los virus existen puede tratarse enérgicamente. En 2021, el Dr. David Martin, de M·CAM® International, publicó, "El Dossier Fauci/COVID-19",[181] como parte de las actividades de la compañía,

> *monitorizando posibles violaciones del Protocolo de 1925 para la Prohibición del Uso en la Guerra de Gases Asfixiantes, Venenosos u Otros, y de Métodos Bacteriológicos de Guerra (el Protocolo de Ginebra) Convención de 1972 sobre la Prohibición del Desarrollo, Producción y Almacenamiento de Armas Bacteriológicas y de Toxinas y Su Destrucción (el BTWC)* [por sus siglas en inglés].

A pesar de numerosas patentes involucrando, "métodos para producir coronavirus recombinante", y subvenciones federales a tipos como el Dr. "especialista en ganancia de función" Ralph Baric y su equipo en UNC Chapel Hill, no hay nada en ninguno de estos documentos que contenga evidencia científica de que los virus existan. Los empleados de la oficina de patentes y aquellos que aprueban subvenciones de desarrollo, no son los árbitros de plausibilidad biológica y simplemente acarrean adelante las afirmaciones de los virólogos. El dossier no era ningún indicio humeante de actividades de "ganancia de función" concerniendo a virus patogénicos. Tal vez aquellos que piensan que lo era no prestaron atención al descargo de responsabilidad de entrada de que "a través de este documento, los usos de términos comúnmente aceptados en la literatura médica y científica no implican aceptación o rechazo del dogma que representan".

---

[172] La furina es una enzima desdobladora de proteínas presente en los seres humanos y otros animales. Los virólogos afirman que cuando el SARS-CoV-2 se está produciendo en una célula, la furina corta la proteína espiga en el 'sitio de corte de la furina' antes de que salga de la célula.

[173] Samantha Bailey, "Gain of Function Garbage", 18 Ene 2022: https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/

[174] Mark Bailey y John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[175] Sharon Lerner, "Jeffrey Sachs presents evidence of possible lab origin of COVID-19", *The Intercept*, 20 May 2022: https://theintercept.com/2022/05/29/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/

[176] Vineet Menachery, et al., "SARS-like WIV1-CoV poised for human emergence", *PNAS*, 14 Mar 2016: https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

LA VIROLOGÍA Y LA SOCIEDAD CERRADA

> *No soy científico, pero es el derecho y el deber de todos los ciudadanos el mirar y ver lo que los científicos han dicho, y analizarlo por sí mismos, y sacar conclusiones de sentido común. Somos todos perfectamente capaces de hacer eso, y no hay ninguna razón particular por la cual la naturaleza científica del problema debería significar que tenemos que resignar nuestra libertad a las manos de los científicos.*
>
> - Lord Sumption, 2020.[182]

Fue la Agencia de Seguridad Sanitaria de Reino Unido (UKHSA [por sus siglas en inglés]) la que proporcionó una de las respuestas más extrañas jamás vistas en lo concerniente al ocultamiento de la verdadera naturaleza de supuestos controles en sus presuntos "Experimentos de Aislamiento y Secuenciación del SARS-CoV-2". El 27 de octubre de 2021, en relación a una solicitud de Libertad de Información [FOI por sus siglas en inglés] concerniendo al aislamiento de virus, sugirieron que la imagen mostrada en la Figura 9 más abajo proporcionaba "evidencia" del virus SARS-CoV-2.[183] Mi colega, que hizo la solicitud, no fue engañada lo más mínimo por la imagen generada por ordenador que venía sin ninguna información sobre la fuente de la imagen o cómo fue producida. La UKHSA continuó tropezando con la ciencia, declarando que los virus, "requieren el sustrato de la célula del anfitrión para replicarse. El aislamiento de cualquier virus sin ningún medio no es posible, por tanto… Estos medios y cualquier producto añadido son todos estériles y no contienen material genético adicional".[184] Sólo podemos especular con respecto a lo que la UKHSA piensa que las células del anfitrión contienen ¡si no material genético! Como la CDC, el equipo de respuesta también parecía insinuar que el artículo de Na Zhu et al., "Un Coronavirus Novel de pacientes con Neumonía en China, 2019", proporcionaba seguridad de que la imaginada partícula de virus SARS-CoV-2 tenía una existencia física.

Mi colega señaló a la UKHSA que no tenían pruebas de un virus y de tal manera se estaban implicando a sí mismos por "hacer daño a todo el mundo al infundirles miedo, despojarles de sus derechos sumariamente, y coercionarles a un tratamiento innecesario y dañino que es moralmente censurable".[185] Sin desanimarse, volvió a escribir a la UKHSA de nuevo unos meses más tarde,

[177] Mark Bailey, "Lab Leaks and other Legends", 28 Jun 2022: https://drsambailey.com/covid-19/lab-leaks-and-other-legends/

[178] Lydia Khalil, "Digital Authoritarianism, China and COVID", *Lowy Institute*, 2 Nov 2020: https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

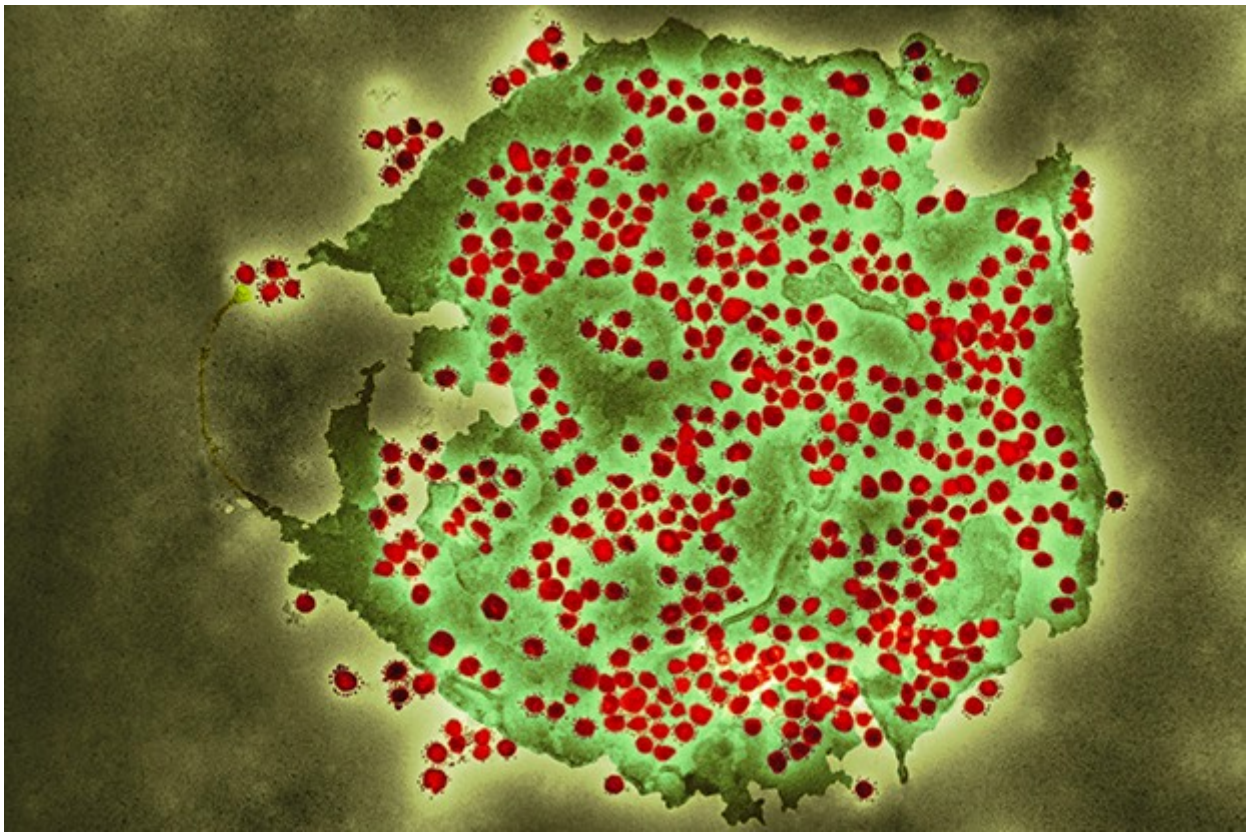


Figura 9. La pretendida farsesca “prueba” de la UKHSA de SARS-CoV-2 el 27 de octubre de 2021.

solicitando revelación de la metodología completa de los experimentos de cultivo de células y cualquier control comparativo en el artículo de Public Heallth England, “Duración de la infecciosidad y correlación con valores umbral de los ciclos RT-PCR” en casos de COVID-19, Inglaterra, Enero a Mayo de 2020”.[186] La carta de respuesta de la UKHSA datada 25 de marzo de 2022, contenía texto que representaba o bien una conspiración entre la OMS y los estados-nación soberanos de no revelar detalles sobre el engaño del “cultivo viral” que yace en el corazón del fraude de COVID-19 o una produnda ignorancia por parte de la UKHSA en describir el SARS-CoV-2 como un “virus de alto riesgo”:[187]

> *De acuerdo con la Sección 1(1)(a) del Acto, la UKHSA puede confirmar que sujeta la información solicitada correspondiente a las preguntas de arriba. Sin embargo, la información solicitada está exenta de revelación de acuerdo con la Sección 24(1) – exención de Seguridad*

[179] “Li Wenliang: Coronavirus kills Chinese whistleblower doctor”, *BBC*, 7 Feb 2020: https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795

[180] “Li Wenliang”, *Wikipedia*: https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang

[181] David Martin, “The Fauci/COVID-19 Dossier” Abr 2021: https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Nacional. La Sección 24(1) provee que la información está exenta si exención de la Sección 1(1)(b) es requerida para los propósitos de salvaguardar la seguridad nacional. En el que, requerida se considera que significa que el uso de la exención es razonablemente necesario...

Factores que apoyan la exención incluyen:
· El revelado de información constituiría información técnica muy detallada, transfiriendo conocimiento práctico, el cual contravendría directamente una petición explícita de la Organización Mundial de la Salud (OMS) a Public Health England (PHE ahora UKHSA) en 2020 de no divulgar o hacer ampliamente disponibles los detalles de la amplificación del cultivo del SARS-CoV-2;
· El revelado de esto estaría detallando la metodología exacta utilizada en amplificación de virus para un virus designado de alto riesgo, requiriendo contención Nivel 3 y que podría suponer una amenaza a la bioseguridad nacional y global si fuese proporcionada a un miembro del público no verificado o no determinado o a agentes con malas intenciones;
· El revelado de esta información proporcionaría una capacidad "de conocimiento práctico" significativa que podría en algunas circunstancias ser considerado una amenaza de bioseguridad.[188]

Una revisión de esta decisión fue solicitada por mi colega, pero la decisión se confirmó por la UKHSA el 3 de mayo de 2022, con motivo de que proporcionar los detalles del experimento de cultivo de células, "era superado por la amenaza a la seguridad nacional que el revelado supone".[189] No está claro por qué mantener en secreto los detalles de su metodología experimental es necesario para los esfuerzos del Reino Unido de "salvaguardar la seguridad nacional". Se ha expuesto que los virólogos no están realizando experimentos de control válidos y sus afirmaciones de "aislar virus" no han sido establecidas en la literatura científica. ¿Están las autoridades preocupadas de que si lo admiten oficialmente habrá una revuelta cuando el público en general se dé cuenta de los crímenes que se han llevado a cabo sobre la base de afirmaciones que se derivan de experimentos virológicos fraudulentos? Su obstrucción oficial de la divulgación de esta información al público, citando "bioseguridad", es paradójica, dado que no puede mostrarse que exista el presunto "virus de alto riesgo".

Las respuestas estúpidas de la UKHSA fueron tal vez superadas sólo por Maggie Throup, la Parlamentaria Bajo el Secretario de Estado para Vacunas y

[182] Entrevista a Lord Sumption de Jonny Dymond, *The World at One* de la BBC Radio 4, 30 Mar 2020. Transcripción: https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/

[183] (Por email de Information Rights Team, UKHSA,"Case ref: 1409 – FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 Oct 2022.)

[184] Ibid.

[185] Por email a la UKHSA, "Case ref: 1409 – FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 Oct 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Salud Pública. En un email a su compañera Miembro del Parlamento Rachel Maskell, el 27 de junio de 2022, Throup declaró que,

> *"la Agencia de Seguridad Sanitaria del Reino Unido (UKHSA) no usa los postulados de Koch en el COVID-19, ya que son demasiado limitantes, sugiriendo asociación más que causación. Koch también abandonó sus postulados cuando descubrió la portación asintomática. Los criterios Bradford-Hill son más comúnmente usados cuando se asocian virus y enfermedad. Sin embargo, debería señalarse que el SARS-CoV-2 cumple los postulados de Koch como se demuestra en el artículo siguiente, donde se ha usado [un] modelo animal".*[190]

Como fue señalado anteriormente en esta sección del ensayo, es absurdo afirmar que los postulados podían cumplirse cuando la existencia del postulado microbio nunca fue establecida. Adicionalmente, el artículo de 2020 al que Throup se refiere es "La patogenicidad del SARS-CoV-2 en ratones transgénicos hACE2".[191] Este artículo nunca estableció que hubiese un virus en sus muestras, no tuvo controles válidos, no siguió los postulados de Koch, y exhibía otros aspectos de fraude.[192] Sin embargo, Throup continuó entonces promocionando las tonterías virológicas afirmando que otro estudio,[193] "demuestra el recorrido de la enfermedad COVID-19, desde el momento en que una persona se encontró por primera vez el SARS-CoV-2, durante toda la infección hasta el punto en el cual el virus es aparentemente eliminado". Una vez más, el artículo simplemente aseveraba que había un virus en sus muestras y no tenía controles válidos, por no mencionar los otros aspectos acientíficos del estudio con los que se ha lidiado en otra parte, incluyendo la refutación completa del artículo por *ViroLIEgy* mientras era un preimpreso.[194] En otras palabras, políticos como Throup están repitiendo como loros el sinsentido de la virología y de ese modo sometiendo a sus electores a un surtido de innecesarias, y a veces mortales, consecuencias.

SECUENCIACIÓN METAGENÓMICA - ¿EL ÚLTIMO ALIENTO DE LA VIROLOGÍA?

> *¿Está la ambición reduccionista por la biología molecular en peligro de ser frustrada por el volumen de datos que produce, o incluso por el interés absorbente de su colección?* - Sir John Maddox[195]

El coste de la secuenciación ha caído de forma dramática desde 2001, cuando era más de 5000$ US por megabase cruda (Mb), hasta 2007 cuando era

[186] Anika Singanayagam, et al., "Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020", *Euro Surveill*, 25(32), 13 Ago 2020: https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483

[187] La UKHSA misma habían declarado que "a 19 de marzo de 2020, el COVID-19 ya no se considera una enfermedad infecciosa de consecuencias graves (HCID) [siglas en inglés] en el Reino Unido.": https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

alrededor de 500$ por Mb, después de lo cual cayó precipitadamente a 0,005$ por Mb para mediados de 2021.[196] Adicionalmente, la aparición de Next Generation Sequencing (NGS) alrededor de 2005, resultó en una reducción masiva en el tiempo requerido para secuenciar genomas. Como se declaró en un artículo de 2017 de *Biology and Medicine*,

> *el genoma humano, por ejemplo, consiste de 3000 millones de bps [pares base]... la secuenciación del genoma humano usando la secuenciación Sanger llevó casi 15 años, requirió la cooperación de muchos laboratorios alrededor del mundo y costó aproximadamente 100 millones de dólares US, mientras que la secuenciación por secuenciadores NGS que usan el 454 Genome Sequencer FLX llevó dos meses y por aproximadamente una centésima parte del coste.*[197]

El mismo artículo continuó para declarar, “desafortunadamente, los NGS son incapaces [*sic*] para leer la secuencia de ADN del genoma completa, están limitados a secuenciar pequeños fragmentos de ADN y generar millones de lecturas. Este límite permanece como punto negativo, especialmente para proyectos de ensamblaje de genoma porque requiere altos recursos computacionales”.

Se señala que con respecto a la virología, una preocupación mucho mayor que “recursos computacionales” es que un proceso que puede ser epleado para secuenciar material genético de procedencia conocida (es decir, células humanas, bacterianas y fúngicas) se ha metamorfoseado al ensamblaje algorítmico de fragmentos genéticos de procedencia desconocida. Esta es la base de los cazadores de virus de identificar lo que afirman son virus. Los recursos computacionales ya no son un problema para los virólogos, ya que minan información de sus metodologías de “tubería de laboratorio húmedo” completamente anticientíficas que involucran muestras crudas y alimentan estas lecturas generadas no filtradas a su “tubería de laboratorio seco” y sus modelos *in silico*.

Parecería que la combinación de costes de secuenciación masivamente reducidos y plazos acortados han acelerado el descenso de la virología a anticiencia adicional, por la cual la humanidad está pagando un precio muy caro por virus inexistentes que son inventados a voluntad y usados como excusas para intervenciones espurias y esclavitud. Una publicación de octubre de 2019 en *Critical Reviews in Microbiology* afirmó que, “mGNS [NGS metagenómica] funciona bien en identificación de patógenos poco comunes , noveles, difíciles de detectar y co-infectados directamente de muestras clínicas”.[198] Sin embargo, “funciona bien” con respecto a identificar “patógenos

---

[188] Carta de la UKHSA, “25/01/2022/ag/2334, Re:FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ controls”, 25 Mar 2022: https://www.fluridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf

[189] Carta de la UKHSA, “01/0422/ag/005, Re: Case ref 2334 – FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ Controls”, 3 May 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

virales” carece de significado ya que también ellos han caído al vórtice de razonamiento circular de la virología. La mayoría de “patógenos noveles” que listaron en su artículo eran virus derivados de la pretendidamente ventajosa

Figura 10. El sistema *Illumina MiniSeq* – cómo el equipo de Fan Wu y otros encuentran “virus” *in silico* en el siglo XXI a través de algoritmos computacionales. Tiene lugar en la tubería de laboratorio seco sin demostrar la existencia de una partícula real infecciosa causante de enfermedad.

técnica moderna “de cultivo independiente” de mNGS. Una vez más, sin embargo, si nadie puede cultivar o aislar físicamente presuntos virus, ¿cómo puede afirmarse que distintas secuencias genéticas en muestras medioambientales vienen de ellos? Como se ha señalado, la declaración por Fan Wu et al. de un “nuevo coronavirus” en Wuhan se basaba enteramente en tales secuencias genéticas ofrecidas. El intento de la virología de hacer pasar esta metodología por pruebas de partículas de virus ha introducido una hipótesis infalsificable que es inconsistente con el método científico.

[190] Por email de Maggie Throup MP a Rachael Maskell MP, Ref: ZA50772, 27 Junio 2022: https://parallelparliament.co.uk/question/315/coronavirus

[191] Linlin Bao, et al., “The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice”, *Nature*, 7 May 2020: https://nature.com/articles/s41586-020-2312-y

[192] Samantha Bailey, “Koch’s Postulates: Germ School Dropout”, 8 Sep 2022: https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/

[193] Ben Killingley, et al., “Safety, tolerability and viral kinetics during SARS-CoV-2 human challenge in young adults”, *Nat Med*, 31 Mar 2022: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/

[194] Mike Stone, “Challenging ‘SARS-COV-2’”, 11 Feb 2022: https://viroliegy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

La especialización (y automatización creciente) del proceso genómico está llevando a una situación donde pocas personas pueden entender la imagen completa desde la evaluación clínica de un paciente hasta las secuencias de nucleótidos generadas en una pantalla de ordenador. Los virólogos invalidan el proceso de "genoma de virus" desde el primer paso al no establecer nunca que tienen una partícula imaginada tal. En su lugar, afirman que tales declaraciones pueden ser hechas por decisiones de consenso, ya se etiqueten las secuencias "no-humano" o "novel" y por cuánto resultan coincidir con secuencias "virales conocidas" que fueron depositadas previamente en los bancos de datos genéticos. Sin embargo, la naturaleza no obedece historias creadas por el hombre.

El proceso de metagenómica permite la invención *de novo* de tales secuencias virales y ha permitido al tiovivo de la virología seguir girando hacia el siglo XXI. Sin embargo, debido a la incapacidad de la virología de cumplir sus propios postulados durante el pasado siglo, es casi seguro que su futuro va a estar construido alrededor del mal uso, o por lo menos mala aplicación, de la metagenómica. Uno podría esperar que los recientes fracasos de múltiples organizaciones de probar que están realizando experimentos de control válidos indica que las pandemias virales están en las últimas científicamente. Sólo pueden ser propagadas mientras este fraude final esté oculto al público. Podría esperarse en el último aliento de la virología, que la metagenómica seguirá siendo engañosamente vendida como un "avance tecnológico", de la que se afirme convenientemente que ha dejado obsoletas las pruebas científicas propiamente dichas.

Como se ha señalado, los desatinos de tal "avance tecnológico" pueden ser usualmente expuestos con una simple pregunta para comprobar si se adhiere al método científico. Por ejemplo, en 2020, un equipo canadiense afirmó que estaban comparando distintas técnicas para, "secuenciación del genoma entero del SARS-CoV-2" de frotis nasales tomadas de dos individuos supuestamente afectados con COVID-19.[199] Uno de los autores era el Dr. Andrew McArthur, un profesor asociado de bioquímica y ciencias biomédicas en la Universidad McMaster, en Canadá. Se le preguntó si ellos, "[intentaron] extraer ARN de controles sanos (personas sanas o muestras de PCR negativas) o de sobrenadante no infectado pero sin virus", para ver si podían ensamblar un "genoma de SARS-CoV-2" a través de su metodología. McArthur respondió

---

[195] "Finding wood among the trees", *Nature*, 5 May 1988: https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf

[196] National Human Genome Research Institute, "DNA Sequencing Costs: Data": https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data (Accedido el 23 Abr 2022).

[197] Mehdi Kchouk, et al., "Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation", *Biology and Medicine*, 6 Mar 2017: https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generations-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generation-24326.html

[198] Donsheng Han, et al., "mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity", *Critical Reviews in Microbiology*, 6 Nov 2019: https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

que, “no teníamos frotis de controles sanos, pero el estudio incluía controles negativos para aplicación/bibliotecas, [es decir] sin muestra de ARN incluida”.[200] Sin duda, sólo había una mención de un “control” en el artículo donde se declaraba, “una biblioteca de control negativo sin input de extracto de ARN de SARS-CoV-2 fue incluida usando amplificación ARTIC”. Una vez más, la falta de control válido, siendo una muestra derivada de humano *sans* el presunto “virus”, emplaza este artículo en los extensos archivos de tonterías metagenómicas de la virología. Irónicamente, su artículo también afirmaba que, “el COVID-19 está causado por síndrome respiratorio agudo severo de coronavirus 2 (SARS-CoV-2), un coronavirus novel, que apareció en diciembre de 2019”, siendo la cita el artículo de Peng Zhou et al., cuyo fraude fue expuesto anteriormente en este ensayo.

¿POR QUÉ CUESTIONAR LA EXISTENCIA DE VIRUS DURANTE UNA GUERRA?

El autor ha observado y estado en contacto con un número de individuos en el movimiento de “libertad sanitaria” que sostienen que no tiene sentido considerar discusiones con respecto a si se ha demostrado que el SARS-CoV-2 u otros virus patogénicos existen. Algunos de los argumentos que se han esgrimido incluyen que distrae de los crímenes que se están cometiendo contra la humanidad, que es un error estratégico ya que causa más división, y que si la hipótesis viral (o la “teoría” de los gérmenes más amplia) está siendo disputada, entonces una teoría alternativa ha de ser presentada. No hay necesidad de hacer una lista exhaustiva de individuos que afirman lo mismo, pero un ejemplo fue el académico británico Dr. Roger Watson, quien declaró en marzo de 2022, “es difícil comprender cómo Sam Bailey llega a sus puntos de vista, y no es necesario ser un negador de los virus para ser altamente crítico con la manera en que se administró la pandemia”.[201] Las críticas de Watson ejemplifica lo que se espera haber demostrado como una opinión mal informada que se basa en repetir como un loro las afirmaciones de la virología. Nuestros puntos de vista no deberían ser difíciles de entender para aquellos que hayan investigado extensivamente la historia, metodologías anti-científicas y pronunciamientos de los virólogos, incluyendo la declaración de un “coronavirus novel” en 2020, y hayan hecho esfuerzos para comunicar este fraude al público en lenguaje corriente.

En algunos casos, estos críticos declaran que todo sobre la pandemia es un fraude, *excepto* la afirmación hecha por los virólogos (y la OMS) de que el SARS-CoV-2 tiene una existencia física como una partícula patogénica. No pueden ver que la misma base del fraude también es un fraude. La dificultad para algunos, incluso aquellos en el movimiento de la libertad, podría ser que el repudio de la existencia de los virus sería a costa de poner en tela de juicio

[199] Jalees Nasir, et al., “A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture”, *Viruses*, 5 Ago 2020: https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895

[200] Por email de Andrew McArthur, 3 May 2022: https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

gran parte del trabajo de su vida. Sin embargo, durante una investigación uno no debería parar por razones de comodidad o porque el estado de conocimiento actual de uno no va más allá. Al contrario, es un grave error el permitir que los "hechos" sean dictados por el establishment virológico. El corazón del fraude de COVID-19 se basa en las afirmaciones de la virología. No es un error estratégico dirigir nuestra energía a desenmascarar las falacias de la virología, de lo contrario, derrotar las respuestas de COVID-19 dejando intactos los sinsentidos de la virología deja la puerta abierta a cualquier número de "pandemias víricas" en el futuro. Comprender el fraude en su totalidad elimina el miedo infundado al contagio y dota a uno de un camino más sólido hacia la libertad duradera.

EPÍLOGO

No importa lo largo que se un ensayo sobre este tema, siempre habrá más preguntas en forma de, "¿pero qué pasa con…?" El deseo de ajustar los fenómenos observados al modelo vírico está fuertemente programado a muchos niveles. No era la intención de este ensayo explicar las observaciones periféricas o la causa de diversas enfermedades en organismos como el ser humano. Como se ha detallado, sólo hay que demostrar que la hipótesis viral se ha refutado a sí misma en sus propios términos. Los virólogos no han proporcionado evidencia directa de virus patogénicos, y en su lugar han recurrido a observaciones indirectas que quedan invalidadas por el carácter incontrolado de los experimentos. Adicionalmente, adherirnos al método científico no nos sitúa bajo ninguna obligación de proporcionar una explicación alternativa a estos fenómenos – cuando una hipótesis ha sido falseada, incluso una vez, está acabada. Trágicamente, las explicaciones a muchas de las preguntas "pero qué pasa con…?" ya han sido contestadas en otros sitios, pero la seducción del "virus" y el *juggernaut* de intereses circundantes han formado una barrera artificial para mucha gente. En este sentido, me he esforzado por servir al propósito más elevado que conozco y espero que mis contribuciones ayuden a la humanidad a desprenderse de los grilletes víricos imaginarios de una vez por todas.

> *El progreso consiste no en el aumento de la verdad, sino en liberarla de sus envolturas. La verdad se obtiene como el oro, no dejando que crezca, sino lavando de ella todo lo que no es oro.* - Leo Tolstoy[202]

SOBRE EL AUTOR

Dr. Mark Bailey MB ChB, PGDipMSM, MhealSc (Otago)

[201] Samantha Bailey, "The COVID 'Sceptics' Who Spread Viral Dogma", 17 Mar 2022: https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/

[202] *Tolstoy's Diaries*, editado y traducido por R. F. Christian, Flamingo 1994.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Es un investigador de microbiología, salud e industria médica que trabajó en la práctica médica, incluidos estudios clínicos, durante dos décadas.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/