

# w+ ARTIKEL

## WISSENSCHAFTPLUS

LK-Verlags UG



AIDS  
SARS BSE  
CORONA  
MERS

# VIRUS: *Un Error de Interpretación*

PARTE II

Dr. Stefan Lanka

# Virus: Un Error de Interpretación

## El principio y el fin de la crisis del coronavirus

Dr. Stefan Lanka

La definición de SARS y de Corona o Covid-19 señala a un cuadro clínico de neumonía atípica como característica principal de la enfermedad. Si la medicina identifica patógenos conocidos como causantes de dicha sintomatología, se habla de "neumonía típica"; cuando no se encuentran patógenos o estos no son los comunes, se habla de "neumonía atípica". Un dato clave es el hecho de que por lo menos entre el 20% y el 30% de todas las neumonías se catalogan como atípicas. Las causas de estas neumonías atípicas se conocen desde hace tiempo y por lo tanto su causa NO debería explicarse por la presencia de un virus desconocido.

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

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

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

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

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

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

El profesor Christian Drosten, del hospital universitario Charité en Berlín, tuvo noticias al respecto y de inmediato comenzó a trabajar en la elaboración de una prueba de detección o test para virus SARS. Todo ello sin que pudiera estar claro en esos momentos que los informes provenientes de China sobre el brote de SARS se hubieran probado y, ante todo, antes de que los virólogos chinos publicaran sus investigaciones.

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

El 21.1.2020 (13 días antes de la primera publicación del CCDC!) la OMS recomendó a todos los países el uso de la prueba de detección desarrollada por el profesor Drosten. Como veremos más adelante, su pretensión de haber desarrollado una prueba de detección fiable para el virus en China agravó y globalizó el pánico por la pandemia y ello lo hizo incumpliendo las reglas establecidas del trabajo científico y violando la lógica y los principios generales de la virología.

## 1. El comienzo de la crisis del coronavirus

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

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

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

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

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

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

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

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

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

El miedo al SARS se mantuvo hasta 2019, e incluso se incrementó, debido a causa de dos publicaciones de los años 2013<sup>4</sup> y 2017<sup>5</sup>, las cuales pusieron en marcha todo tipo de especulaciones sobre la posibilidad real de que brotes de nuevos virus SARS-Corona surgieran antes o después. Los autores de ambas publicaciones afirman que existen indicios de presencia de fragmentos cortos de secuencias genéticas en murciélagos sanos que podrían formar parte de virus. Estos fragmentos de secuencias genéticas encontrados en murciélagos tendrían ►

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

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

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

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

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

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

más mortíferas, por diversos motivos, que las denominadas neumonías típicas.

Entre las causas no infecciosas se encuentra la inhalación de gases tóxicos provenientes de disolventes y de otros productos sintéticos. También la infiltración en los pulmones de comida, bebida o contenido estomacal, bien sea debido a atragantamiento o a una pérdida del conocimiento, puede causar neumonías graves (neumonía por aspiración). El agua por sí misma puede causar la sintomatología de la neumonía atípica si penetra en los pulmones. Otro grupo de posibles causas engloba el espectro conocido de trastornos inmunitarios tales como las alergias o las reacciones autoinmunes. La radioterapia contra el cáncer provoca muchas veces una inflamación en los pulmones indistinguible de la sintomatología asociada a la neumonía típica. La neumonía hipostática es una enfermedad extendida entre las personas mayores. Esta modalidad aparece debido a acumulaciones de líquido (edemas) fruto de largos periodos de postración en una cama o a causa de debilidad del corazón y/o de los riñones, hechos que desembocan en una ventilación e irrigación insuficiente de los pulmones y la consiguiente inflamación y posible neumonía atípica.

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

Las dos primeras publicaciones que trataron el coronavirus<sup>6</sup> documentaron los exámenes que se les realizaron a cinco personas enfermas de neumonía atípica en China, pero descartaron de antemano cualquier otra posible hipótesis que no fuera la infección viral como causante. No se investigó ningún otro indicio o antecedente que tomara en consideración alguna de las otras causas que hemos mencionado. Tampoco es algo que los virólogos hagan normalmente, pero, dadas las circunstancias de pánico creciente, los miembros del CDC no tuvieron ninguna oportunidad de desviarse del objetivo: tenían que encontrar un virus. Centrarse en un hipotético origen viral influye en el tratamiento de los enfermos, que se ven expuestos a un cóctel de sustancias antibióticas cuya sobredosis, por sí misma, provoca la muerte<sup>7</sup>. Todos deben también tener claro que el pánico extremo por sí mismo, y aunado a problemas respiratorios, puede causar la muerte de igual manera. La muerte por pánico puede sobrevenir incluso en un corto periodo de tiempo y no sólo en casos de complicaciones cardíacas o circulatorias preexistentes.

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

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

Por entonces, se dio a conocer que los adyuvantes, sin los cuales la vacuna no podría ser efectiva, eran un producto novedoso que no se había probado en humanos. Además, salió a la luz que esos adyuvantes estaban compuestos por nanopartículas. De las nanopartículas se conoce que son muy reactivas en virtud de su minúsculo tamaño y que se emplean como catalizador en multitud de reacciones químicas. También se sabe que el cuerpo humano no puede ni metabolizar ni eliminar estas nanopartículas. Para colmo, llegó a oídos de la opinión pública la noticia de que la canciller Angela Merkel y miembros del ejército alemán se iban a vacunar con una versión de la vacuna que no contenía los polémicos adyuvantes, mientras que la vacuna dispensada al resto de la población sí los iba a contener.

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

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

Algunas de las aportaciones de esa investigación se pueden ver en internet<sup>8</sup>, aunque no las más relevantes. Las recomendaciones principales para la gestión de una pandemia son:

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

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

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

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

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

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

#### Conceptos

- En ciencia se define a un virus por su material genético específico y perteneciente únicamente a ese virus.
- Al material genético de un virus se le denomina también cadena de material genético viral, molécula genética viral o genoma (término que emplearemos en lo sucesivo).
- El genoma del virus contiene en sucesión las diferentes secuencias genéticas, los genes virales, para el desarrollo de las diferentes proteínas virales.
- El ácido nucleico de un genoma viral puede ser ADN o ARN.



- El genoma de los coronavirus está compuesto por un ácido nucleico ARN específico rodeado por una membrana.
- El genoma de un virus concreto se define mediante la determinación de la longitud y la composición y estructura de la cadena de ARN o ADN viral.
- La composición de un genoma viral se obtiene mediante la determinación precisa del número y de la secuencia específica de los cuatro pilares constituyentes de su material genético: los nucleótidos.
- A este procedimiento de determinación del orden de las secuencias de los nucleótidos se le denomina secuenciación.
- El resultado de la determinación de las secuencias de nucleótidos de un genoma se denomina secuencia de nucleótidos o secuencia genética.
- Los virus patógenos tienen una secuencia propia y exclusiva que no se encuentra en organismos sanos.
- Con el fin de poder comprobar y determinar la presencia del genoma de un virus y siguiendo la lógica y las leyes de pensamiento de la ciencia, este virus se debe aislar y presentar en estado puro. Esta es la única manera de evitar que secuencias genéticas propias de células sanas sean erróneamente interpretadas como componentes de un virus. Es decir, es la única manera de asegurarse de que no se están confundiendo secuencias genéticas de células o tejidos sanos, incluidos en la muestra orgánica bajo estudio, con secuencias genéticas de virus en cuestión.
- La determinación de la secuencia genética de un genoma sólo es posible si ésta se presenta en forma de ADN.
- Ya que el ácido nucleico de algunos virus es ARN, para poder determinar dicha secuencia genética, ésta debe primero transformarse bioquímicamente en ADN.
- El proceso de transformación de un genoma compuesto por ARN a ADN se denomina “transcripción inversa” con las siglas “RT” en inglés (*reverse transcription*).

### Las técnicas empleadas por el profesor Drosten y las primeras conclusiones

- La electroforesis en gel es un grupo de técnicas empleadas para, entre otros usos, determinar la presencia y longitud de ácidos nucleicos separándolos por tamaño y forma en un gel al que se le aplica corriente eléctrica. En fragmentos de ADN con estructura de doble hélice, los fragmentos más pequeños migran del electrodo negativo al positivo más rápidamente que los fragmentos más grandes. Simultáneamente, con el fin de poder determinar la longitud del ácido nucleico del genoma bajo estudio, se añaden fragmentos de genomas cuya longitud se conoce.
- Si la concentración de un determinado ADN es demasiado baja, a tal punto que no se pueda comprobar con la técnica de la electroforesis en gel, se emplea una técnica que multiplica (“ampli-

fica”) exponencialmente un fragmento específico de ADN seleccionado. Este método se conoce como “reacción en cadena de la polimerasa”, o PCR por sus siglas en inglés. Gracias a esto se consigue la concentración suficiente para hacer al fragmento de ADN visible en la electroforesis en gel. Esta es la condición previa para que la determinación definitiva de la longitud y secuencia de un genoma sea posible.

- El inventor de la técnica PCR, Kary Mullis, fue galardonado con el premio Nobel de Química en 1993 por el hallazgo. El test fue ideado desde un comienzo para su uso en una sala blanca como las existentes en las plantas de fabricación de semiconductores, es decir, una zona de ambiente controlado para eliminar todo polvo y toda contaminación. Además, Mullis alertó que este método era propenso a errores. En su discurso de recepción del premio Nobel, disponible en la página del comité del premio Nobel, el científico hizo referencia a que no existía ninguna comprobación científica demostrable según la cual se pudiera señalar al genoma del VIH como causante de un debilitamiento inmunológico o de enfermedad alguna; todo inadmisiblemente reunido dentro del término “SIDA” y tratado con quimioterapia altamente tóxica.

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

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

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

El profesor Drosten utilizó la técnica “real-time RT-PCR” para el desarrollo de su test de detección del coronavirus. Para su programación extrajo de un depósito de datos disponible en internet diferentes secuencias genéticas cortas asociadas a los ►

virus SARS, eso en una fecha tan temprana como el 1.1.2020. En base a esas secuencias cortas, presuntamente pertenecientes a virus SARS, concibió las decisivas “plantillas” para la PCR (las secuencias PCR-primer), es decir, las secuencias genéticas delimitadas por iniciadores o primers que el test debía amplificar, con el fin de comprobar el “aún” desconocido virus chino.

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

El quid de la cuestión es que, antes de que el equipo chino publicara sus propuestas de secuenciación del genoma del virus el 24.1.2020 y el 3.2.2020, la OMS ya anunció el 21.1.2020 que respaldaba el test PCR para la detección del nuevo virus elaborado por el profesor Drosten. ¿Qué implicaciones tienen estas fechas? Demuestran que el profesor Drosten utilizó necesariamente datos no verificados para el diseño de su test PCR, datos que no provenían en ningún caso del epicentro del supuesto brote en China. Esto no impidió la rápida difusión del test PCR para la detección del 2019-nCoV, renombrado el 7.2.2020<sup>12</sup> SARS-CoV-2 con la colaboración del propio Drosten.

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

Sólo con esa información puede comprobarse que el profesor Drosten traspasó todos los límites de la correcta práctica científica hasta llegar a un claro fraude con enormes consecuencias. Tampoco hay que obviar que la revista que utilizó para realizar la publicación del método de su test el 23.1.2020<sup>13</sup> no se encargó de comprobar las declaraciones efectuadas.

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

Se nos presenta la pregunta central y decisiva de si el Prof. Drosten ha acatado su deber como científico —parte fundamental de su contrato laboral<sup>14</sup> y de si ha revisado y comprobado él mismo de manera consecuyente todas las afirmaciones incluidas en su publicación referentes al método de detección que había desarrollado y, por ende, las declaraciones públicas que ha hecho al respecto. Debido a este deber científico surgen las siguientes tres preguntas centrales:

I. ¿El profesor Drosten ha comprobado si las secuencias genéticas que ha empleado como “plantilla” para la elaboración de su test, provienen realmente de un virus y, en tal caso, del supuesto virus presente en el brote de Wuhan?

II. ¿El profesor Drosten ha realizado las pruebas de control exigidas por la ciencia con el fin de demostrar que esas secuencias genéticas provienen realmente de un virus? ¿Ha realizado esas pruebas para descartar que esas secuencias genéticas, que él adscribe al virus, no sean en realidad secuencias genéticas que surjan fruto del metabolismo en humanos, animales o incluso plantas como papayas en Tanzania<sup>15</sup>? ¿O que, estando presentes en el cuerpo humano, se multipliquen a causa de una enfermedad?

III. ¿En base a qué hipótesis, experimentos y pruebas de control puede asumir el profesor Drosten, que su test de detección pueda realmente “detectar” un virus completo, activo y causante de enfermedades cuando sólo está comprobando la presencia de dos genes de los supuestos diez que teóricamente componen el genoma del coronavirus? ¿Cómo sabe que está comprobando la existencia de un virus y no, como mucho, fragmentos del mismo provenientes de un exitoso desempeño del sistema inmunitario, o igual de la presencia de virus “defectivos”, “incompletos” e “inofensivos” en nuestro genoma, que típicamente componen el 50% del total de genes de nuestros cromosomas?

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

El virólogo profesor Drosten desarrolló, como sabemos, el método de detección del nuevo coronavirus (llamado en un primer momento 2019-nCoV y tras el 7.2.2020 bautizado como SARS-CoV-2). Describe el desarrollo del test en una publicación que salió a la luz el 23.1.2020.<sup>16</sup> En la página 3 de su aportación, columna izquierda, línea 8 desde abajo, escribe el primer y definitivo paso de su procedimiento: “*Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak.*” (Antes de la publicación oficial de las secuencias del virus extraídas de casos de 2019-nCoV, nos basamos en informes de redes sociales anunciando la detección de un virus similar al SARS. Por tanto, asumimos que un coronavirus relacionado con el SARS estaba involucrado en el brote).

En resumen, el profesor Drosten y sus trabajadores, tras conocer los informes de las redes sociales, asumieron que tras el brote ►

de neumonía atípica podría encontrarse un coronavirus. Por entonces, aún no habían datos clínicos disponibles que dieran pie a una suposición de esa naturaleza. ¿Cuál fue su siguiente paso? *"We downloaded all complete and partial (if >400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020."* (Descargamos todas las secuencias completas y parciales (if >400 nt) de virus relacionados con el SARS disponibles en GenBank el 1 de Enero de 2020). Continúa en la tercera página, columna derecha, tercera línea desde arriba: *"These sequences were aligned and the alignment was used for assay design (Supplementary Figure S1).* (Las secuencias se alinearon [observación mía: mediante secuencias estándar de virus-SARS previamente establecidas] y la alineación se usó para desarrollar nuestro test Imagen suplementaria S1). *"Upon release of the first 2019-nCoV sequence at virological.org, three assays were selected based on how well they matched to the 2019-nCoV genome (Figure 1)"* (Una vez publicada la primera secuencia del 2019-nCoV en virological.org, se eligieron tres ensayos basados en lo correctamente que encajaban con el genoma del 2019-nCoV (figura 1)).

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

I. ¿El profesor Drosten ha comprobado si las secuencias genéticas que ha empleado como "plantilla" para la elaboración de su test, provienen realmente de un virus y, en tal caso, del supuesto virus presente en el brote de Wuhan?

La respuesta es: ¡no! Él no pudo en ningún caso comprobar si las secuencias que descargó de internet de GenBank provenían de un virus y concretamente, del virus SARS de Wuhan, ya que las dos publicaciones clave en las que científicos chinos describen cómo se consiguieron las secuencias genéticas preliminares del virus no se publicaron hasta después de que se lanzara al mercado su test. La OMS recomendó el test del profesor Drosten a una fecha tan temprana como el 23.1.2020, mientras que ambas publicaciones del CCDC salieron a la luz el 24.1.2020 y el 3.2.2020 respectivamente.

II. ¿El profesor Drosten ha realizado las pruebas de control exigidas por la ciencia con el fin de demostrar que esas secuencias genéticas provienen realmente de un virus? ¿Ha realizado esas pruebas para descartar que esas secuencias genéticas, que él adscribe al virus, no sean en realidad secuencias genéticas que surjan fruto del metabolismo del cuerpo humano o que, estando presentes en el cuerpo, se multipliquen fruto de una enfermedad? ¿O que estén presentes en plantas o animales?

La respuesta es: ¡no! Ni él, ni los virólogos del CCDC han dejado constancia de haber realizado hasta hoy estas pruebas de control y menos de haberlas publicado. Dichas pruebas de control consistirían en emplear secuencias genéticas cortas de muestras de personas sanas y secuenciarlas. Esas secuencias genéticas cortas deberían de ser procesadas, al igual que se hace con las secuencias genéticas extraídas de personas enfermas, por el mismo programa informático que se emplea para construir el genoma del virus. Así se vería si los fragmentos con los que se construye el genoma del virus sólo se encuentran en personas enfermas y, por tanto, corresponden a un virus ajeno al cuerpo o, por el contrario, también se encuentran en personas sanas (y no provienen de virus alguno). Esta prueba o nunca se realizó o nunca se publicó. Las pruebas de control, elementales para la lógica de la virología y las

leyes de pensamiento, y requeridas para el control consecuente de los resultados, ni se mencionan. Tan pronto como un experimento así se realizara y se publicara, la crisis del coronavirus se esfumaría en un abrir y cerrar de ojos.

Otra prueba de control lógica sería emplear el test PCR (real-time RT-PCR) para analizar pruebas clínicas de personas aquejadas de todo tipo de enfermedades distintas a la sintomatología asociada con el virus y examinar muestras de personas sanas, animales y plantas para ver si esas pruebas también reflejan un resultado de infección "positivo". El test PCR está siendo empleado en todo el mundo con decenas de millones de personas. La única manera de comprobar si es válido para el uso que se le pretende dar, y asegurarse de que no está arrojando millones de resultados incorrectos, es realizar las pruebas de control mencionadas, las cuales no se han llevado a cabo ni se presume que se lleven a cabo. Este es el motivo por el cual los inventores y fabricantes de este test se han asegurado de incluir las respectivas indicaciones en el prospecto, como por ejemplo que el test no es adecuado para fines de diagnóstico y que sólo debe emplearse a efectos de estudio.

Puedo pronosticar con seguridad, que personas aquejadas de enfermedades en órganos con epitelio escamoso ectodérmico, como por ejemplo pacientes con afecciones renales, darán positivo en el 100% de los casos por el método PCR del profesor Drosten. Los organismos de estas personas generan dichas secuencias genéticas que, al estar presentes en las muestras orgánicas que se extraen de ellas para posteriormente amplificarse mediante el método PCR y concentrarse, son las que dan positivo en el test. Por otra parte, los virólogos trabajan en el laboratorio con este tipo de tejidos y células cuando realizan sus experimentos para aislar virus.

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

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

III. ¿En base a qué hipótesis, experimentos y pruebas de control puede asumir el Prof. Drosten, que su test de detección pueda realmente "detectar" un virus completo, activo y causante de enfermedades cuando sólo está comprobando la presencia de dos genes de los supuestos diez que teóricamente componen el genoma del coronavirus? ¿Cómo sabe que está comprobando la existencia de un virus y no, como mucho, fragmentos del mismo provenientes de un exitoso desempeño del sistema inmunitario, o igual de la presencia de virus "defectivos", "incompletos" e "inofensivos" en nuestro genoma, que típicamente componen el 50% del total de genes de nuestros cromosomas?

Estas evidentes y lógicas preguntas parecen no haber sido contempladas en los cálculos del profesor Drosten, ya que ►



brillan por su ausencia en sus publicaciones y suposiciones. La comprobación únicamente de secuencias genéticas cortas pertenecientes teóricamente al genoma mucho más largo de un virus nunca podrá ser demostración de la presencia de un virus completo y, por tanto, capaz de reproducirse. Para poder considerar válido un test PCR de esas características, primero habría que llevar a cabo estudios, cuyos resultados reflejaran que la detección de secuencias genéticas cortas implica automáticamente la presencia de un genoma completo de un virus. Estudios de esa naturaleza son necesarios y, hasta hoy, no se han realizado ni se han mencionado siquiera.

La viróloga profesora Karin Möllig, experta en el ámbito de los virus endógenos de las propias células considerados inofensivos, incompletos o defectivos, definió las medidas llevadas a cabo por los gobiernos como injustificadas. Ha demostrado en publicaciones y en un libro <sup>17</sup>, que la mitad del genoma humano, es decir, la mitad de las secuencias que componen nuestros cromosomas, provienen de secuencias genéticas de virus inactivos y defectivos. Lo que no sabe, o calla, es el hecho de que el metabolismo genera constantemente secuencias genéticas de ARN de cualquier composición, las cuales no aparecen en forma de secuencias de ADN en los cromosomas. El modelo tradicional de la genética nos dice que el genoma es ADN y que la transcripción de ADN transfiere la información contenida en su secuencia para generar un producto funcional, como es el caso de una proteína, empleando al ARN como mediador. Sin embargo, se ha descubierto que el ARN puede generarse independientemente del genoma de ADN y que cumple muchas funciones y produce proteínas, para las cuales el ADN no tiene “genes” o “plantillas de información” disponibles.

Este hecho por sí mismo cuestiona todas las hipótesis sobre la existencia de todos los virus con ARN como, por ejemplo, los coronavirus, Ébola, VIH, sarampión y los virus SARS. ¿Y si las secuencias genéticas de ARN que los científicos encuentran en las muestras de tejidos analizadas no son parte de un virus externo, sino parte integrante del metabolismo de los seres vivos? Por este motivo, realizar las pruebas de control no sólo acabaría con la crisis del coronavirus, sino también con el miedo frente a los presuntos virus patógenos y los tratamientos inadecuados recetados por la virología. Puedo asegurarles, que las infecciones asociadas a los virus tienen otras causas comprobadas por la ciencia. Les remito al respecto a nuestro artículo “Virus: Un Error de Interpretación parte I” de la edición de nuestra revista WissenschaftPlus Número 1/2020, que también puede adquirirse por separado. Y por supuesto les remito a nuestras otras aportaciones al respecto.



Próximamente publicaremos

“Virus: Un Error de Interpretación parte III”

## Listado de fuentes

<sup>1</sup> A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJMoa2001017. Publicado el 24.1.2020.

<sup>2</sup> Von der Verantwortung eines Virologen. Ist Christian Drosten Opfer oder Täter? (Sobre la responsabilidad de un virólogo. ¿Es Christian Drosten víctima o victimario?) Publicado el 26.5.2020 en el blog del activista por la paz Peter Frey, peds-ansichten.de <https://kenfm.de/von-der-verantwortung-eines-virologen/>

<sup>3</sup> SARS, Wikipedia. [https://es.wikipedia.org/wiki/S%C3%ADndrome\\_respiratorio\\_agudo\\_grave](https://es.wikipedia.org/wiki/S%C3%ADndrome_respiratorio_agudo_grave).

<sup>4</sup> Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*. Band 503, 2013, S. 535–538, doi:10.1038/nature12711 <https://www.nature.com/articles/nature12711>

<sup>5</sup> Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. Ben Hu, Lei-Ping Zeng, Xing-Lou Yang et al., *PLoS Pathogens*. 13(11): e1006698, doi:10.1371/journal.ppat.1006698; <https://journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1006698>

<sup>6</sup> Ver cita 1 y: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269*. <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>

<sup>7</sup> Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420–22. Published Online February 17, 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X); [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600\(20\)30076-X/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600(20)30076-X/fulltext)

<sup>8</sup> Bundesgesundheitsblatt, edición Nr. 12, Diciembre 2010. Pandemien. Lessons learned <https://link.springer.com/journal/103/53/12>

<sup>9</sup> Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten und Mitarbeiter. *Euro Surveill*. 2020;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6988269/>

<sup>10</sup> Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. (Diagnostika: Primer test desarrollado para el nuevo coronavirus). *Revista médica del 21.1.2020*. [https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika\\_erster\\_Test\\_f%C3%BCr\\_neuartiges\\_Coronavirus\\_entwickelt](https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika_erster_Test_f%C3%BCr_neuartiges_Coronavirus_entwickelt)

<sup>11</sup> Ver 6

<sup>12</sup> Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group. *bioRxiv preprint* doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>;

<sup>13</sup> Ver 9

<sup>14</sup> §2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ (Principios de la buena práctica científica: (1) entre otros “poner en duda uno mismo de manera consecvente todos los resultados” y “mantener los principios reconocidos del trabajo científico en sus propias disciplinas”) en: Neufassung der Satzung der Charité Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis (Nueva versión de los estatutos del hospital universitario Charité Berlín para el aseguramiento de la buena práctica científica) del 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) puede leerse en alemán aquí: [https://www.charite.de/fileadmin/user\\_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB\\_208.pdf](https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf)

<sup>15</sup> Un ejemplo de cómo se lidió en la opinión pública con la noticia de que también frutas dieron positivo de “SARS-Cov-2” se pueden encontrar aquí en alemán: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papayaziege-tansania-test-100.html> o aquí en español: <https://canariasnoticias.es/2020/05/08/una-cabra-y-una-papaya-dan-positivo-de-coronavirus-en-tanzania>

<sup>16</sup> Ver 9

<sup>17</sup> Ver el libro de Karin Mölling con el interesante título “Viruses: More Friends Than Foes”, 420 páginas, publicado en 2016 en idioma alemán.



# MAUNAWAI® Kini

## ➤ Tischwasserfiltersystem

*Table Water Filter System*



● ● ● made  
in Germany

**100%**  
frei von  
Weichmachern  
*free of  
plasticizers*

Die MAUNAWAI® Kanne macht aus jedem Leitungswasser ein Wasser wie aus unberührten Bergquellen. Sie erhalten bestes schadstofffreies und lebendiges Wasser, welches unserem Zellwasser sehr ähnlich ist und deshalb vom Körper optimal aufgenommen und verwendet werden kann.

Die MAUNAWAI® Kanne Kini wird aus hochwertigem, lebensmittelechtem Kunststoff in Deutschland produziert und geprüft.

*The MAUNAWAI® jug turns every tap water into a water fresh out of virgin mountain springs. What you get is the best pollutant-free and vital water, which is very similar to your cell water and thus can be absorbed and used by your body in an optimal way.*

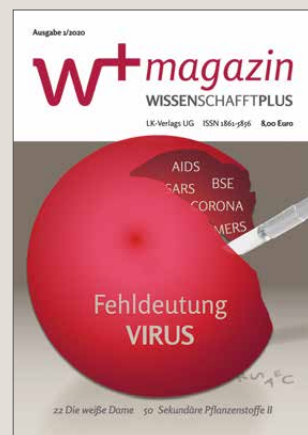
*The jug is easy to use. Fill the upper tank with tap water, the water runs in a few minutes through the PI filter cartridge and is immediately ready to drink.*

**Information** MAUNAWAI GmbH

Tel.: +49 3327 570880 · [info@maunawai.com](mailto:info@maunawai.com) · [www.maunawai.com](http://www.maunawai.com)

# w<sup>+</sup>magazin

## Abonnement



Abonnieren Sie jährlich 4 Ausgaben des **w<sup>+</sup>magazin**s:

als gedrucktes Heft: 29 Euro  
 als PDF per E-Mail: 18 Euro  
 oder gedruckt+PDF: 38 Euro  
 unter [www.wissenschaftplus.de](http://www.wissenschaftplus.de)

Bestellen Sie eine kostenlose Probeausgabe (als PDF oder Print) von Wissenschaftplus

per E-Mail: [info@wplus-verlag.de](mailto:info@wplus-verlag.de)  
 oder telefonisch: 03327 5708830

