

Stefano Dumontet

Il “covid” esiste?

Parlare oggi di “covid” è sempre più difficile. La macchina della propaganda ha saturato tutte le nostre capacità cognitive. Troppe informazioni, troppe verità, troppe certezze, troppi studi, troppe analisi, troppe teorie, troppi decessi, troppe incertezze e, in ultimo, troppe “varianti”, che oggi si contano letteralmente a milioni.

In questa storia tutto è eccessivo. Il SARS-Cov-2 è stato elaborato in un laboratorio militare ed è stato deliberatamente fatto circolare nel mondo. No, forse è stato solo un incidente. Oppure si tratta di uno “spillover”, un “salto di specie”, da un pipistrello all’uomo. C’è anche la possibilità che invece del pipistrello sia stato un pangolino. Eppure, a Hong Kong due cani pechinesi sono stati trovati positivi al virus e in Danimarca sono stati abbattuti milioni di visoni per evitare il contagio all’uomo.

Prodotto della guerra batteriologica, virus naturale che “salta” da un animale all’uomo o virus nuovo che si affaccia sulla scena epidemiologica mondiale. Quale di queste ipotesi è vera? Nessuna. Il SARS-Cov-2, come agente eziologico del Covid-19, semplicemente non esiste in natura. È frutto delle elaborazioni dei biologi molecolari ed esiste solo *in silico* negli algoritmi dei bioinformatici.

Fare tali affermazioni può generare diffidenza in chi legge a causa dell’innegabile e reale aumento di mortalità nel 2020. I decessi, infatti, sono l’unica cosa vera in questa complessa vicenda. Per razionalizzare un po’ il nostro approccio al “covid”, bisognerebbe fare un esercizio di logica e separare il presunto patogeno (SARS-CoV-2) dalla malattia (Covid-19), visto che il Covid-19 non è per nulla una patologia nuova, ma è una vecchia malattia (si chiamava polmonite interstiziale), conosciuta da decenni e ribattezzata in occasione degli eventi del 2020. Il SARS-Cov-2 non è mai stato isolato, purificato, coltivato in coltura pura e testato per la sua patogenicità. Dunque, non esiste nessuna evidenza scientifica che il patogeno, causa dell’epidemia di polmoniti interstiziali nel 2020, sia il SARS-Cov-2. La polmonite ha comunque mietuto le sue vittime, indipendentemente dalle nostre diatribe.

Dunque, i decessi di quell’anno sono dovuti a una grave epidemia di polmonite affrontata con la “vigile attesa”, con protocolli terapeutici inadeguati e con l’affollamento inaudito degli ospedali che li ha portati al collasso. Il tutto condito con la distruzione sistematica del servizio sanitario nazionale, l’annichilimento della medicina di prossimità e la paura diffusa a piene mani dal governo e dai mass media.

Le polemiche sulle cure hanno infuriato per due anni. Ivermectina sì, ivermectina no. Idrossiclorochina da evitare assolutamente, idrossiclorochina farmaco salvavita. Vitamine C e D rimedi da ciarlatani, oppure semplici e efficaci rimedi a basso costo? E che dire della quercitina, della melatonina? Oppure, come si legge sul sito dell’AIFA, da usare sarebbero farmaci dai nomi esoterici come l’Anakirna, il Baricitinib, il Sarilumab, il Tocilizumab, il Darunavir/cobicistat. Stranamente, nella lista compare anche l’idrossiclorochina, demonizzata per lunghissimi mesi da tutti gli esperti, da tutti i virologi, da tutti gli epidemiologi e da tutti quelli che hanno avuto enorme visibilità a fronte di zero competenze.

In occasione della pandemia denominata “spagnola”, che ha infuriato negli anni immediatamente successivi alla prima guerra mondiale, i medici dell’epoca, abituati ad avere a che fare con cose concrete, hanno allestito migliaia di preparati istologici di biopsie polmonari dei pazienti. Si tratta di frammenti di tessuto polmonare fatti aderire a vetrini per il microscopio (rettangoli di vetro di 75 millimetri per 25 millimetri), fissati e colorati con appositi prodotti per l’istologia. Questi preparati sono giunti sino a noi e ci hanno permesso di capire che la “spagnola” non era per nulla una

malattia virale, bensì una polmonite batterica a carico di uno pneumococco. Persino una celebrità dei nostri tempi, Anthony Fauci, è coautore di un articolo che indica lo pneumococco come agente eziologico della “spagnola”. Dunque, niente infezione da virus H1N1, [ma infezione batterica](#).

Perché non si è fatta la stessa cosa con i deceduti da “Covid-19”? Perché proibire le autopsie e cremare immediatamente i cadaveri? Perché invece che inseguire fantomatici frammenti di geni nel liquido bronco-alveolare dei pazienti non si è provveduto ad allestire dei preparati di biopsie polmonari da osservare con un microscopio ottico, la cosa più semplice e più sensata del mondo? Cosa mai fatta da nessuno, nonostante i miliardi di “infetti covid”.

Cerchiamo di seguire le tracce del virus più elusivo della storia della medicina.

Nel dicembre 2019 ricercatori cinesi analizzano il liquido di lavaggio bronco-alveolare di due pazienti adulti ricoverati con una polmonite grave in un ospedale di Wuhan. I pazienti, in verità, erano tre, ma uno muore e viene negata l’autorizzazione a ulteriori studi.

I ricercatori trovano frammenti di geni a loro avviso non presenti nelle banche dati genetiche e suppongono di essere in presenza di un nuovo patogeno virale, che battezzano con la sigla 2019-nCov (nuovo coronavirus 2019). Lo studio è pubblicato come “brief report” sul *New England Journal of Medicine* (una delle più prestigiose riviste mediche del mondo) [il 20 febbraio 2020](#). Candidamente, i ricercatori cinesi ammettono: “Sebbene il nostro studio non soddisfi i postulati di Koch, le nostre analisi forniscono prove dell’implicazione del 2019-nCoV nell’epidemia di Wuhan”. I postulati di Koch sono i requisiti essenziali per definire un microrganismo come patogeno. In altre parole, l’affermazione suona come: “benché i nostri risultati non possono dimostrare che le sequenze geniche del supposto microrganismo appartengano a un patogeno, noi pensiamo che sia un patogeno”. Affermazioni tautologiche e senza fondamento scientifico.

Il problema principale del SARS-CoV-2 (nome definitivo dato a questo sfuggente patogeno) è che non è mai stato adeguatamente purificato e isolato, ma è stato assemblato digitalmente da un database informatico. Gli scienziati dei Centers for Disease Control and Prevention (CDC) spiegano, in un documento ufficiale, di aver avuto a disposizione [solo 37 paia di basi](#) di un genoma che ne conterrebbe più 30.000. Il che significa che solo lo 0,12% della sequenza virale deriva da campioni prelevati in vivo. Le altre 29.963 paia di basi che compongono il genoma sono state derivate utilizzando un programma bioinformatico. Questa procedura ha un nome: si chiama frode scientifica.

Il famoso test PCR, il “tamponi” celebrato come il gold standard nella diagnosi del “covid-19”, soffre delle stesse incongruenze, approssimazioni, manipolazioni che caratterizzano l’avvento nella realtà del SARS-Cov-2, nato come 2019-nCov, un virus mai isolato e mai coltivato in coltura pura.

Nell’[articolo di Cornam e Drosten](#) (più altri ventidue autori), pubblicato su *Eurosurveillance* il 23 gennaio 2020, quindi *circa un mese prima la pubblicazione dei ricercatori cinesi di Whuan*, che descrive le basi teoriche della costruzione del test PCR, si legge testualmente:

Prima del rilascio pubblico di sequenze di virus da casi di 2019-nCoV, ci siamo affidati ai rapporti sui social media che annunciavano il rilevamento di un virus simile alla SARS. Abbiamo quindi ipotizzato che un CoV correlato alla SARS sia coinvolto nell’epidemia.

Tutto quello che è successo nel 2020 e nel 2021 (incluse le violazioni delle libertà personali dovute all’imposizione *de facto* dei vaccini anti-covid) è nato da ipotesi autoreferenziali e dall’essersi affidati ai rapporti sui social media.

Se tutto ciò non fosse ancora chiaro, segnalo un’altra frase illuminante dello stesso articolo:

Segnaliamo qui l’istituzione e la convalida di un flusso di lavoro diagnostico per lo screening e la conferma specifica del 2019-nCoV, progettata in mancanza di disponibilità di virus isolati o campioni originali di pazienti. Il progetto e la convalida sono stati resi possibili dalla stretta parentela genetica al SARS-CoV del 2003, e aiutato con l’ausilio della tecnologia basata sugli acidi nucleici sintetici.

Tradotto in linguaggio corrente significa: abbiamo validato una procedura che ci permette di creare, grazie agli algoritmi bioinformatici, ciò che vogliamo. Che il nostro lavoro dia risultati reali o no, non ha la minima importanza.

In conclusione, ci troviamo di fronte un virus costruito *in silico*, che assurge alla dignità di concretezza attraverso un'azione patogena mai dimostrata, che si presume in grado di provocare una vecchia e ben conosciuta malattia, fatta passare per nuova e sconosciuta. Malattia diagnosticata con un test che non funziona e combattuta con vaccini che non immunizzano.

Cosa rimane? Rimane il solo “segno” della scienza, privato della sua essenza reale e vissuto al di fuori del razionale, perché non si commisura e non ha bisogno di commisurarsi a nessuna istanza, se non quella dell'infinita possibilità combinatoria in uno spazio che non ha più bisogno di essere reale. Uno spazio che, guarda caso, determina .verità immaginarie funzionali ad agende inconfessabili.

Inserito: 26 ottobre 2023;
Scienza e Democrazia/Science and Democracy
www.hansruesch.net/sci-dem/scidem.htm