

<https://www.eldiestro.es/2021/10/houston-tenemos-un-problema-la-oms-confirma-en-un-pdf-que-tampoco-tienen-secuenciado-el-virus/>

¡Houston, tenemos un problema! La OMS confirma en un PDF que tampoco tienen secuenciado el virus

Por

[El Diestro](#)

-

17 octubre, 2021

Siguen apareciendo muchas más pruebas de la farsa que estamos viviendo y la última la hemos recibido por correo electrónico hoy mismo por parte de una persona de la que vamos a mantener su anonimato.

El correo electrónico que hemos recibido comienza diciendo "...soy un ciudadano español, que he estado investigando el asunto del virus, desde que se decreto el estado de alarma. **He interpuesto denuncia ante la fiscalía europea en Junio de 2021, contra el Gobierno de España, la OMS, foro económico mundial, Bill Gates, etc...**"

En ese correo nos cuenta, además, que ha encontrado "un documento de la OMS donde tampoco tienen la secuenciación del virus sars cov2 y habla muy claramente en un apartado sobre una secuencia virtual realizado por ordenador, entre otras muchas cosas".

El genocidio de Gaza por Israel - El Diestro

Ante la "Gran Apostasía", el filósofo católico argentino Patricio Shaw presenta sus Obr...

Mi judía errante - El Diestro

Plinko: Uma Experiência Icônica de Entretenimento e Emoção! - El Diestro

Netanyahu es un criminal de guerra, y un genocida - El Diestro

Leer más...

El documento al que se nos hace mención este correo se puede encontrar haciendo clic en este [enlace](#) y en la **página 6, apartado 3.5** titulado "**Consideraciones bioinformáticas y computacionales**" dice, literalmente, lo siguiente:

El equipo informático necesario varía según el enfoque adoptado (véase la guía de aplicación para más detalles) (17)). El volumen de datos brutos generados depende del método de secuenciación (véase el anexo III) y de la cantidad de muestras secuenciadas (56). La potencia de computación necesaria para analizar los datos también varía según el objetivo y el método de secuenciación. Por ejemplo, el análisis filogenético y el alineamiento del genoma pueden requerir equipos informáticos de alto rendimiento, en especial si el volumen de datos es grande. Al diseñar la cadena de procedimientos bioinformáticos (pipeline) para la secuenciación deben tenerse en cuenta los costos del sistema computacional necesario para el almacenamiento y tratamiento de los datos. Los procedimientos bioinformáticos se determinarán en función de las fases de laboratorio previas a la secuenciación y de la plataforma y los reactivos utilizados. En la guía de aplicación se ofrece una descripción detallada de los procedimientos bioinformáticos (17).

Pero es que no solo se reconoce en ese apartado, el número 3.6 de esa misma página dice, también, lo siguiente:

Aún no se ha establecido una nomenclatura coherente para el SARS-CoV-2. A falta de una nomenclatura uniforme aceptada, se suelen emplear principalmente tres sistemas. A partir de virus que poseen un ancestro filogenético común, pueden delimitarse linajes o clados. Las iniciativas GISAID y Nextstrain han definido distintos clados filogenéticos en un intento por establecer una clasificación general de la diversidad que circula por el mundo. Rambaut et al. han propuesto una nomenclatura dinámica para los linajes de SARS-CoV-2, centrada en los que circulan activamente y en los que se propagan a nuevas zonas (57). Existen programas informáticos que asignan automáticamente las nuevas

secuencias a un determinado linaje o clado (58–60). Dada la creciente diversidad de genomas de SARS-CoV-2, cada vez resulta más necesario uniformizar su nomenclatura (57, 61, 62). Pero, mientras no se disponga de una nomenclatura coherente, sería deseable que los linajes o clados se designaran mediante los tres sistemas habituales o que, al menos, se especificara la nomenclatura empleada.

1.5 Consideraciones bioinformáticas y computacionales

El equipo informático necesario varía según el enfoque adoptado (véase la guía de aplicación para más detalles) (17). El volumen de datos brutos generados depende del método de secuenciación (véase el anexo III) y de la cantidad de muestras secuenciadas (56). La potencia de computación necesaria para analizar los datos también varía según el objetivo y el método de secuenciación. Por ejemplo, el análisis filogenético y el almacenamiento del genoma pueden requerir equipos informáticos de alto rendimiento, en especial si el volumen de datos es grande. Al diseñar la cadena de procedimientos bioinformáticos (pipeline) para la secuenciación deben tenerse en cuenta los costos del sistema computacional necesario para el almacenamiento y tratamiento de los datos. Los procedimientos bioinformáticos se determinarían en función de las fases de laboratorio previas a la secuenciación y de la plataforma y los reactivos utilizados. En la guía de aplicación se ofrece una descripción detallada de los procedimientos bioinformáticos (17).

1.6 Consideraciones sobre la denominación y la nomenclatura del virus

Aún no se ha establecido una nomenclatura coherente para el SARS-CoV-2. A falta de una nomenclatura uniforme aceptada, se suelen emplear principalmente tres sistemas. A partir de virus que poseen un ancestro filogenético común, pueden delimitarse linajes o clados. Las iniciativas GISAID y Nextstrain han definido distintos clados filogenéticos en un intento por establecer una clasificación general de la diversidad que circula por el mundo. Rambaut *et al.* han propuesto una nomenclatura dinámica para los linajes de SARS-CoV-2, centrada en los que circulan activamente y en los que se propagan a nuevas zonas (57). Existen programas informáticos que asignan automáticamente las nuevas secuencias a un determinado linaje o clado (58–60). Dada la creciente diversidad de genomas de SARS-CoV-2, cada vez resulta más necesario uniformizar su nomenclatura (57, 61, 62). Pero, mientras no se disponga de una nomenclatura coherente, sería deseable que los linajes o clados se designaran mediante los tres sistemas habituales o que, al menos, se especificara la nomenclatura empleada.

Es decir, ya no solo reconoce no tener el virus ni aislado, ni secuenciado, ni purificado el Ministerio de Sanidad del Gobierno de España. Es que la propia OMS reconocía ya con este documento de enero de 2021 que la secuenciación que se estaba utilizando se había hecho a través de un programa informático que, lógicamente, no tiene que ser, ni mucho menos, real.

Es decir, se ha estado confinando y tomando decisiones políticas y sanitarias, **como la vacunación**, sin tener confirmado contra qué se estaba haciendo. Se ha estado y se está haciendo todo eso en función a una simulación realizada por ordenador. Como podrán ver, todo muy “científico”. Que después tengamos que estar aguantando a los supuestos “expertos” contándonos milongas y creyéndose por encima del bien y del mal, no solo es escandaloso, es incluso criminal.

[Puede descargar el PDF completo haciendo clic en este enlace: WHO-2019-nCoV-genomic-sequencing-2021.1-spa](#)