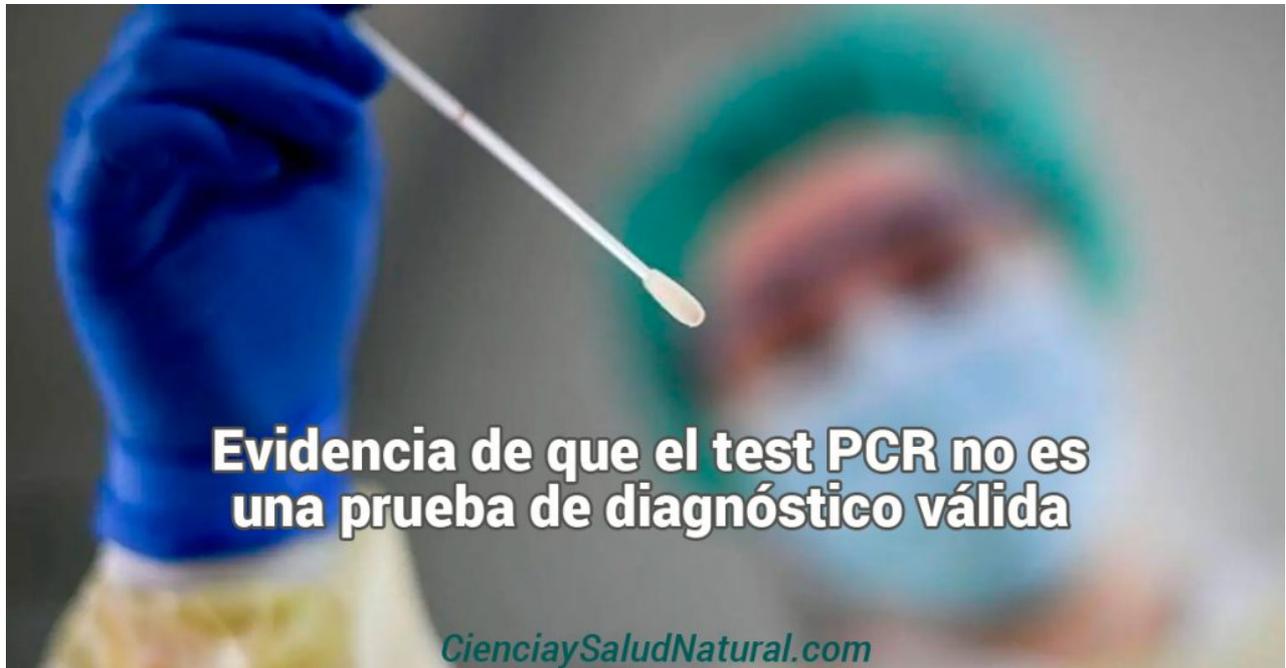


Intentan repetir el fraude de casos con el uso de PCR para la crear terror por una supuesta gripe aviar

cienciaysaludnatural.com/intentan-repetir-fraude-casos-usando-pcr-y-crear-terror-con-supuesta-gripe-aviar/



Los expertos ya han demostrado que en la falsa pandemia de COVID-19 , se hizo un uso incorrecto de pruebas PCR con un recuento de ciclos (CT) ridículamente alto, que etiqueta falsamente a las personas sanas como «casos de COVID-19». En realidad, la prueba PCR no es una prueba diagnóstica adecuada, aunque se promoció como tal.

Desde el principio, la FDA y los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de EE. UU. recomendaron realizar pruebas de PCR a un recuento de ciclos, CT de 40. Esto ya era lo suficientemente alto como para producir una cantidad desmesurada de falsos positivos, etiquetando así a las personas sanas como «casos de COVID-19», pero cuando se trata de la prueba de saliva de Curative, la FDA exige que la comparen con la PCR procesada a un CT de 45, que es aún más probable que produzca falsos positivos.

Expertos explicando el fraude del PCR <https://www.bitchute.com/video/lqMsPso21IUE>

Intentan resucitar el PCR para una nueva campaña de terror por la supuesta gripe aviar

En EE.UU. han comenzado una nueva campaña de terror por la supuesta gripe aviar e intentan volver a utilizar la reacción en cadena de la polimerasa o prueba PCR, la misma herramienta de diagnóstico que fue criticada por el propio CDC durante la pandemia de COVID-19 por producir resultados inexactos, incluidos falsos positivos para testear animales por la gripe aviar.

A mediados del 2024 la Organización Mundial de la Salud (OMS) volvió a dar la alarma sobre la gripe aviar, advirtiendo que tiene una tasa de mortalidad “extremadamente alta” entre los humanos.

Leanna Wen ex comisionada de salud de Baltimore, analista médico de CNN y columnista colaborador del Washington Post pide que Biden acelere la distribución de las inyecciones de ARNm contra la gripe aviar a por los supuestos 65 casos en Estados Unidos. Wen trabajó en medicina de emergencia y salud pública, dirigió planificación familiar y ha sido una gran defensora de las “vacunas” y refuerzos de ARNm contra el COVID. A pesar de la continua evidencia de los peligros de estos medicamentos de terapia génica, ella parece pensar que es beneficioso lanzar una nueva serie de “vacunas” de ARNm sin terminar los ensayos como corresponde.

El inventor de la prueba PCR afirmó que nunca estuvo pensada para usarse como herramienta de diagnóstico

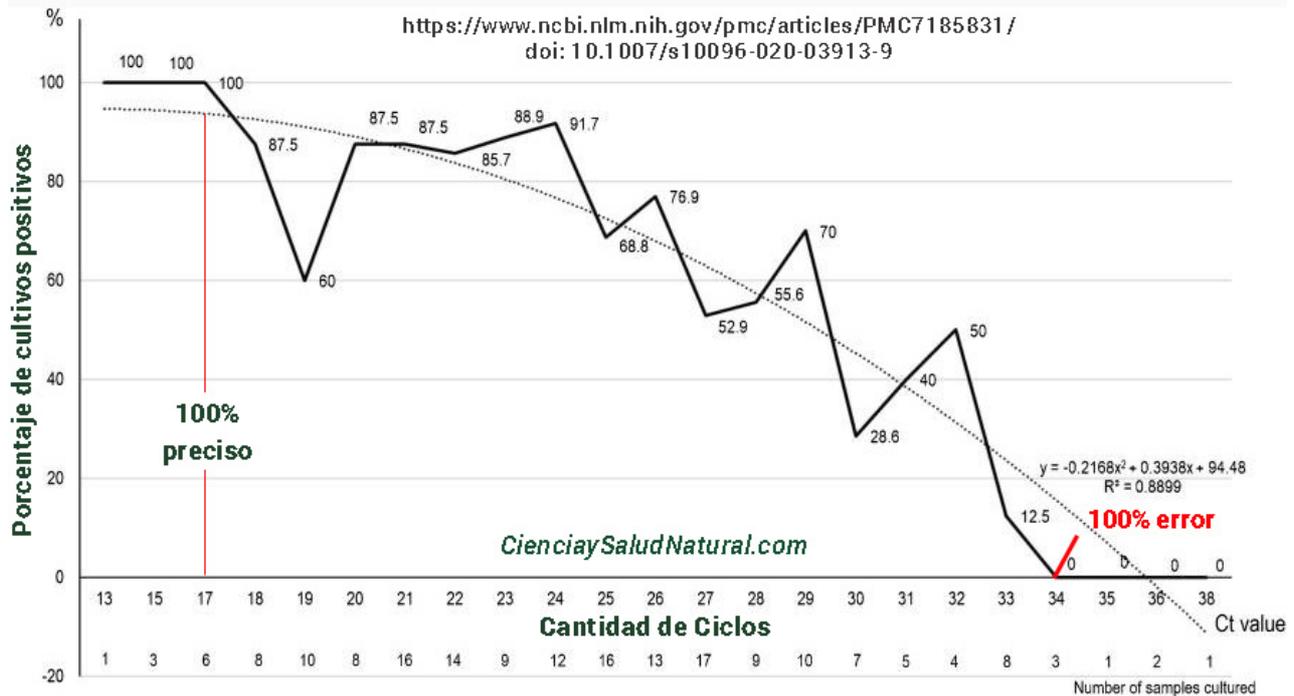
Kary Mullis, quien ganó el Premio Nobel por inventar la prueba PCR, dijo que era inapropiado utilizar la prueba como herramienta de diagnóstico para detectar una infección viral.

Según el premio Nobel **Dr. Kary Mullis**, quien inventó la prueba de PCR: **“La PCR detecta un segmento muy pequeño del ácido nucleico que forma parte del propio virus** . El fragmento específico detectado está determinado por la elección algo arbitraria de los cebadores de ADN utilizados que se convierten en los extremos del fragmento amplificado «. <https://www.bitchute.com/video/80rADK0pFsXQ>

La prueba de PCR funciona partiendo de fragmentos diminutos de ADN o ARN llamados nucleótidos y replicándolos hasta que sean lo suficientemente grandes como para ser identificados. Los nucleótidos se replican en ciclos y cada ciclo duplica la cantidad de material genético en la muestra. La cantidad de ciclos necesarios para crear una muestra identificable es el “ umbral de ciclo ” (Ct).

Asegúrese que su test PCR no supere los 17 ciclos mas de 33 ciclos tiene 100% de error

Carga de ARN viral determinada por cultivo celular como herramienta de manejo para el alta de pacientes con SARS-CoV-2 de las salas de enfermedades infecciosas



Porcentaje de cultivo viral positivo de muestras nasofaríngeas positivas por PCR para SARS-CoV-2 de pacientes con Covid-19, según el valor Ct (línea simple). La curva discontinua indica la curva de regresión polinomial

Porcentaje de cultivo viral positivo de muestras nasofaríngeas positivas para PCR de SARS-CoV-2 de pacientes con Covid-19, según valor de Ct (línea simple). La curva discontinua indica la curva de regresión polinómica.

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7185831/>

Para lograr casos positivos falsos con la falsa pandemia las pruebas de PCR fueron tratadas como el “estándar de oro” para identificar casos positivos, especialmente entre personas asintomáticas cuando en realida no los son como explica el video arriba.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) tuvo que admitir que el uso de un umbral de ciclo alto daría lugar a resultados falsos positivos. La agencia alentó a los proveedores de atención médica a considerar la prueba junto con otros factores (a saber, la presencia de síntomas) al diagnosticar a los pacientes.

La OMS también advirtió a quienes usan las pruebas que lean las instrucciones cuidadosamente para determinar si se debe cambiar el umbral de ciclo para tener en cuenta cualquier ruido de fondo que pudiera llevar a que un umbral de ciclo alto se confunda con un falso positivo.

Incluso Anthony Fauci admitió durante la pandemia que un ciclo alto, que se usaba a menudo, solo detectaba “nucleótidos muertos”, no una infección viral. Ver testimonio de Fauci en la segunda parte del siguiente video:

Testimonio de Fauci sobre la cantidad de ciclos del PCR:

<https://www.bitchute.com/video/CFsKP36asWWg/>

Evidencia de que la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) NO es una prueba de diagnóstico válida extractado de recopilación de James Roguski

El proceso RT-PCR, no es una prueba que pueda diagnosticar enfermedades o contagio, nunca fue ni pretendió ser una herramienta de diagnóstico. El proceso de PCR simplemente crea copias del material genético encontrado en una muestra. La detección de determinadas moléculas mediante el proceso RT-

PCR, no proporciona evidencia de enfermedad o contagio. La presencia de ácidos nucleicos por sí sola no debe utilizarse para inferir enfermedad, infección, diseminación viral o contagio potencial.

Reino Unido No se puede confiar en un único valor de Ct en ausencia de contexto clínico para tomar decisiones sobre la infecciosidad de una persona. La RT-PCR detecta la presencia de material genético viral en una muestra, pero no es capaz de distinguir si existe un virus infeccioso.

Reino Unido: No se puede confiar en un único valor de Ct en ausencia de contexto clínico para tomar decisiones sobre la infecciosidad de una persona. La RT-PCR detecta la presencia de material genético viral en una muestra, pero no es capaz de distinguir si existe un virus infeccioso.

https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/926410/Understanding_Cycle_Threshold_Ct_in_SARS-CoV-2_RT-PCR_.pdf

Canadá: Se considera que una persona es infecciosa si expulsa partículas víricas intactas y capaces de infectar a otras personas. Las pruebas PCR no pueden distinguir el material genómico vírico procedente de partículas víricas intactas en personas que son infecciosas o fragmentos de partículas víricas presentes en individuos que se han recuperado. No sabemos qué cantidad de virus se necesita realmente para causar una infección en alguien y hay otros factores importantes que pueden influir en la infecciosidad, como la salud de la persona expuesta y el tipo de exposición que se haya producido <https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/guidance-documents/polymerase-chain-reaction-cycle-threshold-values-testing.html>

El CDC (Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de EE. UU.) Un resultado positivo indica la detección de ARN o ácidos nucleicos virales de la gripe en la muestra respiratoria, lo que confirma la infección por el virus de la gripe, pero no significa necesariamente que el virus infeccioso esté presente o que el paciente contagie.

<https://www.cdc.gov/flu/hcp/testing-methods/molecular-assays.html>

Nueva Zelanda: Una prueba positiva no puede decirnos: Si la persona se encuentra infectada Ni la probabilidad de que la persona enferme.

<https://web.archive.org/web/20210122000504/https://www.health.govt.nz/our->

[work/diseases-and-conditions/covid-19-novel-coronavirus/covid-19-health-advice-public/assessment-and-testing-covid-19/covid-19-test-results-and-their-accuracy](#)

Singapur: Es importante señalar que la detección de ARN viral por PCR no equivale a infecciosidad o virus viable.

<https://www.ncid.sg/Documents/Period%20of%20Infectivity%20Position%20Statementv2.pdf>

Suecia: Las comparaciones de los resultados con la detección de virus por PCR y el cultivo de virus muestran que la PCR no puede utilizarse para determinar si un individuo sigue siendo contagioso o no porque la PCR también detecta ARN de virus no infecciosos. Por lo tanto, debe evitarse la toma de muestras mediante PCR para determinar la infecciosidad. <https://kommun.falkenberg.se/images/sv/files/vagledning-om-smittsamhetsbedomning-vid-covid-19%C3%85H.pdf>

Nature Reviews Microbiology (Revista Nature): Aunque la detección del ARN viral en muestras respiratorias mediante RT-PCR es muy sensible y específica, no distingue entre el virus competente para la replicación y el ARN residual. La RT-PCR no puede determinar directamente la infecciosidad debido a su incapacidad para diferenciar entre replicación (infeccioso) y el ARN viral residual (no infeccioso).

Lamentablemente, en la actualidad no existe ninguna prueba diagnóstica en el punto de atención para determinar la infecciosidad del SARS-CoV-2 en una muestra de un paciente.

<https://www.nature.com/articles/s41579-022-00822-w>

The Lancet (Revista The Lancet) : Aunque el uso de métodos de PCR sensibles es útil desde el punto de vista del diagnóstico, hay que tener cuidado para evaluar la duración de la excreción viral y el potencial de infección, ya que la PCR no distingue entre el virus infeccioso y el ácido nucleico no infeccioso.

La presencia de ácido nucleico por sí sola no puede utilizarse para definir la excreción viral o el potencial de infección.

Para muchas enfermedades víricas (SARS-CoV, coronavirus del síndrome respiratorio de Oriente Medio, virus de la gripe, virus Ébola y virus Zika) se sabe que el ARN viral puede detectarse mucho después de la desaparición del virus infeccioso. El sistema inmunitario puede neutralizar los virus mediante la lisis de su envoltura o la agregación de partículas víricas. Estos procesos impiden la infección posterior, pero no eliminan el ácido nucleico, que se degrada lentamente con el tiempo.

[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30868-0/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30868-0/fulltext)

Enfermedades Infecciosas Clínicas (Revista Clinical Infectious Diseases) : Los virus vivos completos son necesarios para la transmisión, no los fragmentos identificados por PCR. <https://academic.oup.com/cid/article/73/11/e3884/6018217>

Un resultado positivo de RT-qPCR puede no significar necesariamente que la persona siga siendo infecciosa o que aún enfermedad significativa. El ARN podría proceder de virus no viables o muertos. A menudo, el virus vivo sólo se puede aislar durante la

primera semana de los síntomas, pero no después del octavo día, incluso con pruebas RT-qPCR positivas. <https://academic.oup.com/cid/article/71/16/2252/5841456>

Clínica Cleveland (Cleveland Clinic) La prueba puede seguir detectando fragmentos del virus del SARS-CoV-2 incluso después de que usted se haya recuperado de COVID-19 y ya no sea contagioso. Así que puede seguir dando positivo si ha tenido COVID-19 en un pasado lejano, aunque no pueda contagiar el virus SARS-CoV-2 a otras personas. <https://my.clevelandclinic.org/health/diagnostics/21462-covid-19-and-pcr-testing>

Karina Acevedo Whitehouse Ph.D, Taller Introductorio de PCR enfocado en médicos y otros profesionales de la salud. **Ver video completo** en <https://odysee.com/@akashacomunidad:0/Taller-Introductorio-PCR-para-Profesionales-de-la-Salud:f>

¿Qué causa los falsos positivos?

Reacciones cruzadas con otro material genético. Otras fuentes de ADN o ARN pueden tener reacciones cruzadas material genético que puede ser amplificado por la prueba RT-PCR. Se observaron falsos positivos inesperadamente en ensayos de norovirus en pacientes con enterocolitis, debido a niveles inusualmente altos de ADN humano en las muestras.

Contaminación durante la toma de muestras. Esto puede ocurrir si la cabeza del hisopo entra en contacto accidentalmente o se coloca sobre una superficie contaminada (por ejemplo, guantes de látex, superficie hospitalaria).

Contaminación durante la extracción de los hisopos. El ARN viral se extrae de los hisopos en solución; la aerosolización accidental del líquido puede causar contaminación cruzada entre las muestras.

Contaminación con el amplicón PCR. El proceso de amplificación por PCR genera millones de copias del ADN diana (amplicón) que pueden causar falsos positivos en reacciones posteriores de PCR. Si un laboratorio de pruebas contaminado accidentalmente con amplicón puede dar lugar a falsos positivos esporádicos.

Contaminación de los consumibles del laboratorio de PCR. La contaminación puede propagarse de un laboratorio post-PCR a un laboratorio de PCR a un laboratorio de pre-PCR por transferencia de equipos, productos químicos, personas o aerosoles. Incluso los laboratorios nacionales experimentados pueden verse afectados.

A principios de marzo de 2020, los ensayos RT-PCR COVID-19 producidos por los CDC fueron retirados después de que muchos mostraron falsos positivos debido a reactivos contaminados.

<https://www.gov.uk/government/publications/gos-impact-of-false-positives-and-negatives-3-june-2020/impact-of-false-positives-and-false-negatives-in-the-uks-covid-19-rt-pcr-testing-programme-3-june-2020>

Organización Mundial de la Salud La OMS recuerda a los usuarios de [dispositivos médicos de diagnóstico in vitro] DIV que la prevalencia de la enfermedad altera el valor predictivo de los resultados de las pruebas; a medida que disminuye la prevalencia de la enfermedad, aumenta el riesgo de falsos positivos (2). Esto significa que la probabilidad

de que una persona que tenga un resultado positivo (detección del SARS-CoV-2) esté realmente infectada por el SARS-CoV-2 disminuye a medida que disminuye la prevalencia, independientemente de la especificidad declarada.

<https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>

FDA (Administración de Alimentos y Medicamentos EE.UU.) Los valores predictivos positivo y negativo dependen en gran medida de la prevalencia. Los resultados falsos negativos son más probables cuando la prevalencia de la enfermedad es alta. Los resultados falsos positivos son más probables cuando la prevalencia es de moderada a baja. <https://www.fda.gov/media/134922/download>

Recuerde que el valor predictivo positivo (VPP) varía con la prevalencia de la enfermedad al interpretar los resultados de las pruebas diagnósticas. El VPP es el porcentaje de resultados positivos de las pruebas que son verdaderos positivos. A medida que disminuye la prevalencia de la enfermedad, aumenta el porcentaje de resultados falsos positivos.

Por ejemplo, una prueba con una especificidad del 98% tendría un VPP de algo más del 80% en una población con una prevalencia del 10%, lo que significa que 20 de cada 100 pruebas son positivas lo que significa que 20 de cada 100 resultados positivos serían falsos positivos. La misma prueba sólo tendría un VPP de aproximadamente el 30% en una población con una prevalencia del 1%, lo que significa que 70 de cada 100 resultados positivos serían falsos positivos. Esto significa que, en una población con una prevalencia del 1%, sólo el 30% de los individuos con resultados positivos tienen realmente la enfermedad. Con una prevalencia del 0,1%, el VPP sería sólo del 4%, lo que significa que 96 de cada 100 resultados positivos serían falsos positivos. Los profesionales sanitarios deben tener en cuenta la prevalencia local al interpretar los resultados de las pruebas diagnósticas.

<https://web.archive.org/web/20201113145232/https://www.fda.gov/medical-devices/letters-health-care-providers/potential-false-positive-results-antigen-tests-rapid-detection-sars-cov-2-letter-clinical-laboratory>

The Lancet (Revista The Lancet) El uso generalizado de la PCR en entornos clínicos se ha visto obstaculizado en gran medida por la contaminación de fondo procedente de fuentes exógenas de ADN. En la mayoría de los ensayos específicos de patógenos, la fuente predominante de contaminación se deriva de los productos «de arrastre» de reacciones de PCR anteriores, que pueden albergarse y transmitirse a través de los reactivos de la PCR, los tubos, las pipetas y las superficies del laboratorio. Junto con el gran poder de amplificación de la PCR, incluso cantidades muy pequeñas de contaminación de arrastre pueden servir como sustratos para la amplificación y dar lugar a resultados falsos positivos.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7106425/>

Revista de Infecciones (Revista Journal of Infection): A la luz de nuestros hallazgos de que más de la mitad de los individuos con resultados positivos en la prueba PCR es poco probable que sean infecciosos, la positividad de la prueba RT-PCR no debe

tomarse como una medida exacta de la Infección del SARS-CoV-2. Nuestros resultados confirman los hallazgos de otros de que el uso rutinario de resultados «positivos» de la prueba RT-PCR como patrón oro para evaluar y controlar la infecciosidad no refleja el hecho de que entre el 50 y el 75% de las veces que un individuo da positivo en la PCR, es probable que sea post infeccioso. No existe una estandarización internacional entre laboratorios, lo que hace problemática la interpretación de RT-PCR cuando se utiliza como herramienta de cribado masivo.

[https://www.journalofinfection.com/article/S0163-4453\(21\)00265-6/fulltext](https://www.journalofinfection.com/article/S0163-4453(21)00265-6/fulltext)

Real Colegio de Patólogos de Australasia: Es importante identificar a tiempo los resultados falsos positivos verdaderos de la prueba NAT para el SARS-CoV-2, ya que los falsos positivos no reconocidos positivos falsos no reconocidos pueden dar lugar a una cuarentena y un rastreo de contactos innecesarios retrasos en el reconocimiento y tratamiento de la verdadera enfermedad, ansiedad y preocupación significativas en los pacientes con infección nosocomial de otros pacientes con COVID-19 confirmado, desperdicio de equipos de protección personal y estadísticas inexactas sobre la prevalencia local de la infección. [https://www.pathologyjournal.rcpa.edu.au/article/S0031-3025\(20\)30936-3/fulltext](https://www.pathologyjournal.rcpa.edu.au/article/S0031-3025(20)30936-3/fulltext)

Medicina clínica (Clinical Medicine): Se reconocieron varias implicaciones significativas potenciales para los resultados falsos positivos de bajo nivel de un solo gen reconocidos. Los pacientes en lista de espera de trasplante fueron retirados de la lista durante 2 semanas. Algunos de los pacientes sometidos a cribado preoperatorio vieron retrasada su intervención. Los pacientes sometidos a cribado antes del alta permanecieron hospitalización, en muchos casos innecesaria.

Consecuencias de los falsos positivos:

- Tratamiento e investigación innecesarios.
- Ausencia o retraso de intervenciones quirúrgicas.
- Aislamiento y localización de contactos innecesarios, con el consiguiente impacto negativo en el personal y los recursos.
- Riesgo de una mayor exposición posterior si el individuo cambia su comportamiento como resultado de creer que se ha infectado.
- Que la persona se encuentre con otros pacientes hospitalizados con COVID-19 y, en consecuencia, expuesta al virus. Un riesgo importante de un resultado falso positivo ocurre cuando el individuo se agrupa con otros pacientes que sufren de COVID-19 y, en consecuencia, está expuesto al virus.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7850182/>

Revista de Medicina Laboral y Medioambiental (Journal of Occupational and Environmental Medicine): La eficacia de estas pruebas depende no sólo de sus sensibilidades y especificidades clínicas, sino también de la prevalencia de infecciones por especificidades, sino también de la prevalencia de las infecciones por SARS-CoV-2 en el entorno en el que se utilice la prueba. Si consideramos una prueba que se ajusta a las recomendaciones de la FDA para su realización en un... entorno de cribado

(sensibilidad del 95%, especificidad del 98%).

En el escenario de cribado, 100 de los 10.000 individuos están infectados y 9900 no lo están. La prueba detectará 95 de las personas infectadas y cinco serán falsamente negativas. De los no infectados, 9702 serán diagnosticados correctamente y 198 serán falsos positivos. El VPP es $95/95 + 198$ o 32,4%. En este caso 2/3 de los resultados positivos son falsos positivos. Para una prevalencia del 0,1%, el VPP desciende al 4,5%. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7934325/>

9. Existe amplia evidencia de que cualquier afirmación de un resultado «positivo» obtenido al ejecutar el proceso RT-PCR a través de más de 24 ciclos son en realidad falsos positivos.

Organización Mundial de la Salud

Es necesaria una interpretación cuidadosa de los resultados NAAT positivos débiles, ya que algunos de los ensayos han demostrado producir señales falsas en valores Ct altos. <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/334254/WHO-2019-nCoV-laboratory-2020.6-eng.pdf>

Canadá : Una pregunta frecuente es si los valores Ct pueden ayudar a determinar si un individuo es contagia o no. En no es posible traducir directamente un valor de Ct en grado o duración de la infecciosidad.

<https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/guidance-documents/polymerase-chain-reaction-cycle-threshold-values-testing.html>

Enfermedades Infecciosas Clínicas (Clinical Infectious Diseases): Con Ct = 35, el valor que utilizamos para informar de un resultado positivo para la PCR, <3% de los cultivos son positivos.

<https://academic.oup.com/cid/article/72/11/e921/5912603>

Muchos ensayos qPCR implican un corte Ct de 40 para considerar positiva la prueba, lo que permite la detección de muy pocas moléculas de ARN de partida.

Sin embargo, la notificación como resultado binario positivo o negativo elimina información útil que podría servir de base para la toma de decisiones clínicas.

Tras la resolución completa de los síntomas, las personas pueden tener resultados positivos prolongados de la prueba RT-PCR del SARS-CoV-2.

RT-PCR, potencialmente durante semanas, como informan Xiao et al. En estos momentos tardíos, el valor de Ct suele ser muy alto, lo que representa la presencia de una concentración muy baja del virus. Lo que representa la presencia de copias muy bajas de ARN viral [5-8]. En estos casos, en los que las copias de ARN viral en la muestra pueden ser menos de 100, los resultados se comunican al clínico simplemente como positivos. Esto deja al clínico sin más opción que interpretar los resultados de la misma manera que una muestra de positivo y en la que las copias de ARN alcanzan habitualmente los 100 millones o más.

Un resultado positivo de RT-qPCR puede no significar necesariamente que la persona siga estando infectada o que aún la enfermedad sea significativa. En primer lugar, el ARN podría proceder de virus no viables o muertos. El virus vivo suele ser aislable sólo durante la primera semana de síntomas, pero no después del octavo día, incluso con pruebas RT-qPCR positivas [9].

En segundo lugar, puede ser necesaria una cantidad mínima de virus viable para la transmisión ulterior. Para el control de la infección, la utilidad del ensayo es mayor cuando se identifica a personas que son claramente positivas y riesgo de transmisión ulterior. En particular, cuando se realizan pruebas de COVID-19 en ausencia de síntomas creemos que la notificación del valor Ct o del intervalo podría ayudar a fundamentar mejor las decisiones clínicas.

<https://academic.oup.com/cid/article/71/16/2252/5841456>

Por encima de un valor CT de 24, la cantidad de material genético vírico detectable es tan baja que la prueba positiva ya no puede interpretarse en términos de una infección activa.

<https://academic.oup.com/cid/article/71/10/2663/5842165>

Revista Europea de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciosas (European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases): Podemos deducir que, con nuestro sistema, los pacientes con valores de Ct iguales o superiores a 34 no excretan partículas virales infecciosas.

<https://link.springer.com/article/10.1007/s10096-020-03913-9>

The New England Journal of Medicine: El cultivo viral sólo fue positivo en las muestras con un valor de umbral de ciclo igual o inferior a 28,4.

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2027040>

Organización Mundial de la Salud, OMS: Se han notificado coinfecciones de SARS-CoV-2 con otros patógenos, por lo que una prueba positiva para otro patógeno no descarta la presencia de COVID-19 y viceversa.

<https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/334254/WHO-2019-nCoV-laboratory-2020.6-eng.pdf>

FDA (Administración de Alimentos y Medicamentos): La detección de ARN viral puede no indicar la presencia de virus infeccioso o que el 2019-nCoV sea el agente causal de los síntomas clínicos. Esta prueba no puede descartar enfermedades causadas por otros patógenos bacterianos o virales.

<https://www.fda.gov/media/134922/download>

La correlación clínica con el historial del paciente y otra información diagnóstica es necesaria para determinar el estado de infección del paciente. Los resultados positivos no descartan la infección bacteriana ni la coinfección con otros virus.

<https://www.fda.gov/media/137093/download>

Eurosurveillance: En total, hemos analizado hasta la fecha (a 19 de febrero de 2020) 4.084 muestras respiratorias mediante PCR y todas las pruebas han sido negativas para el SARS-CoV-2. Estas pruebas se realizaron en las muestras de 32 casos sospechosos de SARS-CoV-2, 337 personas repatriadas a principios de febrero de 2020 desde China sometidas a dos pruebas, 164 pacientes fallecidos en hospitales públicos de Marsella entre 2014 y 2019 de los que se había enviado al menos una muestra respiratoria a nuestro laboratorio, y también incluían 3.214 muestras respiratorias enviadas desde enero de 2020 a nuestro laboratorio para buscar una etiología viral. En llamativo contraste, hemos analizado 5.080 muestras respiratorias para diversas sospechas de infecciones virales respiratorias desde el 1 de enero de 2020 y hemos identificado virus respiratorios en 3.380 casos. En orden decreciente de frecuencia, fueron: virus de la gripe A (n = 794), virus de la gripe B (n = 588), rinovirus (n = 567) virus respiratorio sincitial (n = 361), adenovirus (n = 226), metapneumovirus (n = 192), enterovirus (n = 171), bocavirus (n = 83), virus de la parainfluenza (n = 24) y parechovirus (n = 8). Entre los virus diagnosticados, también había 373 coronavirus humanos comunes (HCoV), incluidos 205 HCoV-HKU1, 94 HCoV-NL63, 46 HCoV-OC43 y 28 HCoV-229E [5]. Así pues, resulta sorprendente que toda la atención se centre en un virus cuya mortalidad en última instancia parece ser del mismo orden de magnitud que la de los coronavirus comunes u otros virus respiratorios como la gripe o el virus respiratorio sincitial, mientras que los cuatro VHC comunes diagnosticados pasan desapercibidos, aunque su incidencia es elevada.

<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.8.2000171>

Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (Química Clínica y Medicina de Laboratorio):

Se detectó un total de 239 dianas positivas de patógenos en 161 niños. La mayor proporción de patógenos fueron el virus respiratorio sincitial humano (VRSH) (en 76 pacientes [31,80%]) y el virus de la gripe A (en 72 pacientes [30,13%]). El coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV-2), el (SARS-CoV-2), el virus causante del COVID-19, se detectó en dos pacientes y representó el 0,84%. En el líquido de lavado broncoalveolar del paciente 1 se encontraron SARS-COV-2, HRSV y metapneumovirus humano (HMPV). broncoalveolar del paciente 1, y SARS-COV-2, MP y HMPV en el líquido de lavado broncoalveolar del paciente 2.

<https://www.degruyter.com/document/doi/10.1515/cclm-2020-0434/html>

The Lancet [Comment]: En nuestra opinión, la prueba PCR actual no es, por tanto, el patrón oro apropiado para evaluar una prueba de salud pública del SARSCoV-2. La corta ventana de transmisibilidad contrasta con una mediana de 22-33 días de positividad de la PCR (más larga con infecciones graves y algo más corta entre individuos asintomáticos). Esto sugiere que el 50-75% del tiempo en que un individuo da positivo en la PCR, es probable que sea postinfeccioso.

[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(21\)00425-6/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)00425-6/fulltext)

International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research: Se reveló que una prueba RT-qPCR positiva sigue albergando el riesgo de recoger algo distinto de SARS-CoV-2. Muestras de pacientes de atención primaria sospechosos de SARS-CoV-2, ya que los pacientes síntomas clínicos de una infección respiratoria, tras la RT-qPCR resultaron ser positivos para otros patógenos víricos y bacterianos e incluso para ADN genómico humano (Voogd et al., 2022).

Por lo tanto, confiar únicamente en el resultado positivo de una prueba RT-qPCR conlleva el riesgo de un diagnóstico erróneo, incluso con kits comerciales optimizados. Dicho todo esto, sin embargo, creemos que durante la pandemia de COVID-19 COVID-19: los controles negativos y positivos regulares y suficientes no excluyeron la copresencia de patógeno(s) distinto(s) del SARS-CoV-2 (excepto en el experimento de Killingley que acabamos de mencionar) que podría(n) ser causantes de los síntomas de la enfermedad COVID-19 observados. Además, los síntomas utilizados en el diagnóstico son tan generales y comunes en las enfermedades respiratorias que «... puede que no sea posible distinguir entre las enfermedades víricas objeto de estudio a juzgar únicamente por la presentación clínica» (Czubak et al., 2021). Entre las enfermedades que no pueden excluirse definitivamente se encuentran los virus de la gripe estacional que han sido identificados como coinfecciosos por investigadores de Wuhan (Yue et al., 2020) en algunas personas diagnosticadas con infección por SARS-CoV-2.

Dado que no existen terapias «específicas para cada tipo de virus» que distingan todos los tipos de virus respiratorios, los diagnósticos moleculares apenas tienen más que un mero valor académico. La información crítica que guíe la elección de las terapias debería tener en cuenta las bacterias y hongos coinfectantes que pueden acompañar a los virus respiratorios y para los que es posible que no se disponga de una vacuna, que pueden acompañar a cualquier virus respiratorio y para los que una terapia específica podría haber ayudado o incluso salvado la vida de muchas víctimas, como los «pacientes COVID-19» que murieron con aspergillus no detectado y podrían haber sobrevivido con antifúngicos y que podrían haber sobrevivido con una terapia antifúngica (Evert et al., 2021).

Afirmamos que realizar pruebas a personas asintomáticas es inútil.

<https://ijvtpr.com/index.php/IJVTPr/article/view/82/217>

9.

Volviendo a la gripe aviar queda claro que las pruebas masivas “solo servirán para generar un recuento falso de casos”

El último virus de la gripe aviar que circulaba había saupuestamente infectado a 81 rebaños de ganado lechero en nueve estados y granjas avícolas en 48 estados. El virus puede ser mortal para las aves de corral, pero no suele causar enfermedades graves en el ganado.

La gripe aviar es poco frecuente entre los humanos . Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) sostienen que representa un riesgo bajo para la salud pública .

La gripe aviar no se puede transmitir entre humanos, pero eso no ha impedido que funcionarios de salud como el científico jefe de la OMS, Jeremy Farrar , y el comisionado de la Administración de Alimentos y Medicamentos de Estados Unidos, Robert Califf, aviven públicamente los temores de que el virus pueda mutar repentinamente, volverse más infeccioso y transmisible entre humanos y causar una pandemia.

Los orígenes de la gripe aviar H5N1 debería ser objeto de una investigación criminal

Los orígenes próximos de la influenza aviar altamente patógena H5N1 clado 2.3.4.4b pueden ser el Laboratorio de Investigación Avícola del Sudeste del USDA (SEPR) en Atenas, Georgia y el Centro Médico Erasmus en Rotterdam , Países Bajos. La evidencia genética y el contexto histórico sugieren que las actividades de laboratorio, incluyendo el pasaje seriado y la investigación de Ganancia de Función, GOF, podrían haber contribuido a la aparición del clado H5N1 2.3.4.4b. Sin embargo, no se ha establecido la causalidad, y se necesita urgentemente más investigación para confirmar estos hallazgos e identificar todas las fugas de laboratorio de H5N1 que pueden haber ocurrido con un enfoque en los patos silvestres y otras aves acuáticas migratorias, que tienen el potencial de infectar a una gran cantidad de instalaciones de aves de corral y ganado en todo el mundo.

El USDA tiene conocimiento de un artículo de 2021 titulado ‘ Los virus H5Nx surgieron durante la supresión de las poblaciones del virus H5N1 en aves de corral’ elaborado por un equipo de investigación de la Universidad de Georgia:

Demostramos que los virus H5Nx surgieron durante la supresión exitosa de las poblaciones del virus H5N1 en aves de corral [en China], lo que brindó una oportunidad para que los virus H5Nx antigénicamente distintos se propagaran. Los programas de vacunación contra la influenza aviar se beneficiarían de vacunas universales dirigidas a una diversidad más amplia de virus de influenza para prevenir la aparición de nuevos subtipos [6].

Los hallazgos de estos investigadores presentan un caso ilustrativo de la tesis del Dr. Geert Vanden Bossche de que la vacunación masiva con inyecciones no esterilizantes puede dar lugar a la aparición de una nueva cepa viral más virulenta [7]. Como señala el equipo de la Universidad de Georgia, “En particular, demostramos que el uso generalizado de vacunas H5N1 probablemente confirió una ventaja de aptitud a los virus H5Nx debido al desajuste antigénico de los genes de la neuraminidasa” [6].

Asimismo, la sabiduría convencional sostiene que el clado 2.3.4.4b del H5N1 se detectó por primera vez en octubre de 2020 en los Países Bajos, y que este clado supuestamente evolucionó a partir de los virus H5Nx y posee funciones patogénicas aún mayores [8].

Una característica especialmente sorprendente del nuevo clado 2.3.4.4b del H5N1 es la rapidez con la que se propagó de las aves de Europa a las de América del Norte. Esta rápida propagación contrasta con la lenta propagación intercontinental previa del linaje del H5N1 de ganso/Guangdong. Después de aparecer en China en 1996, se detectó por primera vez en Europa en 2005 y luego en los Estados Unidos en 2014 [9].

Si bien aparentemente las variantes anteriores tardaron nueve años en propagarse desde Europa a los Estados Unidos, el clado 2.3.4.4b del H5N1 se detectó por primera vez en los Países Bajos en octubre de 2020 y luego en los Estados Unidos a fines de 2021 [8 , 9]. ¿Qué podría explicar la propagación intercontinental extraordinariamente rápida de la nueva variante?

En un artículo publicado el 11 de julio de 2022 en Nature titulado 'Transatlantic spread of highly duckogenic avian influenza H5N1 by wild birds from Europe to North America in 2021' (Propagación transatlántica de la influenza aviar altamente patógena H5N1 por aves silvestres de Europa a América del Norte en 2021), un gran equipo internacional planteó la hipótesis de que las aves que migraron de Europa a Islandia y otras islas del Atlántico Norte, y de allí a América del Norte en 2021, deben haber transportado el virus a través del Atlántico [10]. Como señalaron en su conclusión:

Los virus HPAI H5N1 que se detectaron en Terranova en noviembre y diciembre de 2021 se originaron en el noroeste de Europa y pertenecían al clado HPAI 2.3.4.4b. Lo más probable es que estos virus surgieran en el noroeste de Europa en el invierno de 2020/2021, se dispersaran desde Europa a fines del invierno o principios de la primavera de 2021 y llegaran a Terranova en el otoño de 2021. Los virus pueden haber sido transportados a través del Atlántico por aves migratorias utilizando diferentes rutas, incluidas las rutas islandesas, de Groenlandia/Ártico o pelágicas. La presencia inusualmente alta de los virus en las poblaciones de aves silvestres europeas a fines del invierno y la primavera de 2021, así como la mayor participación de los percebes y los gansos comunes en la epidemiología de la HPAI en Europa desde octubre de 2020, pueden explicar por qué la propagación a Terranova ocurrió este invierno (2021/2022), y no en los inviernos anteriores" [10].

Esta conclusión contiene un elemento inverosímil y una omisión notable. En primer lugar, la propagación hipotética de una nueva variante de la gripe aviar por parte de las aves migratorias de Europa a América del Norte cruzando el Atlántico Norte nunca se ha documentado antes y, por tanto, parece no tener precedentes. En segundo lugar, la conclusión del artículo omite el hecho de que al mismo tiempo (diciembre de 2021) se detectó supuestamente el clado 2.3.4.4b del H5N1 en aves de Terranova, también se detectó en patos de Carolina del Sur, a tan solo doscientas millas al este del Laboratorio de Investigación Avícola del Sudeste (SEPRL) del USDA , que empezó a realizar experimentos de pases en serie con virus H5Nx en patos reales en la primavera de 2021 [11-13]. Los virus H5Nx comparten la proteína hemaglutinina (HA) H5, pero tienen diferentes proteínas neuraminidasa (NA), que van desde el H5N1 al H5N9 .

Descartar toda la literatura sobre el clado 2.3.4.4b del H5N1 como mera ficción, inventada con el propósito de manipular al público, no es una estrategia sensata para abordar este fenómeno. De hecho, hay abundante evidencia de que el verdadero objetivo de la investigación sobre ganancia de función es crear nuevos patógenos para justificar que los gobiernos del mundo gasten miles de millones en nuevas vacunas e inyecciones genéticas, enriqueciendo así a la gente que trabaja en ese negocio .

Sin embargo, esto NO justifica simplemente descartar la proposición de que los virus H5N1 manipulados por GoF representan un peligro claro y presente para la salud humana. Descartar esta proposición ignora la reciente experiencia catastrófica de la humanidad con el SARS-CoV-2 y la montaña de evidencia de que se originó en un laboratorio.

La posibilidad de manipular o no al público para que acepte otra dudosa campaña de vacunación masiva probablemente dependerá de que un alarmante número de personas enferme gravemente o no. Los modelos teóricos de propagación de enfermedades y los informes de los medios de comunicación probablemente no sean suficientes. Los adultos razonables sólo se asustarán si tienen la experiencia de que sus amigos y familiares enfermen gravemente.

Sin embargo, me parece que el fenómeno que se está denominando H5N1 clade 2.3.4.4b no sólo debería ser motivo de debate entre profesionales de las ciencias de la vida, sino que debería ser objeto de una rigurosa investigación criminal.

Hay abundantes pruebas de que este virus está siendo manipulado en laboratorios universitarios y del Departamento de Agricultura de Estados Unidos. Lo que exactamente han hecho y siguen haciendo estos biotécnicos debería ser determinado por las agencias de aplicación de la ley con poder para citar a testigos y presentar documentos.

Los relatos del CDC

Los CDC informaron el martes que monitorean los cambios genéticos en el virus y “se han identificado pocos cambios genéticos que representen un riesgo para la salud pública”.

Sin embargo, el gobierno de Estados Unidos está aumentando su reserva nacional de vacunas existentes producidas por CSL Seqirus y está cerca de firmar contratos con Moderna y posiblemente Pfizer para financiar el desarrollo de una vacuna de ARNm para el virus.

El martes, Finlandia anunció que comenzará a ofrecer la vacuna a grupos seleccionados de personas.

El cardiólogo Dr. Peter McCullough dijo el mes pasado que las pruebas masivas de animales sanos, como sugiere Birx, solo servirán para » aumentar el recuento de casos falsos «.

Los federales utilizan pruebas PCR en animales, aguas residuales, trabajadores agrícolas, carne y leche

El gobierno federal anunció el mes pasado una nueva ronda de financiación para reducir el impacto de la gripe aviar . El plan asignó 93 millones de dólares a los CDC para realizar la secuenciación genómica del virus, aumentar el control de los trabajadores agrícolas y mejorar y ampliar las pruebas a escala nacional para detectar la gripe aviar en animales, aguas residuales, trabajadores agrícolas y carne.

Los laboratorios autorizados realizan pruebas de PCR para varias cepas de gripe diferentes que supuestamente podrían ser marcadores de la gripe aviar, incluidas “la matriz FluA, H5 y opcionalmente H5N1 2.3.4.4b ”, para determinar si el ganado está infectado.

Desde que se detectó el primer caso, se ha estado monitoreando a los trabajadores agrícolas para detectar síntomas, pero no se les ha realizado la prueba PCR. En respuesta, las autoridades federales anunciaron en mayo que pagarían a los trabajadores agrícolas para que se hicieran la prueba del virus como parte de un programa que también ofrece incentivos a los agricultores para que permitan que sus rebaños lecheros se hagan la prueba.

Colabore por favor con nosotros para que podamos incluir mas información y llegar a más personas: contribución en mercado pago o paypal por única vez, Muchas Gracias!

10.000\$ar <https://mpago.la/1srgnEY>

5.000\$ar <https://mpago.la/1qzSyt9>

1.000\$ar <https://mpago.la/1Q1NEKM>

Via PAYPAL: [Euros o dólares click aqui](#)

Solicite nuestro CBU contactenos

Referencias

1. World Health Organization. Pandemic influenza preparedness partnership contribution high-level implementation plan iii 2024-2030: Monitoring and evaluation framework. World Health Organization. 2024. [[Google Scholar](#)]
2. Graziosi G, Lupini C, Catelli E, Carnaccini S. Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5 clade 2.3. 4.4 b virus infection in birds and mammals. Anim. 2024;14(9):1372. [[Crossref](#)] [[Google Scholar](#)] [[Pubmed](#)]
3. Guo H, de Vries E, McBride R, Dekkers J, Peng W, Bouwman KM, et al. Highly pathogenic influenza A (H5Nx) viruses with altered H5 receptor-binding specificity. Emerg Infect Dis. 2017;23(2):220. [[Crossref](#)] [[Google Scholar](#)] [[Pubmed](#)]
4. Imai M, Kawaoka Y. The role of receptor binding specificity in interspecies transmission of influenza viruses. Curr Opin Virol. 2012;2(2):160-167. [[Crossref](#)] [[Google Scholar](#)] [[Pubmed](#)]

5. Chutinimitkul S, Van Riel D, Munster VJ, Van Den Brand JM, Rimmelzwaan GF, Kuiken T, et al. [In vitro assessment of attachment pattern and replication efficiency of h5n1 influenza A viruses with altered receptor specificity](#). J Virol. 2010;84(13):6825-6833.[Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
6. Li YT, Su YC, Smith GJ. [H5Nx viruses emerged during the suppression of H5N1 virus populations in poultry](#). Microbiol Spectr. 2021;9(2):e01309-21.[Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
7. Bossche VG. [Mass infection prevention and mass vaccination with leaky COVID-19 vaccines in the midst of the pandemic can only breed highly infectious variants](#). Open Letter to WHO. 2021.
8. Lewis NS, Banyard AC, Whittard E, Karibayev T, Al Kafagi T, Chvala I, et al. [Emergence and spread of novel H5N8, H5N5 and H5N1 clade 2.3. 4.4 highly pathogenic avian influenza in 2020](#). Emerg Microbes Infect. 2021;10(1):148-51. [Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
9. CDC. [Emergence and evolution of H5N1 bird flu](#). Avian Influenza (Flu). 2023.
10. Caliendo V, Lewis NS, Pohlmann A, Baillie SR, Banyard AC, Beer M, et al. [Transatlantic spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wild birds from Europe to North America in 2021](#). Sci Rep. 2022;12(1):11729.[Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
11. Bevins SN, Shriner SA, Cumbee Jr JC, Dilione KE, Douglass KE, Ellis JW, et al. [Intercontinental movement of highly pathogenic avian influenza A \(H5N1\) clade 2.3. 4.4 virus to the United States, 2021](#). Emerg Infect Dis. 2022;28(5):1006. [Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
12. [Research project #440252: US-UK-China collab: Predictive phylogenetics for evolutionary and transmission dynamics of newly emerging avian influenza viruses](#). USDA ARS.
13. Hulscher N, Leake J, McCullough P. [Proximal origin of epidemic highly pathogenic avian influenza H5N1 Clade 2.3. 4.4 b and spread by migratory waterfowl](#).2024;1-11.[Crossref] [Google Scholar]
14. Hu X, Saxena A, Magstadt DR, Gauger PC, Burrough E, Zhang J, et al. [Highly Pathogenic Avian Influenza A \(H5N1\) clade 2.3. 4.4 b Virus detected in dairy cattle](#). bioRxiv. 2024.[Crossref] [Google Scholar]
15. Lipsitch M. [Why do exceptionally dangerous gain-of-function experiments in influenza?](#). Methods Mol Biol. 2018:589-608.[Crossref] [Google Scholar]
- 16.
17. Imai M, Watanabe T, Hatta M, Das SC, Ozawa M, Shinya K, et al. [Experimental adaptation of an influenza H5 HA confers respiratory droplet transmission to a reassortant H5 HA/H1N1 virus in ferrets](#). Nature. 2012;486(7403):420-428. [Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]
18. Young A. [Lab-created bird flu virus accident shows lax oversight of risky “gain of function” research](#). USA Today. 2023.[Google Scholar]
19. Merler S, Ajelli M, Fumanelli L, Vespignani A. [Containing the accidental laboratory escape of potential pandemic influenza viruses](#). BMC Med. 2013;11:1-11.[Crossref] [Google Scholar] [Pubmed]

20. <https://cienciaysaludnatural.com/los-centros-de-control-de-enfermedades-cdc-admiten-las-graves-fallas-del-test-pcr/>

Los Centros de Control de Enfermedades, CDC admiten las graves fallas del test PCR

CDC retira el uso de PCR porque no puede distinguir entre el SARS-CoV-2 y la gripe

La FDA aprueba el ensayo de la inyección contra la gripe aviar autoamplificada

Las PCR positivas disminuyen después de que la OMS instruye reducir los umbrales de ciclos

La OMS finalmente admite elevados resultados con falsos positivos en los test RT-PCR

Estudios demuestran porque fallan los test PCR