

I TAMPONI COVID-19 PRODUCONO FINO AL 95% DI FALSI POSITIVI : CONFERMATO DALL'ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ

Articolo Del Dott. Stefano Scoglio



By Redazione

Last updated **Set 28, 2020**

CORONAVIRUS SALUTE

«Dagli Stati Uniti mi candidano al Nobel»

L'Accademia di Svezia accoglie la proposta sul nome di Stefano Scoglio per la Medicina

di IARA OTTAVIANI

DALL'AMERICA parte la candidatura al Premio Nobel 2018 per la Medicina per Stefano Scoglio: l'imprenditore, titolare dell'azienda Blue Lotus al Sasso, è stato proposto per il massimo riconoscimento mondiale per i suoi studi sull'alga Klamath, alga presente in un lago dell'Oklahoma negli Stati Uniti.

Scoglio, da chi è stato il suo nome in modo ufficiale?

«La nomina è stata fatta dal dottor Roscoe M. Moore, epidemiologo americano, che è stato per oltre 15 anni vice-General Surgeon degli Stati Uniti. Come è noto, solo un gruppo ristretto di persone è autorizzato a proporre nomine per il Nobel: il fatto che la mia nomina sia stata presentata, e soprattutto accettata dal relativo Comitato, rappresenta un riconoscimento fondamentale per tutto il lavoro portato avanti senza sosta, assieme ai tanti collaboratori, negli ultimi 20 anni».

mic invenzioni relative a due estratti dalla microalga del lago Klamath».

Di quali invenzioni si tratta?
«L'estratto delle specifiche AFA-fiococianine, che ha dato "rapidi, profondi e inaspettati risultati positivi su forme gravi di psoriasi", come scritto nella motivazione; "nell'area oncologica e anti-proliferativa ha prodotto risultati così notevoli" da generare una "cooperazione con i maggiori centri istituzionali di ricerca italiani", ad esempio il CNR; grazie al suo uso transdermico, ha prodotto "notevoli risultati non solo su problemi estetici sinora ritenuti non trattabili (come cellulite, smagliature e cheloidi) ma anche su problemi fisioterapici come le calcificazioni articolari"».

E poi la seconda ricerca.
«Esatto, l'estratto di AFA che concentra la feniletilammina, detta anche "la molecola dell'amore", e altre molecole sinergiche, che si è dimostrato efficace su problemi



razione con l'italiano Centriale delle Ricerche».

Con chi collabora per studi?

«Negli ultimi 15 anni gli studi non sono stati pubblicati su riviste scientifiche. Collaboro con l'Università di Urbino, vari centri sanitari e ospedalieri, istituzioni e il CNR, con il quale per pubblicare un importante lavoro. Abbiamo anche un accordo preliminare per eseguire un studio specifico in collaborazione con l'Istituto Superiore di Sanità sull'uso oncologico dell'estratto di fiococianine».

Lei intende portare l'azienda via da Urbino?

«E' intenzione della mia famiglia (mio figlio Gabriel studia medicina all'Università di Londra, una delle prestigiose università del mondo) mantenere e sviluppare l'azienda Blue Lotus a Urbino, assieme ad altre aziende ad essa collegate in Europa e in USA, puntando sulla ricerca e sviluppo».

Il dott. **Stefano Scoglio**, Ph.D., è esperto di nutrizione e fitoterapia ed è il direttore del Centro di Ricerche Nutritive di Urbino. **Candidato al premio Nobel per la medicina nel 2018, Stefano Scoglio** pubblica su **Byoblu** il suo ultimo studio dal titolo *"La pandemia inventata, la nuova patologia dell'asintomaticità e la non validità del test per il Covid19"*. Il ricercatore scientifico arriva ad affermare con certezza che: **"Il SarsCov2 non è mai stato isolato"**.

Lunedì il dott. Scoglio [affida a Facebook un articolo/ricerca](#) sull'utilizzo dei tamponi che condividiamo integralmente.

Dopo aver dimostrato come le stesse autorità sanitarie Europee e Americane affermino che il virus non è mai stato isolato, come in un uno-due pugilistico, vedremo ora come le stesse

autorità sanitarie, in primis il nostro Istituto Superiore di Sanità, ammettono che i tamponi Covid-19 sono del tutto inaffidabili. Ho già scritto alcuni post e articoli su come i tamponi e i test sierologici per il Covid-19 siano inaffidabili, di fatto senza alcun significato perché senza nessun vero legame con un presunto virus SARS-Cov2, che non è mai stato isolato.

Abbiamo anche visto come tale inaffidabilità sia stata addirittura certificata dalla Commissione Europea e dall'Istituto Superiore di Sanità, che nell'Aprile-Maggio scorso hanno pubblicato documenti dove affermavano che in Europa circolavano 78 tamponi diversi, di cui nessuno validato da organismi indipendenti, nessuno valutato o autorizzato preventivamente, e addirittura la stragrande maggioranza dei quali non dichiarava neppure quali sequenze geniche utilizzasse, e quindi potenzialmente contenenti qualsiasi cosa. A questo punto ho voluto approfondire la cosa, e ho scoperto ulteriori elementi, sia scientifici che legali.

La situazione normativo-regolatoria

Innanzitutto, va detto che i tamponi rientrano nella nuova normativa REGOLAMENTO (UE) 2017/746 DEL PARLAMENTO EUROPEO E DEL CONSIGLIO del 5 aprile 2017 relativo ai dispositivi medico-diagnostici in vitro e che abroga la direttiva 98/79/CE.

Nella normativa precedente abrogata, in generale bastava l'apposizione del marchio CE, che è un marchio relativo soprattutto alla sicurezza; e solo per alcuni dispositivi diagnostici in vitro elencati nell'Allegato II, e aventi a che fare con i virus già conosciuti (HIV 1 e 2, HTLV I e II e dell'epatite B, C e D), si richiede la valutazione tecnica e di efficacia da parte di un Organismo Notificato, ovvero un organismo di validazione riconosciuto dalla EU. Ora, sappiamo dal Documento della Commissione Europea del 16 Aprile scorso che nessuno dei 78 modelli di test tampone in circolazione a quella data sono stati valutati o sottoposti a qualsiasi organismo di valutazione riconosciuto, e che addirittura ciò non sarebbe stato neppure possibile dato che quasi nessuno di quei 78 tamponi mette a disposizione una adeguata scheda tecnica, inclusa la specifica delle sequenze geniche utilizzate. Come è possibile? In fondo, il SARS Cov2 dovrebbe essere un virus anche più importante di quelli dell'epatite o dell'HIV, che non hanno mai portato alla chiusura dell'economia e della vita sociale di intere nazioni. E' possibile perché il Regolamento della Direttiva 98/79 CE elenca solo i virus suddetti, ed essendo il SARS Cov 2 un nuovo virus non è incluso.

Già, ma abbiamo appena visto che tale regolamento è stato abrogato dal regolamento del 2017, che a sua volta pone requisiti ancora più stringenti di quello precedente, richiedendo valutazioni preliminari di efficacia da parte di organismi di validazione riconosciuti per tutti i dispositivi diagnostici in vitro in cui rientrano anche i tamponi Covid-19. E allora perché sono stati autorizzati in commercio test tampone privi di qualsiasi validazione o anche solo valutazione preliminare, e addirittura privi delle specifiche sulle sequenze geniche utilizzate?

Perché l'Italia ha fatto scuola, e il motto "fatta la legge trovato l'inganno" è diventato motto europeo: il Regolamento 2017/46 del 5 Aprile 2017 entrerà in vigore, per i dispositivi diagnostici in vitro, solo il 26 Maggio 2022! E con questo i tamponi Covid-19 hanno goduto dell'interregno,

non essendo inclusi, in quanto relativi a un virus nuovo, nel Regolamento del '98; e non essendo ancora sottoposti a un Regolamento del 2017 che li avrebbe messi tutti fuori legge, ma che non entrerà in vigore se non a metà del 2022!

La domanda che occorre porsi, e che non può non avere rilevanza anche giuridica, è: questi tamponi sono del tutto privi di valutazione e validazione, e sono in circolazione solo grazie al fatto che si è creato un vuoto normativo tra Regolamento del 1998, che limitava la lista dei virus solo a quelli conosciuti (ma che per analogia dovrebbe applicarsi anche ai nuovi emergenti) e Regolamento del 2017, che abroga quello del '98 ma entra in vigore solo nel 2022; **se insomma questi tamponi Covid-19 sono utilizzati solo grazie ad una anomalia legislativa, e nel 2022 sarebbero del tutto illegali; è ammissibile che a tali tamponi, in vita per puro miracolo o distorsione giuridica, si affidino le sorti di intere nazioni e dell'intera economia mondiale?** Ovviamente no, non dovrebbe essere ammissibile, e se lo sarà, sarà solo perché la forma giuridica viene fatta prevalere sulla sostanza giuridica.

Veniamo però alla sostanza scientifica dei tamponi. Il primo argomento è che sono del tutto senza significato perché il virus non è mai stato isolato, e dunque non esiste nessun marker realistico che ne supporti l'azione. Questo è discorso che ho affrontato in dettaglio altrove; ma sembra che su questo punto le orecchie di chi dovrebbe intervenire tendono a restare chiuse (anche se noi continueremo a gridare la verità). Facciamo dunque finta che non sia questo il problema, che il virus sia stato isolato. Vedremo che anche da questo punto di vista, i tamponi restano del tutto inaffidabili e privi di significato.

La questione della mutazione del virus

Uno dei problemi fondamentali è la continua mutazione del virus. Come scrive lo stesso Istituto Superiore di Sanità (confermando quello che vado dicendo da sempre):



“...il virus infatti può mutare e nuove sequenze nucleotidiche depositate nelle banche dati possono rivelare se queste mutazioni possano a loro volta rendere un particolare test meno efficace o addirittura inefficace...È importante puntualizzare che per la diagnostica di questo virus emergente, con uno stato dell’arte in evoluzione, le reali prestazioni del dispositivo osservate possano differire rispetto a quelle determinate dallo studio iniziale delle prestazioni condotto dal fabbricante ai fini della marcatura CE, in uno stato dell’arte precedente.”

(Gruppo di Lavoro ISS Test Diagnostici COVID-19, Dispositivi diagnostici in vitro per COVID-19. Parte 2: evoluzione del mercato e informazioni per gli stakeholder , Rapporto ISS COVID-19 n. 46/2020, 23 Maggio 2020, p. 8)

Come ho sempre sostenuto anch’io: se al GISAID, dove si raccolgono le sequenze geniche del SARS-Cov 2, ci sono oltre 100.000 sequenze diverse, e aumentano costantemente, **che valore ha un tampone messo a punto nel febbraio 2020 e utilizzato nel Luglio 2020, quando il virus era certamente modificato?**

Per capire ciò, basterebbe dire che la gran parte dei tamponi in circolazione sono stati strutturati (se lo sono stati) sul virus sequenziato dai Cinesi a Wuhan. Ma in Italia sono stati sia lo Spallanzani che il San Raffaele a fornire sequenziamenti genici diversi, ed entrambi, oltre a pseudo-isolare il virus con le stesse metodiche farlocche che ho descritto altrove (<https://www.byoblu.com/2020/09/12/lo-studio-in-esclusiva-su-byoblu-virus-mai-isolato-una-dittatura-basata-su-tamponi-non-convalidati-stefano-scoglio-candidato-premio-nobel-per-la-medicina-nel-2018/>), hanno subito messo in chiaro che si trattava di virus modificati rispetto a quello isolato in Cina (Capobianchi M.R. et al., *Molecular characterization of SARS-CoV-2 from the first case of COVID-19 in Italy*, Clin Microbiol Infect, 2020 Jul;26(7):954-956.); e in uno studio organizzato da diversi centri medici italiani (Sacco, San Raffaele, etc.), quando hanno analizzato 59 campioni di liquido da pazienti Covid-19 da diversi centri del Centro e Nord Italia, hanno trovato una notevole mutazione, al punto da trovare :

”

“A mean of 6 nucleotide substitutions per viral genome was observed, without significant differences between synonymous and non-synonymous mutations, indicating genetic drift as a major source for virus evolution.”

(Lai A. et al., Molecular Tracing of SARS-CoV-2 in Italy in the First Three Months of the Epidemic, Viruses 2020, 12, 798; doi:10.3390/v12080798.)

”

“Una media di 6 sostituzioni nucleotidiche per ogni genoma virale, senza differenze significative tra mutazioni sinonime e non sinonime, delineando così una deriva genetica come importante fonte dell’evoluzione del virus.”

Da questo studio si evince che non solo **il virus muta da continente a continente, da nazione a nazione, ma addirittura da provincia a provincia, e di fatto da persona a persona!** Ci sono dunque 7 miliardi di virus diversi che solo si assomigliano? Esiste un virus talmente magico da incorporare 7 miliardi di mutazioni? E soprattutto: a cosa serve, in questo quadro, un test tampone universale, che ha solo una o al massimo 3 sequenze geniche?

Come afferma lo stesso ISS, “**...queste mutazioni possano a loro volta rendere un particolare test meno efficace o addirittura inefficace**”, e tuttavia nessuno, tra le autorità politiche o giuridiche, si preoccupa di verificare se i tamponi che sostengono e mantengono la pseudo-pandemia, siano o no corrispondenti alle innumerevoli mutazioni di questo super-virus!

La costante mutazione del SARS-Cov2, tale da renderlo di fatto irriconoscibile, è stata confermata anche a livello internazionale: un articolo americano, che include anche Robert Gallo tra gli autori, ha riscontrato decine di mutazioni crescenti nel tempo in parallelo con la presunta diffusione del virus dall’Asia all’Europa agli USA (Pachetti M. et al., *Emerging SARS-CoV-2 mutation hot spots include a novel RNA-dependent RNA polymerase variant*, J Transl Med (2020) 18:179 <https://doi.org/10.1186/s12967-020-02344-6>); mentre un autore asiatico ha analizzato 85 diverse sequenze genomiche SARS-Cov2 disponibili presso GISAID, e ha trovato ben 53 diversi ceppi SARS-Cov2 provenienti da varie aree della Cina, dell’Asia, dell’Europa e degli Stati Uniti (Phan Tung, *Genetic diversity and evolution of SARS-CoV-2*, Infection, Genetics and Evolution, 81 (2020), 104260.).

Insomma, **se il virus muta costantemente, allora il test tampone è inutile, perché va a cercare un virus sempre precedente** e sempre diverso rispetto a quello attualmente in circolazione. Basterebbe questo da solo per capire che **il tampone Covid-19 il test è completamente, al 100%, fallace!**

Questo è davvero ciò che accade nella realtà. Il "Drosten PCR Test" e il test dell'Institute Pasteur, i due test considerati i più affidabili (sebbene nessuno dei due lo sia stato convalidato esternamente), entrambi utilizzano un test del gene E, anche se il test di Drosten lo utilizza come test preliminare, mentre l'Institut Pasteur lo utilizza come test definitivo. Secondo gli autori del Drosten test, il test E-gene è in grado di rilevare tutti i virus asiatici, essendo così al contempo molto aspecifico (tutti i ceppi virali) e limitato ad un'area geografica (Asia). **Ancora, il test Institut Pasteur, uno dei più adottati in Europa, utilizza il test E-Gene come test finale**, anche se è ormai noto che il virus (o virus) SARS-Cov2 che si ritiene circolino in Europa sarebbero diversi da quelli asiatici. E poi ad aprile, **l'OMS ha cambiato l'algoritmo "... raccomandando che da ora in poi un test può essere considerato positivo anche se solo il dosaggio del gene E** (che probabilmente rileverà tutti i virus asiatici!) dà un risultato positivo". Insomma, **per OMS ed epigoni, tutto fa brodo pur di mantenere la tragica farsa della pandemia!**

La questione dei cicli (runs) della RT-PCR

Un'altro grave problema dei tamponi, che utilizzano la metodica della RT-PCR, è che l'affidabilità di tale metodica dipende dal numero di cicli (replicazioni) che vengono usati per trovare il virus SARS-Cov2. Prof. Stephen Bustin, una delle autorità mondiali di PCR, ha scritto in un recente articolo relativamente alla identificazione della presenza di SARS-Cov 2:

”

“...the most widely used method is quantitative fluorescence-based reverse transcription polymerase chain reaction (RT-qPCR). Despite its ubiquity, there is a significant amount of uncertainty about how this test works, potential throughput and reliability.

(Bustin S.A, Nolan T., RT-qPCR Testing of SARS-CoV-2: A Primer, Int. J. Mol. Sci. 2020, 21, 3004; doi:10.3390/ijms21083004, p. 1).

“...il metodo più utilizzato è la Reazione a catena delle polimerasi quantitativa a trascrizione inversa basata sulla fluorescenza (RT-qPCR). Nonostante la sua ubiquità, c'è un significativo livello di incertezza su come funziona questo test, sulla sua potenziale produzione e

affidabilità.”

Probabilmente questo è dovuto anche e soprattutto alla questione dei cicli di PCR che vengono normalmente effettuati coi tamponi. In una intervista al compianto David Crow, prezioso ricercatore canadese, Bustin afferma:

”

“...the cycle number per se is not a good measure...most instruments, when you get above a cycle number of 35, then you start worrying about the reliability of your result...so, you want to be sure that your results are within the 20 to 30 cycles...”

“...il numero di cicli di per sé non è una buona misura...la maggioranza degli strumenti, quando sali oltre il numero di 35 cicli, cominci a preoccuparti sull'affidabilità dei tuoi risultati...quindi, vuoi assicurarti che i tuoi risultati siano prodotti dai 20 a un massimo di 30 cicli...”.

E dato che la maggioranza dei tamponi sale fino e oltre i 40 cicli, Crow domanda a Bustin:

”

“...if you get up to 40 cycles, you could get a ghost, the PCR could string bases together casually...”

“...se sali a 40 cicli, potresti produrre un fantasma, la PCR può iniziare a raccordare assieme basi nucleotidiche in modo casuale...”

E Bustin risponde: “I would be very unhappy about 40 cycles...”;(David Crow, The Infectious Myth: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>)

“Sarei molto scontento a 40 cicli...”.

Vediamo quindi quanti cicli vengono normalmente usati nei tamponi. Forse vi ricordate della recente polemica, alimentata dal dr. Remuzzi del San Raffaele, per cui i tamponi che trovano il virus solo con un'alto numero di cicli si riferiscono a casi di bassissima viralità, considerata non infettiva:

”

“Remuzzi riferisce che la positività nei tamponi dello studio del Mario Negri emergeva solo dopo 34-38 cicli di amplificazione. Ma più si amplifica, più il segnale si fa debole e incerto, facendo pensare a tracce di Rna virale ormai residuali e inattive. Niente infezione, insomma.”

(Luca Carra, Debolmente positivi: realtà o illusione?, Internazionale, 23 Giugno 2020.)

Questo è in accordo con ciò che sostiene il Prof. Bustini: sopra i 35 cicli, l'affidabilità del tampone crolla, e al massimo, per salvare la baracca, si può sostenere che si tratta di presenza di virus talmente debole da non essere più infettivo. La sostanza non cambia: **che il virus venga creato dalla PCR come un “fantasma”, come sostengono Crow e Bustini, o che esso sia senza nessuna carica virale, perché si conti una a utilizzare questi risultati da tampone per terrorizzare la gente e prorogare vari tipi di lockdown?**

E che i tamponi utilizzino normalmente sopra i 35 cicli di PCR è confermato da questa tabella che riporta una serie di diversi tamponi e la media del loro numero di cicli :

8.	CerTest Blotec S.L.	VIASURE SARS-CoV-2 Real Time PCR Detection Kit	VS-NC0112L VS-NC0212L	ORF1ab	10–50	35.16
				N	1–10	35.46
9.	DAAN Gene Co. Ltd of Sun Yat-Sen University	Detection Kit for 2019 Novel Coronavirus (2019-nCoV) RNA (PCR- Fluorescence Probing)	DA0930- DA0932	ORF1	1–10	38.76
				N	1–10	36.97
10.	EUROIMMUN AG	EUORealTime SARS-CoV-2[c]	MP 2606- 0425	ORF1ab/N	1–10	37.88
11.	GeneFirst Ltd	The Novel Coronavirus (2019-nCoV) Nucleic Acid Test Kit	MPA- COVID19	ORF1	1–10	35.45
				N	1–10	36.72
12.	KH Medical Co. Ltd	RADI COVID-19 Detection Kit	RV008	S	1–10	37.94
				RdRP	10–50	36.74
13.	PerkinElmer Inc.	PerkinElmer® SARS-CoV-2 Real-time RT-PCR Assay[c,d]	SY580	N	1–10	39,43
				ORF1	1–10	38,99

La tabella presenta un campione di 6 dei 22 tamponi analizzati da FIND (Foundation for Innovative New Diagnostics) , la più autorevole organizzazione di valutazione degli strumenti diagnostici, presa come riferimento dallo stesso Istituto Superiore di Sanità italiano (per la

tabella completa vedi: <https://www.finddx.org/covid-19/sarscov2-eval-molecular/>).

Come si vede dalla tabella, i tamponi sono tutti sopra i 35 cicli; e si consideri che i numeri dati sono medie, il che significhi che nel 3-40% dei casi si sale anche sopra i 40 cicli! E la cosa è confermata anche per il test Xpert Xpress di Cepheid, che la FDA americana ha ritenuto così importante e affidabile da conferire a questo test un'autorizzazione di emergenza, saltando tutti i passaggi di verifica. Ebbene, anche questo test così importante, adotta un numero di cicli eccessivo:

Tabella 3. Concordanza del test Xpert SARS-CoV-2 con i risultati attesi per concentrazione del campione

Concentrazione target	Numero di concordanti/numero di analizzati	Media Ct di E	Media Ct di N2	% concordanza [IC 95%]
2x LoD	20/20	35,4	38,4	100% [83,9% - 100%]
3x LoD	5/5	34,2	37,2	100% [NA*]
5x LoD	5/5	33,9	37,0	100% [NA*]
Negativo	30/30	NA	NA	100% [88,7% - 100%]

La media riferita al gene E, che è comunque aspecifico e tipico di tutti i coronavirus, è attorno ai 34-35 cicli; ma la media riferita al gene N2, che dovrebbe essere più specifico del SARS-Cov2 (vedremo che non è così neppure per questo gene), **si attesa attorno a 37-38 cicli!**

Questo significa che nella maggioranza dei casi i tamponi danno o risultati fantasma, o se anche "beccano" il virus, lo trovano in uno stato talmente indebolito da non costituire più nessun pericolo. Questo significa anche che dunque **non c'è più nessuna motivazione per terrorizzare con lo spettro dei positivi asintomatici, perché come minimo si tratta di individui incapaci di infettare alcunché**. Ma la verità, come stiamo per vedere, è che i tamponi producono risultati senza nessun significato, risultati fantasma o comunque non indicativi della presenza del SARS-Cov 2 .

La questione della cross-reattività, o mancanza di specificità.

Prendiamo i tre più importanti modelli di test-tampone, utilizzati da molti dei tamponi circolanti, quello della OMS, quello tedesco-europeo del gruppo di Drosten, e quello del CDC americano. Quello della OMS, come abbiamo già visto altrove, è talmente a rischio di aspecificità (ovvero di cogliere col tamponi virus o particelle simil-virali diverse dal SARS-Cov2) che in uno dei suoi 3 primers (le sequenze geniche con cui si va alla ricerca del virus) c'è addirittura una sequenza genica tipica del DNA umano, quella del cromosoma 8:

Primers and probes

Name	Sequences (5'-3')	Length (bases)	PCR product size	Ref.
RdRp gene / nCoV_IP2				
nCoV_IP2-12669Fw	ATGAGCTTAGTCTCTGTTG	17	108 bp	1
nCoV_IP2-12759Rv	CTCCCTTTGTTGTGTTGT	18		
nCoV_IP2-12696bProbe(+)	AGATGTCTTGTGCTGCCGGTA [5']Hex [3']BHQ-1	21		
RdRp gene / nCoV_IP4				
nCoV_IP4-14059Fw	GGTAACTGGTATGATTTCCG	19	107 bp	1
nCoV_IP4-14146Rv	CTGGTCAAGGTTAATATAGG	20		
nCoV_IP4-14084Probe(+)	TCATACAAACCACGCCAGG [5']Fam [3']BHQ-1	19		
E gene / E_Sarbeco				
E_Sarbeco_F1	ACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGT	18	125 bp	2
E_Sarbeco_R2	ATATTGCAGCAGTACGCACACA	20		
E_Sarbeco_P1	ACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCG [5']Fam [3']BHQ-1	20		

1/ National Reference Center for Respiratory Viruses, Institut Pasteur, Paris.

2/ Corman et al. Eurosurveillance¹

Qui il rischio di far venire il tampone positivo anche senza nessun virus presente è ovviamente molto alta, visto che tutti gli esseri umani possiedono quella sequenza CTCCCTTTGTTGTGTTGT come parte del loro corredo genico.

Il CDC americano utilizza invece altre sequenze geniche, relative al gene N del virus, quello del suo nucleocapside. Questa scelta di focalizzarsi sul gene N, nelle sue due versioni N1 e N2, è dovuto al fatto che il gene E "... also detects SARS-related coronaviruses" ("rileva anche altri SARS-coronavirus" : Wagginer J et al., *Triplex Real-Time RT-PCR for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2*, Research Letter, Volume 26, Number 7—July 2020). Questo mostra come il tampone OMS possa, in aggiunta a legarsi al genoma umano, identificare altri coronavirus scambiandoli per il SARS-Cov 2.

Ma che garanzie ci sono che i geni N1 e N2 siano invece più specifici? Tutti i coronavirus hanno un nucleo-capside, e dunque geni del tipo N. Il CDC sostiene che il gene N2 è specifico del SARS-Cov2; ma anche su questo non c'è accordo, dato che per alcuni ricercatori non è così:

”

“...we found out that only one of them (RdRP_SARsP2) was almost specific for the new coronavirus and the other introduced probes would detect the other types of coronaviruses. In this regard, the false-positive test results may extend for COVID-19”

(Kakhki RK et al, COVID-19 target: A specific target for novel coronavirus detection, Gene Reports 20 (2020) 100740.)

“...abbiamo trovato che solo uno di loro (il gene RdRP-SARsP2) è quasi specifico per il nuovo coronavirus, mentre le altre “sonde” (sequenze geniche) rilevano anche altri tipi di coronavirus. Sotto questo aspetto, **i risultati con falsi positivi possono ampliarsi in rapporto al Covid-19.**”

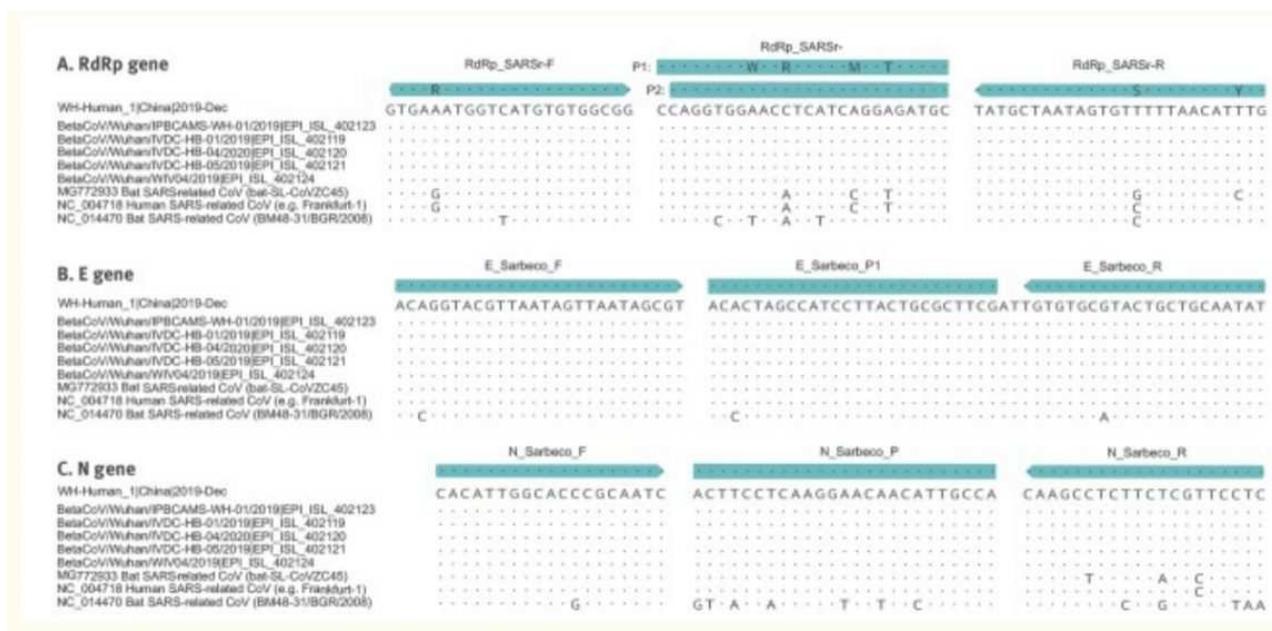
Ciò significa che non c'è alcuna sicurezza neppure sulla specificità del gene N2 usato dal modello della CDC, specie se si considera che appunto i geni N sono tipici di tutti i coronavirus. E si noti come gli autori, anche per il gene che ritengono specifico, lo definiscono “quasi” specifico, nel senso che anche quello non è completamente specifico!E quando veniamo al **test di Drosten**, il test-tampone europeo, le cose diventano anche più evidenti. Innanzitutto, vediamo qui in modo apertamente dichiarato, che **questi isolamenti e definizioni del virus sono tutte elaborazioni al computer**, senza nessuna presenza fisica del virus:

”

“The present report describes the establishment of a diagnostic workflow for detection of an emerging virus in the absence of physical sources of viral genomic nucleic acid.”

(Corman V et al, Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR, Euro Surveill. 2020 Jan 23; 25(3): 2000045, p.10.)

“Il presente documento descrive la realizzazione di un processo diagnostico per il rilevamento di un virus emergente in assenza delle fonti fisiche degli acidi nucleici genomici virali”. Quindi qui l'astrazione dei tamponi dall'effettivo virus è dichiarata apertamente, e appare evidente anche dalla tabella delle sequenze geniche utilizzate dal gruppo di Drosten:



Come si vede, il tampone di Drosten utilizza tutti e 3 i geni, E, N e RdRP. Ma se confrontiamo la sequenza genica del SARS-Cov 2 con quella del SARS-Cov1 originario (al penultimo posto nella lista), vediamo che:

- il gene E del SARS-Cov 2 è identico al 100% a quello del SARS-Cov1, e probabilmente a quello di tutti i SARS coronavirus (nella penultima riga non ci sono variazioni di lettere);
- Il gene N ha una sola variazione, una C invece di una T, al 15° posto della sequenza del Reverse primer. Questa è una variazione di appena 1/64esimo, ovvero di appena l'1.5%. Le possibilità di confusione e cross-reattività (rilevare un SARS virus diverso dal SARS-Cov2) è molto elevata.
- Il gene RdRP è l'unico che ha 5 variazioni su 64, di nuovo non una grande differenza, anche se meglio degli altri due (e per questo gli autori sopra lo hanno definito "quasi" specifico).

Insomma, in totale abbiamo una differenza di soli 6 nucleotidi su 214, una percentuale di appena il 2.8%. E per questo anche quando autori indipendenti hanno testato l'efficienza del test Drosten hanno concluso che il test dimostrava:

”

“...a lot of cross-reactions with Coronavirus BtRs-BetaCoV (MK211374-MK211378), SARS coronavirus Urbani (MK062179-MK062184), Bat coronavirus (KY770858-KY770859), SARS coronavirus (AH013708-AH013709), and others”.

“...elevata cross-reattività con i Coronavirus BtRs-BetaCoV (MK211374- MK211378), SARS

coronavirus Urbani (MK062179-MK062184), Bat coronavirus (KY770858-KY770859), SARS coronavirus (AH013708-AH013709, e con altri.”

E anche il gene RdRP, che dovrebbe essere più specifico

”

“...covers many coronavirus isolates, including Bat SARS-like Coronavirus (MG772904-MG772932), Rhinolophus pusillus Coronavirus (KY775091), Bat SARS-like Coronavirus (MG772903) and many others”

(Kakhki RK et al, COVID-19 target: A specific target for novel coronavirus detection, Gene Reports 20 (2020) 100740.)

“...copre molti altri isolati di coronavirus, inclusi Bat SARS-like Coronavirus (MG772904-MG772932), Rhinolophus pusillus Coronavirus (KY775091), Bat SARS-like Coronavirus (MG772903), e molti altri.”

Insomma, tutti i principali test-tamponi mancano di specificità, e sono affetti da un'elevata cross-reattività, ovvero producono un'elevata quantità di falsi positivi. Questa verità, che dovrebbe porre immediatamente fine alla follia della pseudo-pandemia spinta da questi tamponi farlocchi, è da ultimo, *last but not least*, apertamente confermata dallo stesso Istituto Superiore di Sanità, organismo del governo italiano.

ISS del Governo Italiano: in questa situazione epidemica, i test-tampone danno fino al 91% di falsi positivi!

Nel documento **Dispositivi diagnostici in vitro per COVID-19. Parte 2: evoluzione del mercato e informazioni per gli stakeholder**, del 23 Maggio 2020, l'Istituto Superiore di Sanità fa una analisi approfondita dei dispositivi test-tampone in circolazione, sottolineando la tensione esistente tra **sensibilità**, la capacità di rilevare quanto più RNA virale possibile, e la **specificità**, ovvero la necessità che tale RNA virale si riferisca solo al virus che si sta cercando, in questo caso il SARS-Cov2.

”

“Un test molto sensibile nel rilevare il bersaglio di interesse ha maggiori probabilità di rilevare anche bersagli correlati ma distinti che non sono di interesse, vale a dire che può essere meno specifico.”

Gruppo di Lavoro ISS Test Diagnostici COVID-19, Dispositivi diagnostici in vitro per COVID-19. Parte 2: evoluzione del mercato e informazioni per gli stakeholder , Rapporto ISS COVID-19 n. 46/2020, 23 Maggio 2020, p. 6).

L'ISS spiega poi che tale tensione è modulata da un altro fattore, ovvero quello di “prevalenza”. In ambito epidemiologico, la **prevalenza** descrive la **percentuale di popolazione affetta da una certa patologia**. Nel caso di una patologia presuntivamente virale come il Covid-19, la prevalenza indica quanti malati attuali di Covid-19 ci sono sul totale della popolazione.

Perché questo dato è importante in rapporto alla affidabilità dei test-tampone? Perché maggiore è la percentuale di popolazione affetta, maggior è la circolazione del virus, e quindi maggiore è la probabilità che il test-tampone rilevi effettivamente quel virus anziché altri, riducendo così il gap tra sensibilità e specificità.

L'ISS riprende una tabella che considera l'effetto della prevalenza sull'efficacia dei tamponi. La tabella è stata pubblicata da FIND, autorevole organizzazione internazionale già vista sopra; e così, il dato che emerge dalla tabella FIND, accettato e riproposto dall'ISS, ha valore non solo per l'Italia, ma per tutto il mondo.

Scrivi l'ISS a introduzione della Tabella:

”

“Nella tabella che segue, tratta dal documento Rapid diagnostic tests for COVID-19 (FIND, *Rapid Diagnostic Tests for Covid-19*: https://www.finddx.org/wp-content/uploads/2020/05/FIND_COVID-19_RDTs_18.05.2020.pdf), viene mostrato con un esempio numerico come la capacità di identificare correttamente i positivi (colonna PPV) sia correlata sia alla sensibilità e specificità del test, sia alla prevalenza del marcatore nella popolazione target, esemplificata da quattro coorti di 1.000 individui con quattro diversi valori di prevalenza: 2%, 5%, 10% e 30%. “

Quindi, la capacità del test di rilevare correttamente la presenza del virus dipende da 3 fattori, tutti considerato nella tabella, ovvero sensibilità e specificità, ma alla luce della prevalenza; e la Tabella prende in considerazione 4 livelli di prevalenza: 2%, 5%, 10% e 30%. Prima di vedere la Tabella, vediamo a quale dei quattro gruppi appartiene la situazione Italiana (e di riflesso anche quella degli altri paesi, in cui il livello di prevalenza non si discosta molto da quello italiano). Quello che segue è la situazione Covid-19 in Italia al 25 Settembre 2020:



Il numero da considerare è quello degli attuali positivi, ovvero 47,718, che rappresenta appena lo 0.079% della popolazione italiana, assai distante persino dal livello più basso del 2%. Anche se volessimo esagerare, e prendere in considerazione il totale dei casi che ci sono stati dall'inizio a oggi, avremmo che il numero di 306,235 è pari allo 0.5% della popolazione italiana. Utilizzare questo secondo numero è statisticamente del tutto errato, ma l'ho fatto per sottolineare come neppure prendendo tutti i casi Covid-19 ufficiali (cioè CON Covid e non PER Covid) emersi dall'inizio della pseudo-pandemia ad oggi, si arriverebbe neppure lontanamente al 2% della popolazione. Vediamo finalmente la Tabella:

Cohort	Pre-test probability (prevalence)	Sensitivity	Specificity	Cases	Non-cases	True positive (TP)	False negative (FN)	True negative (TN)	False positive (FP)	PPV	NPV
High performance											
1,000	2.0%	95%	98%	20	980	19	1	960	20	49.2%	100%
1,000	5.0%	95%	98%	50	950	48	2	931	19	71.4%	100%
1,000	10.0%	95%	98%	100	900	95	5	882	18	84.1%	99%
1,000	30.0%	95%	98%	300	700	285	15	686	14	95%	98%
Mid performance											
1,000	2.0%	85%	90%	20	980	17	3	882	98	14.8%	100%
1,000	5.0%	85%	90%	50	950	43	8	855	95	30.9%	99%
1,000	10.0%	85%	90%	100	900	85	15	810	90	48.6%	98%
1,000	30.0%	85%	90%	300	700	255	45	630	70	78%	93%
Low performance											
1,000	2.0%	75%	85%	20	980	15	5	833	147	9.3%	99%
1,000	5.0%	75%	85%	50	950	38	13	808	143	20.8%	98%
1,000	10.0%	75%	85%	100	900	75	25	765	135	35.7%	97%
1,000	30.0%	75%	85%	300	700	225	75	595	105	68%	89%

Il numero decisivo è il PPV, ovvero la capacità del test di rilevare effettivamente il virus. I numeri che ci interessano sono quelli legati al livello del 2%, che nel caso dell'Italia è in realtà molto più basso, assestandosi attorno allo 0.1%. Questo significa che i numeri di questa Tabella sono addirittura ottimisti, anche al livello del 2%, e più avanti faremo anche la proiezione della Tabella sul livello dello 0.1%. Intanto, qui vengono considerati 3 modelli di tampone: quelli ad alta performance, a media performance, e a bassa performance. Al livello di prevalenza del 2%.

Quindi, nella migliore delle ipotesi, i tamponi danno il 50% di falsi positivi, e nella peggiore delle ipotesi danno quasi il 91% di falsi positivi! Mediamente, possiamo dire che i tamponi danno l'85,2% di falsi positivi! In tutti i casi, l'Istituto Superiore di Sanità certifica che i tamponi sono del tutto inaffidabili! Ci sarà qualche politico che avrà voglia di ascoltare questa verità ufficiale, che più ufficiale non si può?

Qual'è il numero più probabile tra il 50% e il 91% di falsi positivi? Avendo visto in precedenza la inaffidabilità delle sequenze geniche dei principali tamponi, e soprattutto il fatto che tutti utilizzano più di 35 cicli di PCR, e dunque che i tamponi non possono che essere a bassa performance, **il numero più realistico è il 91% di falsi positivi! Ma se anche fossero una via di mezzo, ad esempio il risultato della "media performance" dell'85%, le cose non cambierebbero.** I tamponi sono del tutto inaffidabili, lo afferma lo stesso Istituto Superiore di Sanità e un'organizzazione autorevole internazionalmente come FIND: cosa si aspetta a far cessare la tragica farsa dei tamponi e dei positivi asintomatici? E qui veniamo all'ultima considerazione, anche se non sarebbe neppure necessaria. I numeri che abbiamo visto si

riferiscono al livello di prevalenza del 2%; ma in Italia oggi il livello è dello 0.1%. Un adeguato aggiustamento statistico richiederebbe un lavoro ad hoc. Ma se consideriamo che nel passaggio dal 30% di prevalenza al 2% (riduzione di 15 volte) i valori si riducono dal 95% al 49.3%, ovvero di circa la metà (50%); possiamo ragionevolmente valutare che passando dal 2% allo 0.1% (riduzione di 20 volte), i valori subiscano come minimo lo stesso dimezzamento. Questo significa che il range dei **falsi positivi passa dal 50.3 al 75% nella migliore delle ipotesi; e dal 90.7 al 95% circa nella peggiore delle ipotesi.**

Una ragione ancora più convincente per gridare con forza: **BASTA CON LA TRUFFA DI QUESTA FALSA PANDEMIA**, che genera una prevalenza di appena lo 0,1% (mentre i modelli parlano di prevalenze fino al 30%!); e che si regge su tamponi che, **secondo l'autorevole opinione di FIND ripresa dallo ISS italiano, producono fino al 95% di falsi positivi!**

Segui Database Italia su Google News:



Iscriviti al blog tramite email

Inserisci il tuo indirizzo e-mail per iscriverti a questo blog, e ricevere via e-mail le notifiche di nuovi post.

ISCRIVITI



Falsi positivi

ISS

Stefano Scoglio

Tamponi



Redazione - 309 Posts - 0

Comments

0

Article Rating



7 COMMENTI



Oldest ▾

[VIEW COMMENTS](#)

[Terms Of Use](#)

[Privacy Policy](#)

[CCPA](#)

[Manifesto](#)

[Donazioni](#)

[Articoli A-Z](#)

[Contact // Contatti](#)

© 2021 - Database Italia. All Rights Reserved. Website Design: Enjoy Group Italia