Fake-Pandemie? RT-PCR kann SARS-CoV-2 nicht sicher feststellen

geschrieben von AR Göhring | 2. Dezember 2020

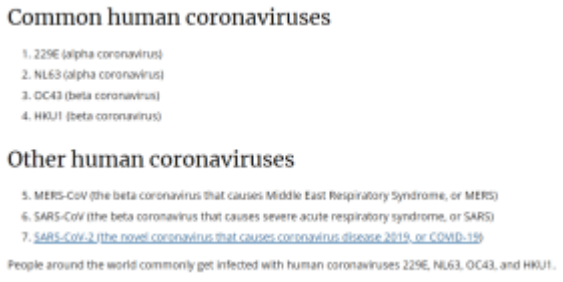
Wir machen das eigentlich selten, aber dieses Mal nennen wir alle Autoren:

> Pieter Borger, Bobby Rajesh Malhotra , Michael Yeadon , Clare Craig, Kevin McKernan, Klaus Steger, Paul McSheehy, Lidiya Angelova, Fabio Franchi, Thomas Binder, Henrik Ullrich, Makoto Ohashi, Stefano Scoglio, Marjolein Doesburg-van Kleffens, Dorothea Gilbert, Rainer Klement, Ruth Schruefer, Berber W. Pieksma, Jan Bonte, Bruno H. Dalle Carbonare, Kevin P. Corbett und Ulrike Kämmerer.

Sie alle sind Molekularbiologen, Biochemiker usw., die an verschiedenen Universitäten tätig sind.

Sie haben einen Beitrag verfasst, der den Titel trägt: “External peer review of the RTPCR test to detect SARS-CoV-2 reveals 10 major scientific flaws at the molecular and methodological level: consequences for false positive results.” Das ist ein sperriger Titel, der den Sprengstoff, der sich dahinter verbirgt, verdeckt.

Der Sprengstoff lässt sich wie folgt beschreiben: Seit Monaten sind Politiker panisch weil Ihnen aus Labors Zahlen gemeldet werden, Zahlen von Personen, die mit einem Test, dem RT-PCR – Polymerase Chain Reaction – Reverse Transcriptase – Test positiv auf Coronavirus getestet wurden. Diese Zahlen sind falsch. Das ist die zurückhaltendste Formulierung, die sich für die Ergebnisse finden lässt, die Borger et al. (2020) in ihrem Beitrag publizieren. Der Beitrag ist eine Peer Review des Beitrags, “Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR”, der am 23. Januar im Journal “Eurosurveillance” publiziert wurde. Darin wird die Entwicklung eines Tests zur Bestimmung von positiv mit SARS-CoV-2 Infizierten Personen beschrieben, der seither den Standard darstellt, anhand dessen Labors rund um die Welt bestimmen, ob der Nasenabstrich, den sie gerade testen, SARS-CoV-2 enthält. Wer sich bei der WHO Test-Rat holen will, dem wird ein Testprotokoll geliefert, das auf dem Beitrag von Corman, Drosten und anderen basiert. Es findet sich hier. Mit anderen Worten: Labore weltweit nutzen den von Corman, Drosten et al. entwickelten Test, um SARS-CoV-2 in Proben zu identifizieren. Sie bauen auf dem auf, was Corman, Drosten et al. veröffentlicht haben, und das ist falsch.



Wenn Sie sich gerade im Lockdown befinden, daran gehindert werden, ein normales Leben zu leben, wenn ihr Unternehmen gerade Bankrott gegangen ist, ihre Lebenswerk zerstört wurde, wenn sie gerade an Krebs leiden, aber in Krankenhäusern wegen SARS-CoV-2 nicht behandelt werden können, dann wird es Sie vielleicht trösten, dass alles ein schlechter Scherz gewesen sein kann, dass seit Monaten Personen, die an irgend einem der vielen Coronaviruse erkrankt sind, als COVID-19 Fälle etikettiert und zum Anlass genommen werden, um ihre bürgerlichen Freiheiten einzuschränken, ihr Unternehmen zu zerstören, sie einzusperren.

Falls Sie sich fragen, welche Coronaviren es eigentlich gibt: Oben finden sie eine Liste. Sie alle können mit PCR-RT “entdeckt”, aber nicht von SARS-CoV-2 unterschieden werden. Sie alle sind normale Vorkommnisse in Winter und Frühling, manche von ihnen sind die normalen Anlässe für Pneumonia, die tödlich verlaufen kann. Sie alle mögen der Grund dafür sein, dass die Sterblichkeit in diesem Jahr nicht über der der letzten Jahre liegt. Es ist alles ein Versehen – vielleicht auch Absicht.

Beginnen wir mit Besonderheiten.

Schon am 13. Januar 2020 wird das Protokoll des RT-PCR Tests, den Corman, Drosten et al. am 23. Januar 2020 in Eurosurveillance veröffentlichen werden, als Protokoll zur Feststellung von SARS-CoV-2 auf der Webseite der WHO publiziert, am 17. Januar wird es dort in überarbeiteter Version publiziert. Am 21. Januar 2020 wird der Beitrag von Corman, Drosten et al. (2020), der die Entwicklung des RT-PCR-Tests beschreibt, bei Eurosurveillance eingereicht. Am 22. Januar wird er bereits zur Veröffentlichung angenommen. Am 23. Januar wird er veröffentlicht. Angeblich sind die Texte, die bei Eurosurveillance veröffentlicht werden, Peer Reviewed, in diesem Fall mag es geholfen haben, dass Christian Drosten und Chantal Reusken, die am Corman-Drosten-Paper mitgeschrieben haben, auch gleichzeitig Herausgeber von Eurosurveillance sind, ein Interessenkonflikt, den die beiden vergessen haben, anzugeben, wie Borger et al. (2020) in ihrem Beitrag, in dem sie das Papier von Corman, Drosten et al. nicht nur einer Peer-Review unterziehen, sondern zerstören, anmerken.

Der Text, den Borger et al. publiziert haben, er findet sich für Interessierte am Ende dieses Beitrags, er ist eine systematische Zerstörung eines – so muss man nach Lektüre des Textes Borger et al. feststellen – dilettantischen Textes von Corman, Drosten et al. der zur vermeintlich wissenschaftlichen Grundlage der gesamten SARS-CoV-2 Pandemie geworden ist.

Beginnen wir mit der Darstellung der Zerstörung:

- Es beginnt mit dem Zeitpunkt der Veröffentlichung. Am 21. Januar reichen Corman, Drosten et al. ihr Paper zur Veröffentlichung ein und begründen die Relevanz ihrer Arbeit damit, dass SARS-CoV-2, das neue Virus aus China, eine Herausforderung und ein großes Risiko für die öffentliche Gesundheit darstelle. Zu diesem Zeitpunkt gibt es weltweit gerade einmal 6 Tote. Wieso, so fragen Borger et al., nehmen Corman, Drosten et al. bereits zu diesem Zeitpunkt an, dass SARS-CoV-2 eine Gefahr für die öffentliche Gesundheit darstelle?
- Wenn ein Test entwickelt wird, der auf das Vorhandensein eines Virus testen soll, dann nimmt man an, dass das Virus, das Genom des Virus, das in Proben gefunden werden soll, Ausgangspunkt der Entwicklung ist. Nicht so bei RT-PCR von Corman, Drosten et al. Der Test wurde nicht auf Basis eines lebenden SARS-CoV-2 Virus entwickelt, er wurde überhaupt nicht auf Basis von genetischem Material für SARS-CoV-2 entwickelt, sondern auf Basis einer Veröffentlichung chinesischer Wissenschaftler, in der die Gensequenz von SARS-CoV-2 enthalten ist und auf Grundlage von SARS-CoV-1, dem Vorgänger von SARS-CoV-2. Allein das macht den Test schon suspekt. Aber das ist noch das geringste der Probleme, die Borger et al. auflisten.
- Um einen RT-PCR-Test zu starten, werden so genannte Primer benötigt. Sie dienen als Startpunkt für das Enzym “Polymerase”, das zuvor in DNA umgeschriebene RNA so amplifiziert, dass auf das Vorhandensein eines bestimmten Genoms geschlossen werden kann. Normal sind Konzentrationen von 100 bis 200 Nanomol (nM) pro Primer. Corman, Drosten et al. verwenden Primer-Konzentrationen, die mit 600 bis 800 nM um ein Vielfaches höher liegen. Mit höherer Primer-Konzentration geht eine höhere Wahrscheinlichkeit, Junk zu messen und als SARS-CoV-2 auszugeben, einher.
- Primer formen mit dem genetischen Material in der Probe ein Paar, das indikativ für in diesem Fall SARS-CoV-2 sein soll. Dazu ist es notwendig, alle Paare, die gebildet werden können, zu bestimmen. Beim RT-PCR-Test von Corman, Drosten et al. bleiben 64 Paare unbestimmt. D.h. es gibt 64 Möglichkeiten, SARS-CoV-2 mit dem Test in Proben zu finden, ohne dass SARS-CoV-2 vorhanden wäre. Wenn man die Wahrscheinlichkeit maximieren will, etwas zu finden, was gar nicht da ist, dann geht man wohl so vor.
- Normalerweise werden Tests, die das Vorhandensein von z.B. einem Virus erfassen sollen, auf Basis von drei Test-Assays durchgeführt. Der RT-PCR-Test sieht nur zwei Test-Assays vor. Weltweit werden Personen auf Grundlage von zwei Test-Assays als SARS-CoV-2 positiv getestet, obwohl zwei Test-Assays nicht ausreichen, vor allem deshalb nicht, weil der einzige Test-Assay, der SARS-CoV-2 zweifelsfrei nachweisen kann, weil das N-Gen von SARS-CoV-2 und SARS-CoV-1 in seiner spezifischen Form nur in diesen beiden Coronaviren zu finden ist, gar nicht durchgeführt wird. Dazu schreiben Borger et al. (2020):

> “So, in order to specifically detect a SARS-CoV1 and SARS-CoV-2 PCR product the above region in the N gene should have been chosen as amplification target”.

Statt des N-Gens wurde von Corman, Drosten et al. jedoch das E-Gen ausgewählt und für dieses Gen gilt, dass es nicht spezifisch für SARS-CoV-2 ist.

- Hinzu kommt, dass die Primer, die von Corman, Dorsten et al. als Ausgangspunkt zur wenn man so will, Reproduktion von SARS-CoV-2 gewählt wurden, bestenfalls knapp die Hälfte des Genoms von SARS-CoV-2 abdecken. Das lässt ausreichend Spielraum, um Personen positiv zu testen, die gar nicht mit SARS-CoV-2 infiziert sind. Es maximiert die Anzahl der False Positives. Dazu schreiben Borger et al.:

> “These are severe design errors, since the test cannot discriminate between the whole virus and viral fragments. The test cannot be used as a diagnostic for SARS-viruses”.

Mit anderen Worten, der Test, der genutzt wird, um die schönen Statistiken bei Worldometer und Johns Hopkins mit den Millionen Infizierten zu generieren, er ist nutzlos, um SARS-CoV-2 festzustellen. Mit noch anderen Worten:

> “The design errors described here are so severe that it is highly unlikely that specific amplification of SARS-CoV-2 genetic material will occur using the protocol of the Corman-Drosten paper.

RT-PCR misst also irgend etwas, was er misst kann mangels Spezifizität nicht gesagt werden.

- Um genug genetisches Material für eine Bestimmung im Assay herzustellen, müssen mehrere Zyklen durchlaufen werden. Zuverlässige Ergebnisse können nur unterhalb von 30 bis 35 Zyklen erhalten werden:

> “PCR data evaluated as positive after a Ct value of 35 cycles are completely unreliable.”

Dessen ungeachtet wird im WHO-Protokoll, das auf dem Corman, Dorsten et al. Paper basiert, behauptet, es sei bis zu 45 Zyklen möglich, reliable Ergebnisse zu erhalten:

> “But an analytical result with a Ct value of 45 is scientifically and diagnostically absolutely meaningless (a reasonable Ct-value should not exceed 30).”

INFORMATION FROM WWW.FINDDX.ORG/COVID-19/SARSCOV2-EVAL-MOLECULAR/MOLECULAR-EVAL-RESULTS/ LAST UPDATED: 3 JULY 2020

TABLE 1: Results for 21 manual (open) molecular tests included in the round 1 evaluation

Company	Product name	Product number	Gene target	Verified LOD (copies / reaction)	Avg Ct (lowest dilution 10/10)	Clinical sensitivity (50 positives)	Clinical specificity* (100 negatives)	Lot No.	PCR platform**	Supplier recommended Ct cut-off
Boditech Med. Inc.	ExAmplar COVID-19 real-time PCR kit (L)	UFPK-4	E	10–50	34.9	100% (95%CI: 93, 100)	100% (95%CI: 96, 100)	WLQC802L	BioRad CFX96 deep well	≤42
			RdRP	50–100	33.46	90% (95%CI: 79, 96)	100% (95%CI: 96, 100)			
CerTest Biotec S.L.	VIASURE SARS-CoV-2 Real Time PCR Detection Kit	VS-NC0112L VS-NC0212L	ORF1ab	10–50	35.16	98% (95%CI: 90, 100)	100% (95%CI, 96, 100)	NC0212L-023	BioRad CFX96 deep well	<40
			N	1–10	35.46	100% (95%CI: 93, 100)	100% (95%CI: 96, 100)			
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	100% (95%CI: 93, 100)	96%* (95%CI: 90, 98)	2020007	Roche LightCycler 480	≤40
			N	1–10	36.97	100% (95%CI: 93, 100)	98%* (95%CI: 93, 99)			
EUROIMMUN AG	EURORealTime SARS-CoV-2 [c]	MP 2606-0425	ORF1ab/N	1–10	37.88	100% (95%CI: 93, 100)	98%* (95%CI: 93, 99)	I200320AL	Light Cycler 480 II	Any signal considered positive
GeneFirst Ltd	The Novel Coronavirus (2019-nCoV) Nucleic Acid Test Kit	MPA-COVID19	ORF1	1–10	35.45	100% (95%CI: 93, 100)	99%* (95%CI: 95, 100)	00072	BioRad CFX96 deep well	≤37.0 positive; 37-40 indeterminate; >40 negative
			N	1–10	36.72	98% (95%CI: 90, 100)	100% (95%CI: 96, 100)			
KH Medical Co. Ltd	RADI COVID-19 Detection Kit	RV008	S	1–10	37.94	100% (95%CI: 93, 100)	100% (95%CI: 96, 100)	V008.200202	BioRad CFX96 deep well	≤40
			RdRP	10–50	36.74	100% (95%CI: 93, 100)	100% (95%CI: 96, 100)			

- Um sicherzustellen, dass ein PCR-Test auch in der Lage ist, genetisches Material des Virus zu produzieren, auf das er testen soll, ist es unablässig auf Grundlage von lebendem Virus zu testen, ob das Testergebnis auch mit dem aktuellen Virus übereinstimmt. Ein solcher Test hat für RT-PCR nie stattgefunden.
- Es gibt keine Standard-Prozedur, die die Anwendung von RT-PCR beschreibt, ct-Werte festsetzt usw. Alle relevanten Informationen, die die Laborpraxis anleiten, sind vage und machen eine große Vielfalt unterschiedlicher Vorgehensweisen, die dann alle SARS-CoV-2 gefunden zu haben vorgeben, möglich.

Die Liste der Mängel, Fehler, Auslassungen und Unterlassungen, die Corber et al. zusammengestellt haben, ist so erschreckend, dass man sich fragt, wie ein solches Junk-Paper, wie das von Corman, Drosten et al. jemals veröffentlicht, wie ein solcher Junk-Test jemals Grundlage eines Testprotokolls werden konnte, das die WHO verbreitet. Der Test, der auf Basis schriftlicher Angaben für ein angebliches Genom von SARS-CoV-2 aus China entwickelt wurde, der zu einem Zeitpunkt mit einer Dringlichkeit versehen wurde, die SARS-CoV-2 zu diesem Zeitpunkt sicher nicht hatte, macht eher den Eindruck als sei sein Ziel, die Anzahl der positiv Getesteten insgesamt zu maximieren, wobei positiv getestet, positiv getestet auf Irgendetwas, nicht auf SARS-CoV-2 bedeutet, ganz so als sollte hier eine Basis geschaffen werden, auf der eine Fake-Pandemie inszeniert werden kann.

Weil der Beitrag von Corman, Drosten et al. (2020) so fehlerhaft und problematisch ist, haben Borger et al. einen Brief an die Herausgeber von Eurosurveillance geschrieben, in dem sie fordern, den Beitrag von Corman, Dorsten et al. zurückzuziehen.

“Retraction request letter to Eurosurveillance editorial board
November 28, 2020
This is the retraction-request letter sent to Eurosurveillance by the main & co-author’s, written by Dr. Peter Borger, enclosed to the extended Review Report submission via the Eurosurveillance online-submission portal. Submission date was 27th November 2020.

Nov 26th 2020,
To: Editorial Board Eurosurveillance
European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)
Gustav III:s Boulevard 40
16973 Solna
Sweden
Subject: External Review and request to retract the paper of Corman et al, published in Eurosurveillance January 23, 2020.
Dear editorial board Eurosurveillance,

We, an international consortium of life-science scientists, write this letter in response to the article “Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR” published in Eurosurveillance (January 23rd, 2020) and co-authored by Victor M Corman , Olfert Landt , Marco Kaiser , Richard Molenkamp, Adam Meijer, Daniel KW Chu, Tobias Bleicker , Sebastian Brünink, Julia Schneider , Marie Luisa Schmidt , Daphne GJC Mulders , Bart L Haagmans , Bas van der Veer , Sharon van den Brink, Lisa Wijsman, Gabriel Goderski, Jean-Louis Romette, Joanna Ellis, Maria Zambon, Malik Peiris, Herman Goossens, Chantal Reusken, Marion PG Koopmans, and Christian Drosten.

This paper (hereafter referred to as “Corman-Drosten paper”), published by “Eurosurveillance” on 23 January 2020, describes an RT-PCR method to detect the novel Corona virus (also known as SARS-CoV2). After careful consideration, our international consortium of Life Science scientists found the Corman-Drosten paper is severely flawed with respect to its biomolecular and methodological design. A detailed scientific argumentations can be found in our review “External peer review of the RTPCR test to detect SARS-CoV2 reveals 10 major scientific flaws at the molecular and methodological level: consequences for false positive results”, which we herewith submit for publication in Eurosurveillance.
Further, the submission date and acceptance date of this paper are January 21st and January 22nd, respectively. Considering the severe errors in design and methodology of the RT-PCR test published by “Eurosurveillance”, this raises the concern whether the paper was subjected to peer-review at all.

A previous request from our side (Dr. P. Borger; email 26/10/2020) to the editors of “Eurosurveillance” to provide the

peer review report of the Corman-Drosten paper has not been complied with. We have enclosed your email reply (dated 18/11/2020) indicating that you do not wish to disclose important information to solve this conundrum.

We are confident that you will take our scientific objections seriously and recognize that there is no alternative but to accept our request to retract the Corman-Drosten paper.

Sincerely,
Dr. Pieter Borger (MSc, PhD), Molecular Genetics, W+W Research Associate, Lörrach, Germany
Prof. Dr. Ulrike Kämmerer, specialist in Virology / Immunology / Human Biology / Cell Biology, University Hospital Würzburg, Germany
Prof. Dr. Klaus Steger, Department of Urology, Pediatric Urology and Andrology, Molecular Andrology, Biomedical Research Center of the Justus Liebig University, Giessen, Germany
Prof. Dr. Makoto Ohashi, Professor emeritus, PhD in Microbiology and Immunology, Tokushima University, Japan
Prof. Dr. med. Henrik Ullrich, specialist Diagnostic Radiology, Chief Medical Doctor at the Center for Radiology of Collm Oschatz-Hospital, Germany
Rajesh K. Malhotra (Artist Alias: Bobby Rajesh Malhotra), Former 3D Artist / Scientific Visualizations at CeMM – Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences (2019-2020), University for Applied Arts – Department for Digital Arts Vienna, Austria
Dr. Michael Yeadon BSs(Hons) Biochem Tox U Surrey, PhD Pharmacology U Surrey. Managing Director, Yeadon Consulting Ltd, former Pfizer Chief Scientist, United Kingdom
Dr. Kevin P. Corbett, MSc Nursing (Kings College London) PhD (London South Bank) Social Sciences (Science & Technology Studies) London, England, UK
Dr. Clare Craig MA, (Cantab) BM, BCh (Oxon), FRCPath, United Kingdom
Kevin McKernan, BS Emory University, Chief Scientific Officer, founder Medical Genomics, engineered the sequencing pipeline at WIBR/MIT for the Human Genome Project, Invented and developed the SOLiD sequencer, awarded patents related to PCR, DNA Isolation and Sequencing, USA
Dr. Lidiya Angelova, MSc in Biology, PhD in Microbiology, Former researcher at the National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID), Maryland, USA
Dr. Fabio Franchi, Former Dirigente Medico (M.D) in an Infectious Disease Ward, specialized in “Infectious Diseases” and “Hygiene and Preventive Medicine”, Società Scientifica per il Principio di Precauzione (SSPP), Italy
Dr. med. Thomas Binder, Internist and Cardiologist (FMH), Switzerland

Dr. Stefano Scoglio, B.Sc. Ph.D., Microbiologist, Nutritionist, Italy
Dr. Paul McSheehy (BSc, PhD), Biochemist & Industry Pharmacologist, Loerrach, Germany
Dr. Marjolein Doesburg-van Kleffens, (MSc, PhD), specialist in Laboratory Medicine (clinical chemistry), Maasziekenhuis Pantein, Beugen, the Netherlands
Dr. Dorothea Gilbert (MSc, PhD), PhD Environmental Chemistry and Toxicology. DGI Consulting Services, Oslo, Norway
Dr. Rainer Klement, PhD. Department of Radiation Oncology, Leopoldina Hospital Schweinfurt, Germany
Dr. Ruth Schrüfer, PhD, human genetics/ immunology, Munich, Germany,
Dr. Berber W. Pieksma, General Practitioner, The Netherlands,
Dr. med. Jan Bonte (GJ), Consultant Neurologist, the Netherlands,
Dr. Bruno H. Dalle Carbonare (Molecular biologist), IP specialist, BDC Basel, Switzerland

Es ist somit möglich, dass die Pandemie, die SARS-CoV-2 Pandemie, eine Inszenierung, ein Schein, ein Fake ist, der letztlich auf falschen Testergebnisse basiert, die wiederum mit Toten, die es auf Intensivstationen rund ums Jahr gibt, die nur niemand zählt, ergänzt werden, um Eingriffe in Grundrechte und -freiheiten zur rechtfertigen, die ohne Pandemie wohl nur mit Panzern und Gewalt durchsetzbar gewesen wären.

Mehr dazu gibt es hier: CORMAN-DROSTEN-REVIEW REPORT

Wir müssen diesen Text jetzt erst einmal verdauen.

Wer den gesamten Text vor Borger et al. nachlesen will, der kann das nun tun

Zuerst erschienen bei Sciencefiles.