

**Bewertung der Eignung der RT-qPCR Technik zum
Nachweis einer möglichen Infektion und
Infektiosität von Personen bezüglich SARS-CoV-2**

Gutachten

Kämmerer, Ulrike

Präfix

Die **Polymerase-Chain-Reaktion** (Polymerase Kettenreaktion; PCR) ist eine phantastische molekulare Methode, mit der sich im Labor winzigste Spuren einer gesuchten Nukleinsäure (DNA oder RNA, je nach Variante der PCR) nachweisen lassen. Diese macht die Technik zu einer wertvollen Hilfe in der Analyse von Genmustern in kleinsten Proben in der Forschung, aber auch in der Routinediagnostik, wie bei der forensischen Spurensicherung, der Kontaminationsüberwachung großer Chargen von Lebensmitteln und Getränken, der Spurensuche nach nicht zugelassenen Tierarten, z.B. in Fleisch/Wurstprodukten (Stichwort Pferdefleisch im Hackfleisch) oder der Überwachung von Blutprodukten auf virale Genome von HIV und Hepatitis-Viren.

Diese extreme Sensitivität macht die Technik allerdings auch sehr anfällig für Kontaminationen (s. „Phantom von Heilbronn“ unter Punkt 3.5) oder Überinterpretationen von Ergebnissen, wenn die PCR ohne weiteren Zusammenhang als alleiniges Kriterium herangezogen wird. So kann man eine gefundene Gensignatur einer gesuchten Person an einem Tatort nur als Indiz werten und damit weder sicher nachweisen, dass die Person dort persönlich anwesend war, noch ob die gefundene Genspur von einem Lebenden oder Toten stammt. Zum Vergleich: der Gennachweise mittels PCR ist so sensitiv, wie wenn ein Alkoholmeßgerät noch 0,0000000008-Promille Alkohol im Blut nachweisen und als „alkoholisiert“ ausgeben könnte und damit einen Autofahrer bei einer Kontrolle in Bedrängnis bringen würde, obwohl er keinen Tropfen Alkohol konsumiert und auch keinerlei Anzeichen für Alkoholkonsum hat.

Die Technik der PCR (auch RT-PCR oder RT-qPCR) kann unabhängig von der extremen Sensitivität jedoch immer nur das gesuchte Genstückchen vervielfältigen und nachweisen. Ob dieses jedoch aus einem lebensfähigen oder vermehrungsfähigen Organismus stammt, kann mit der Technik nicht geklärt werden.

Die in der SARS-CoV-2-Fallsuche verwendete **Reverse-Transkriptase-quantitative Polymerase Chain Reaktion (RT-qPCR)** ist eine Variante der PCR, in der das Ausgangsmaterial RNA erst in DNA umgeschrieben wird, um dann in der PCR so vervielfältigt zu werden, dass in jeder Kopierrunde Lichtsignale einen Rückschluss auf die Menge der verdoppelten Genome geben. Als alleiniges Instrument der Diagnostik einer aktiven Infektion oder gar Infektiosität mit SARS-CoV-2 ist diese molekulare Technik aus zahlreichen Gründen bereits im Ansatz für eine Massentestung ungeeignet. Mittels der PCR-Technik kann allerdings bei vorbestehender Symptomatik eine Differentialdiagnose unterstützt werden, indem die Gensignatur eines möglichen Erregers detektierbar wird, die dann durch den Kliniker mit den Symptomen des Patienten in Einklang gebracht werden kann. Jedoch darf und kann eine PCR nie alleiniges Diagnostikum einer möglichen Erkrankung sein.

In der Diskussion um die Eignung der RT-qPCR für die Identifizierung von Covid-19-Patienten wird häufig ein positiver PCR-Test bei einer symptomfreien gesunden Person dazu verwendet, diese Person als „asymptomatischen Patienten“ zu bezeichnen. Nach allgemein gültigen Begriffsdefinitionen ist eine Person ohne klinische Symptome ("asymptomatisch") jedoch weder infiziert noch ein Patient, siehe hierzu ANNEX 1 (Begriffsdefinitionen) und Punkte 1.5 und 1.6.

Anmerkung: Viele Links im Text funktionieren nicht direkt, sondern müssen kopiert und in den Browser eingetragen werden

Inhalt

1. Definition und Beschreibung wichtiger Begriffe	5
1.1. Polymerase Kettenreaktion (PCR)	5
1.2. Quantitative PCR (qPCR).....	6
1.3. Reverse Transkriptase (RT) Reaktion.....	7
1.4. Sensitivität und Spezifität.....	7
1.5. Infektion	8
1.6. Patient	8
2. Grundsätzliches zur diagnostischen Aussagekraft hinsichtlich der Frage „Infektiosität“	9
2.1. Offizielle Stellungnahmen wichtiger offizieller Institutionen / Experten.....	9
2.1.1. Schweizer Bundesamt für Bevölkerungsschutz.....	10
2.1.2. Dr. Antony Fauci	10
2.1.3. Prof. Marion Koopmanns	11
2.1.4. Schwedisches Gesundheitsministerium	12
2.1.5. National Centre for Infectious Disease in Singapur.....	13
2.1.6. Nature-Publikation Wölfel, Drosten zu Webasto-Fällen.....	13
2.1.7. Nature Reviews Arbeit von Isabella Eckerle (Genf).....	14
2.1.8. Zentrum für Evidenzbasierte Medizin	15
2.1.9. einer Informationsseite der Cleveland-Klinik	16
2.1.10. Offizielle Information der Kanadischen Regierung	16
2.1.11. CDC Richtlinie Influenza	17
2.1.12. Australisches Gesundheitsministerium und „Faktenchecker“-Einschätzung	17
2.1.13. RKI Webseite zur Bewertung PCR als nicht infektiös	19
2.1. Die Aufbereitung der Proben schließt den Nachweis replikationsfähiger Viren aus.....	19
2.3. Zwischenfazit:.....	20
2.2. Abbildung	22
3. Einflussfaktoren auf die Zuverlässigkeit des PCR-Test	23
3.1. Design der PCR und Spezifität	23
3.2. Anzahl der unabhängigen Ziel-Gene („Targets“).....	24
3.3. Anzahl der durchgeführten Zyklen (CT-Wert) bei der qPCR	26
3.3.1 Bedeutung des CT-Wertes.....	27
3.3.2 Belege für die Relevanz des CT-Wertes.....	28
3.4. Vortestwahrscheinlichkeit.....	35
3.4.1. Erklärt von Correctiv.....	35
3.4.2. Vom RKI anhand der Antigen-Schnelltests erklärt (Annex 7).....	37

3.4.3. Publikation zum Vortestproblem der PCR.....	38
3.5. Zwischenbewertung:	39
3.6. Adäquate Kontrollen	40
3.6.1. Bereitstellung adäquater Kontrollen:.....	41
3.6.2. Ringversuche: Auffälligkeiten beim ersten Ansatz.....	42
3.7. Ausschluss von Kontaminationen von Reagenzien und „Problemen im Handlungsablauf“	43
3.7.1 Kontamination innerhalb des Labors durch Fehler in der Durchführung	43
3.7.2. Kontamination der Materialien/Reagenzien ab Hersteller	45
3.7.3. Zwischenbewertung:.....	45
3.8. Kommerzielle PCR Testkits	46
4. Zusammenhang positiver Nukleinsäure-Nachweis in der RT-qPCR mit Erkrankung und Infektiosität	47
4.1. Bewertung Deutsches Ärzteblatt	47
4.2. CDC offiziell	47
4.3.Frankfurter Gesundheitsamt.....	48
4.4. CDC Veröffentlichung	48
4.5. WHO Information für Testlabors.....	48
4.6. Publikation in Lancet	49
4.7. Aussagen von Christian Drosten.....	49
4.7.1 Gerichtsgutachten Drosten	49
4.7.2. NDR Podcast 94	50
4.7.3. Publikation in Science.....	50
5. Fazit und Zusammenfassung	51

6. Anhänge

ANNEX 1: Definition von “Infektion” und “Patient”

ANNEX 2: PCR-Beschreibung des Schweizer Amtes für Bevölkerungsschutz
(Labor Spiez)

ANNEX 3: Graphische Darstellung der CT-Werte in Verhältnis zur Anzahl der Ausgangsgenome am Beispiel des Viasure-Testkits

ANNEX 4: Hochrangig publizierte Übersichtsarbeit zur Wertung der verschiedenen Diagnostikverfahren von Isabella Eckerle, Nature Reviews Microbiology vom 02.12.2022 mit Hervorhebungen in gelb

ANNEX 5: Retraction Letter Science

ANNEX6: Australisches Gesundheitsministerium

ANNEX 7: Infographik RKI

1. Definition und Beschreibung wichtiger Begriffe

1.1. Polymerase Kettenreaktion (PCR)

In einer **Polymerasekettenreaktion (PCR)** wird mithilfe des Enzyms Polymerase ein definiertes kurzes (üblicherweise 100-1000 Basen umfassendes) Stück der Desoxyribonukleinsäure (DNA) vervielfältigt. Das zu vervielfältigende DNA-Stück wird mithilfe von zwei sehr kurzen einzelsträngigen DNA-Abschnitten, den „Primern“, eingegrenzt.

Diese **Primer** bestehen üblicherweise aus einer definierten Abfolge von 18-25 Nukleinsäurebasen (die Primersequenz), welche spezifisch zu den Regionen auf der DNA passen, welche den zu vervielfältigenden Abschnitt flankieren. Um die Spezifität der PCR sicherzustellen, dürfen diese Primer explizit nur zu diesem flankierenden Bereich und zu keinem weiteren Bereich einer DNA passen. Mithilfe großer Gendatenbanken und entsprechender Software-Programme (z.B. Primer-Blast <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>) können im PCR-Design diese Primer hochspezifisch entworfen werden. Bei spezialisierten Firmen werden aus den eingesendeten Primer-Sequenzen dann die Molekülketten synthetisiert und an das PCR-Labor bzw. den Hersteller von PCR-Kits ausgeliefert. Hier müssen diese Primer dann mit validen positiven und negativen Kontrollen unter verschiedensten Versuchsbedingungen erprobt und im Einsatz optimiert werden. So wird sichergestellt, dass mit dem verwendeten Primerpaar ausschließlich die zu suchende DNA erkannt und vervielfältigt wird, aber keinerlei andere ähnliche DNA-Abschnitte.

Sind die Primer gefunden und auf ihre Spezifität getestet, kann in einem Reaktionsansatz die zu vervielfältigende DNA mit dem Primerpaar, verschiedenen Hilfschemikalien sowie dem Enzym Polymerase gemischt und die Kettenreaktion gestartet werden.

Ablauf der PCR: Diese läuft in zyklischen Wiederholungen der folgenden einzelnen Schritte ab:

1. Das Gemisch wird bei über 90°C aufgeköcht (denaturiert). Hierdurch werden die üblicherweise als Doppelstrang vorliegenden DNA-Stränge in Einzelstränge getrennt, um die spätere Anheftung der Primer zu ermöglichen.

2. Beim folgenden Abkühlen auf die sogenannte „**Annealing-Temperatur**“ können sich die Primer an ihre passenden Regionen an den aufgetrennten DNA-Strängen anheften. Die Bindung der Primer, das Annealing, erfolgt nur in einem eng begrenzten Temperaturbereich, der sog. Schmelztemperatur. Diese hängt vor allem von der Basenzusammensetzung der Primer ab und daher wird deren Sequenz im Idealfall immer so gewählt werden, dass beide

Primer die gleiche Schmelztemperatur von ca. 60°C besitzen. Die angehefteten Primer bilden den Startpunkt für die Polymerase.

3. Diese Polymerase ergänzt von den Primern ausgehend die durch das Erhitzen vorliegende einzelsträngige DNA wieder zu einem passenden Doppelstrang (**Elongation**) meist bei ca. 72°C.

Durch die Lage der beiden Primer an den flankierenden Seiten des gesuchten DNA-Abschnittes sind an den Einzelsträngen die Elongationsreaktionen gegenläufig, da die Polymerase immer nur in eine Richtung arbeitet. Am Ende dieses Schrittes sind aus einer ursprünglichen doppelsträngigen DNA nun zwei identische doppelsträngige DNA-Moleküle entstanden, welche durch Aufkochen wieder getrennt, dann mithilfe der Primeranlagerung und der Polymerase in vier identische DNA-Moleküle vervielfältigt werden usw.

Jeder PCR-Zyklus aus Aufkochen-Annealing-Elongation bewirkt eine Verdopplung des gesuchten DNA-Abschnittes, so dass die Vervielfältigung im 2-er Logarithmus erfolgt und somit sehr schnell eine extrem hohe Anzahl von Kopien des ursprünglichen Ausgangsmaterials vorliegt.

So werden aus einem DNA-Strang nach 10 PCR-Zyklen bereits $2^{10} = 1.024$ DNA-Kopien, bei 20 Zyklen schon über 1 Million (1.048.576) und bei 30 Zyklen über 1 Milliarde (1.073.741.824) Kopien.

1.2. Quantitative PCR (qPCR)

Bei der **quantitativen PCR (qPCR)**-Technik, wie sie derzeit weltweit hauptsächlich zum Nachweis der genomischen RNA von SARS-CoV-2 eingesetzt wird, nutzt man ein drittes kurzes DNA-Stück, ähnlich der beiden Primer, welches mittig in dem gesuchten DNA-Abschnitt passend binden kann, die „**Probe**“ (**Sonde**). Anders als die beiden Primer ist diese Sonde noch mit zwei Molekülen verbunden, einem Fluoreszenzfarbstoff an einem Ende und einem weiteren Molekül (Quencher) am anderen Ende, welches das Aussenden der Fluoreszenz verhindern kann, solange sich beide gleichzeitig (also in unmittelbarer Nähe zueinander) an der Probe befinden. Beim Elongationsschritt baut die Polymerase nun diese Sonde ab. Dadurch wird der Quencher abgetrennt und das Fluoreszenzmolekül kann nun sein Farbsignal aussenden. Dieses Farbsignal wird im PCR-durchführenden Gerät (Thermozykler) erfasst und gemessen. Bei jedem PCR-Zyklus werden also entsprechend der steigenden Anzahl der Kopien immer mehr Fluoreszenzsignale frei, die Sonde „leuchtet“ immer stärker. Und die Kurve der Farbsignalintensität steigt mit jedem Zyklus. Ab einem bestimmten Wert übersteigt die Kurve dann das Hintergrundrauschen (Schwellenwert) und wird als positiv gewertet. Die Zykluszahl, bei welcher dieses Überschreiten des Schwellenwertes erfolgt, wird als **CT-Wert** bezeichnet (CT steht dabei für „Cycle Treshold“ = Zyklusschwelle).

Je schneller die Fluoreszenz über den gesetzten Schwellenwert ansteigt (niedriger CT), umso mehr Ausgangskopien der gesuchten DNA waren im PCR-Ansatz vorhanden. Da weder die Primer noch das Enzym Polymerase immer 100% spezifisch arbeiten, wird in jedem PCR-Ansatz auch ein Bruchteil unspezifische DNA mitkopiert. Und je mehr Zyklen die PCR durchläuft, umso größer ist die Gefahr, dass auch diese wenigen unspezifischen Reaktionen dann doch den Schwellenwert überschreiten. Ab einem CT-Wert von 40 ist daher mit größter Wahrscheinlichkeit von einem falsch positiven Signal aufgrund unspezifischer Ausgangsmaterialien auszugehen. Eine zuverlässige PCR sollte daher nicht mehr als 30-35 Zyklen benötigen, um ein deutliches Signal „positiv“ zu generieren, im Falle aktiver Infektionen mit gesuchten Viren ist von einer ausreichenden Zykluszahl von 25-30 auszugehen (siehe auch Punkt 3.2.).

1.3. Reverse Transkriptase (RT) Reaktion

Die **Reverse Transkriptase Reaktion (RT)** wird benötigt, wenn die zu vervielfältigende Ausgangsnukleinsäure nicht als DNA, sondern als Ribonukleinsäure (RNA) vorliegt, wie dies bei SARS-CoV-2 als RNA-Virus der Fall ist. Da in der PCR ausschließlich DNA vervielfältigt werden kann, muss eine RNA vorher in DNA überführt werden. Dies geschieht mithilfe des Enzyms „Reverse Transkriptase“, welches aus RNA einen komplementären Kopierstrang aus DNA erstellt, welcher dann als Ausgangsmaterial für die PCR dient.

Um die Zuverlässigkeit eines mittels RT-qPCR oder auch nur PCR erzielten Ergebnisses werten zu können, werden mithilfe von definierten Proben verdünnter korrekter Zielgene (z.B. RNA des gesuchten Virus) und sehr ähnlicher, aber nicht gesuchter Zielgene (z.B. nahverwandte Viren) die Sensitivität und die Spezifität des verwendeten Testsystems bewertet.

1.4. Sensitivität und Spezifität

Die **Sensitivität** gibt im Falle der PCR (in allen Variationen) an, wie empfindlich der Test auch noch kleinste Mengen des gesuchten Zielgens nachweise kann, die **Spezifität** beschreibt, wie zuverlässig der Test ausschließt, dass andere, nahverwandte Gene auch zu einem positiven Ergebnis (**falsch positiv**) führen. Je höher die Spezifität, umso sicherer ist auszuschließen, dass durch das PCR-System selber falsch positive Ergebnisse erzielt werden.

Hiervon unbenommen sind allerdings noch **falsch positive Ereignisse**, welche durch **Laborkontaminationen** mit Zielgenen, **Verunreinigungen von Testchemikalien** und **Kontaminationen direkt bei der Probenentnahme** entstehen können. Diese kontaminationsbedingten falsch positiven Ergebnisse können durch rigorose Qualitätssicherung und „Standard Operating Procedures“ (SOPs), dem Einsatz von speziell

geschultem Fachpersonal sowie permanenter externer Kontrolle in Form von Ringversuchen ausgeschlossen oder zumindest stark minimiert werden.

1.5. Infektion

Eine Infektion ist definiert als eine Situation, in der mindestens die folgenden drei Aspekte zusammen auftreten:

- Eindringen von Mikroorganismen (Keimen) wie Bakterien oder Viren in den Körper
- Diese eingedrungenen Mikroorganismen vermehren sich im Körper
- Und der Körper reagiert auf sie (Symptome)

Die Symptome einer Infektion mit dem SARS-CoV-2-Virus umfassen nach Angaben der CDC (<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/symptoms-testing/symptoms.html>)

- Fieber oder Schüttelfrost
- Husten
- Kurzatmigkeit oder Atembeschwerden
- Müdigkeit
- Muskel- oder Körperschmerzen
- Kopfschmerzen
- Neuer Verlust von Geschmack oder Geruch
- Halsschmerzen
- Verstopfte oder laufende Nase
- Übelkeit und/oder Erbrechen
- Diarrhöe

Weitere Quellenbeschreibungen für die allgemein gültige Definition des Begriffs "Infektion" siehe **ANNEX 1**

1.6. Patient

Ein Patient ist per definitionem eine Person, die von professionellen Gesundheitsdienstleistern betreut wird, die Symptome von Krankheiten oder Verletzungen aufweist oder andere Einschränkungen der vollständigen Gesundheit zeigt.

Nach der Definition kann also eine gesunde "symptomlose" Person ohne medizinische Probleme nicht als "Patient" bezeichnet werden. Weitere Quellenbeschreibungen zu dieser allgemein gültigen Definition des Begriffs "Patient" siehe **ANNEX 1**

2. Grundsätzliches zur diagnostischen Aussagekraft hinsichtlich der Frage „Infektiosität“

Der Erfinder des PCR-Tests, der im August 2019 verstorbene Nobelpreisträger Kary Mullis, hat immer wieder darauf hingewiesen, dass sein Test allein dazu geeignet ist, ein ansonsten für das menschliche Auge unsichtbares Molekül (die Desoxyribonukleinsäure, DNA) oder Fragment der DNA durch Vervielfältigung (Amplifikation) sichtbar zu machen. Nicht aber eine Aussage dazu zuzulassen, ob das, was sichtbar gemacht wurde, gefährlich ist oder krank macht.

Insbesondere kann ein PCR-Test – auch wenn er korrekt durchgeführt wird - keinerlei Aussage dazu treffen, ob eine Person mit einem aktiven Erreger infiziert ist oder nicht. Denn der Test kann nicht unterscheiden zwischen „toter“ Materie*, wie zum Beispiel einem völlig harmlosen Genomfragment als Überbleibsel des Kampfes des körpereigenen Immunsystems gegen eine Erkältung oder eine Grippe (solche Genom-Fragmente finden sich noch viele Monate, nachdem das Immunsystem das Problem „erledigt“ hat) und „lebender“ Materie, d.h. einem „frischen“, reproduktionsfähigen Virus.

* So wird die PCR beispielsweise auch in der Forensik eingesetzt, um aus Haarresten oder anderen Spurenmaterialien vorhandene Rest-DNA mittels PCR so zu vervielfältigen, dass die genetische Herkunft des/der Täter(s) erkennbar ist („Genetischer Fingerabdruck“). **Aber auch hier kann aufgrund der PCR-Analyse keine Aussage getroffen werden ob die identifizierte Person wirklich vor Ort war (oder nur mit ihren Genspuren „verseuchtes Material“ – siehe unter 3.5.2. Fall „Das Phantom von Heilbronn“) und, wenn diese Person vor Ort war, ob sie zu dem Zeitpunkt gelebt hat oder tot war.**

2.1. Offizielle Stellungnahmen wichtiger offizieller Institutionen / Experten

Über die Unbrauchbarkeit der PCR als alleiniger diagnostischer Test zum Nachweis einer Infektiosität bzw. Ansteckungsgefahr

Vorbemerkung: Auf der Seite vom Bundesgesundheitsministerium wird korrekt der Bezug auf den Einsatz der PCR zur Abklärung der möglichen Erregerart bei Erkrankten hergestellt. (<https://www.bundesgesundheitsministerium.de/coronavirus/nationale-teststrategie/faq-covid-19-tests.html>). Dort heißt es unter „Welche Tests sind wofür geeignet:

„Laborbasierte PCR-Tests als Goldstandard der Diagnostik werden in erster Linie dafür eingesetzt, um bei einer Person mit Symptomen abzuklären, ob eine Infektion mit SARS-CoV-2 vorliegt. Ein Arzt/eine Ärztin kann eine PCR-Testung im Rahmen der Krankenbehandlung

veranlassen. Auch bei asymptomatischen Personen kann ein PCR-Test zur Bestätigung eines vorangegangenen positiven Antigentests sinnvoll sein.“

Alle im Folgenden (A-J) dargelegten Quellen bestätigen, dass eine PCR (alle Formen davon) generell das jeweils gesuchte Genomfragment des gesuchten Erregers (hier RNA- Abschnitte des SARS-CoV-2 Virus) in einer Probe nachweisen können, nicht aber, ob eine Person aktiv infiziert ist und auch nicht, ob diese Person infektiös ist. Und nur die nachgewiesene Infektiosität kann ein Grund für eine angeordnete Isolation darstellen, das ist mithilfe der PCR NIEMALS möglich.

Belege im Einzelnen:

2.1.1. Schweizer Bundesamt für Bevölkerungsschutz

Explizit wird auf dem Infoblatt des **Schweizer Bundesamt für Bevölkerungsschutz BABS Labor Spiez** der Nachteil der PCR wie folgt aufgeführt: „Es können nur Erreger nachgewiesen werden, deren Gen-Sequenz bekannt ist. **Ob ein Erreger infektiös (virulent, «lebendig») ist oder nicht, bleibt unbekannt.**

Die Originalseite ist zwischenzeitlich nicht mehr auffindbar, aber im Webarchiv (https://web.archive.org/web/20210706132230/https://www.labor-spiez.ch//pdf/de/dok/pos/88_021_Plakate_PCR_d.pdf) weiterhin verfügbar.

Das Dokument ist als **ANNEX 2** angefügt.

2.1.2. Dr. Antony Fauci

Eine entscheidende Aussage über die Eignung des PCR-Tests als Parameter für das Übertragungsrisiko von Infektionskrankheiten machte **Antony Fauci, führender "Seuchenexperte und Regierungsberater" in den USA**, in einer MSNBC-Sendung vom 30.12.2021 (der Rachel Maddow Show) (Washington DC 9:04 PM; <https://www.youtube.com/watch?v=bAICMQ1D5F8>) ab Minute 6:35)

Frage des Reporters:

"...ist ein PCR-Test auch kein guter Parameter für die Übertragbarkeit und Isolierung? Wie kann man eigentlich feststellen, ob man in dem Zyklus, in dem man Covid hat, ansteckend ist? Wie kann man das messen, wenn nicht mit einem PCR-Test oder einem Antigentest?"

Dr. Fauci

"Ja, das ist eine sehr gute Frage, **denn die PCR misst nicht das replikationsfähige Virus, sondern die Viruspartikel, die Nukleinsäure.** Mit anderen Worten: Ich könnte infiziert sein, das replikationskompetente Virus aus mir entfernt haben, aber **ich kann noch mehrere Tage nach meiner Genesung PCR-positiv sein und überhaupt nicht mehr übertragbar sein.** Eine PCR ist also gut, um festzustellen, ob man infiziert ist - wenn ich infiziert bin, ja, ich bin infiziert, aber

die Tatsache, dass sie positiv ist - der CDC-Direktor sagte, dass sie mehrere Tage und sogar Wochen später **keinen Hinweis darauf gibt, ob man übertragbar ist oder nicht**. Und ich denke, das ist die verständliche Verwirrung, die die Leute bei Tests haben. Tests sagen aus, ob man infiziert ist oder nicht, und nicht, ob man infiziert und übertragbar ist. **Der einzige Weg, um festzustellen, ob eine Infektion übertragbar ist, besteht darin, nachzuweisen, dass der Virus in einem lebt und sich vermehrt, und der Test misst das nicht.** (7:38) Er misst das Vorhandensein oder die Abwesenheit des Virus, und das Virus kann ein totes, inaktives Virus sein, das nicht übertragbar ist.“

Im Original:

Question of Reporter:

„...is a PCR test not a good parameter either for transmissibility and isolation? How can people actually tell if they are contagious in the cycle of having covid? How do you measure that if not with either a PCR test or an antigen test?“

Dr. Fauci

“Yes, that is a very good question **because PCR doesn't measure replication competent virus** it measures viral particles, nucleic acid. So in other words I could be infected, have cleared the replication competent virus from me but **I can continue to be positive with the PCR for several days after recovering and not being transmissible at all**. So a PCR is good to tell you if you are be - if I am infected yes I am infected but the very fact that it is positive - the CDC director said for several days and even weeks later **it doesn't give you any indication of whether or not you are transmissible**.

And I think that's the understandable confusion that people have about testing. Testing say whether you are infected or not versus are you infected plus transmissible.

The only way you can tell if it is transmissible if you can show that there really is life replication virus in you and the test don't measure that (7:38) They measure the presence or absence of the virus and the virus can be dead inactive virus that doesn't transmit“

2.1.3. Prof. Marion Koopmanns

Auch **Marion Koopmanns**, die Direktorin der Abteilung für Viruswissenschaften an der Erasmus Universität und Fachberaterin der WHO, somit eine der zentralen Virologinnen der Corona-Frage und gleichzeitig Mitautorin in der RT-qPCR Publikation von Corman/Drosten in Eurosurveillance bestätigt in einem Interview mit NPO Radio 1 (26.11.2020 im Rahmen ihres Podcastes „Virusfeiten“ <https://www.nporadio1.nl/podcasts/virusfeiten/46542/4-blijvend-moe-na-corona-misschien-helpt-een-aspirientje>), **dass die PCR nicht geeignet ist über den Status Infektiosität zu entscheiden.** (ab Minute 0:09 in <https://www.youtube.com/watch?v=flsF7trvg2c>)

Explizit die entscheidende Passage des Interviews mit Marion Koopmanns (MK):

„MK: ...es kursieren einige Geschichten, die sagen, na ja, der PCR-Test ist nicht gut.

Interviewer: Zumindest zeigt es nicht unbedingt, dass man ansteckend ist.

MK: Ja, genau. Und das stimmt auch. Denn die PCR zeigt, dass Sie die Virus-RNA mit sich führen. Das ist buchstäblich das, was die PCR tut. **Und ob diese RNA in einem Viruspartikel steckt, der noch intakt und auch infektiös ist. Oder ob es sich nur um Reste von RNA handelt, die noch lange nach einer Infektion nachgewiesen werden können. Das kann nicht unterschieden werden.** Sie können ein Gefühl dafür bekommen, indem Sie nachschauen "Wieviel gibt es?". Aber man kann diesen Unterschied nicht sehr gut erkennen. Das heißt: dieser Test ist prima, um zu sagen "Sie haben es gehabt", **aber dieser Test ist weniger geeignet, um zu sagen "zu diesem Zeitpunkt sind Sie noch ansteckend"**.

Interviewer: Sie sprechen gerade über den PCR-Test, nicht wahr?

MK: Ja.

Im Original:

“ MK: ...er ciruleren wat verhalen waarin gezegd wordt, nou ja, de PCR test ist niet goed.

Interviewer: Althans die toont niet perse aan dat je besmettelijk bent.

MK: Ja precies. En dat klopt ook. Want de PCR toont aan dat jij het virus RNA bij je hebt. Dat is letterlijk wat de PCR doet. En of dat RNA in een virus deeltje zit dat nog intact is en ook besmettelijk is. Of dat het gewoon restjes RNA zijn, die je nog een tijd lang nadat iemand geïnfecteerd is geweest, kunt aantonen, dat onderscheid zie je niet. Je kunt een beetje een gevoel krijgen door te kijken "hoeveel is het?". Maar dat verschil is niet goed te maken. Dat betekent, die test is prima om te zeggen "je hebt het gehad", maar die test is minder geschikt om te zeggen "op dit moment ben je nog besmettelijk".

Interviewer: Over de PCR test heb je het nu, huh?

MK: ja“

2.1.4. Schwedisches Gesundheitsministerium

Das **schwedische Gesundheitsministerium** erklärt auf seiner offiziellen Webseite (<https://www.folkhalsomyndigheten.se/publicerat-material/publikationsarkiv/v/vagledning-om-kriterier-for-bedomning-av-smittfrihet-vid-covid-19/>): „Die PCR-Technologie, die in Tests zum Nachweis von Viren verwendet wird, kann nicht zwischen Viren unterscheiden, die in der Lage sind, Zellen zu infizieren, und Viren, die vom Immunsystem unschädlich gemacht wurden, **und daher können diese Tests nicht verwendet werden, um festzustellen, ob jemand infektiös ist oder nicht.** RNA von Viren kann oft noch Wochen (manchmal Monate) nach der Infektion nachgewiesen werden, bedeutet aber nicht, dass eine Person noch infektiös ist.“

Im Original

„PCR-tekniken som används i test för att påvisa virus kan inte skilja på virus med förmåga att infektera celler och virus som oskadliggjorts av immunförsvaret och därför kan man inte använda dessa test för att avgöra om någon är smittsam eller inte. RNA från virus kan ofta

påvisas i veckor (ibland månader) efter insjuknandet men innebär inte att man fortfarande är smittsam.“ Diese Beurteilung wurde am 19.04.2021 bestätigt.

2.1.5. National Centre for Infectious Disease in Singapur

Ebenfalls bereits im Mai 2020 wurde vom **National Centre for Infectious Disease in Singapur** ein Positionspapier veröffentlicht, in dem unter Punkt 5 darauf hingewiesen wird, dass es wichtig ist darauf hinzuweisen, dass der Nachweis viraler RNA durch PCR nicht mit Infektiosität oder lebensfähigem Virus gleichzusetzen ist (<https://www.ncid.sg/Documents/Period%20of%20Infectivity%20Position%20Statementv2.pdf>).

Im Original:

„...it is important to note that viral RNA detection by PCR does not equate to infectiousness or viable virus“

2.1.6. Nature-Publikation Wölfel, Drosten zu Webasto-Fällen

In einer **Nature-Publikation**, in der die Analyse der ersten Covid-19-Fälle in Deutschland beschrieben wird (<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2196-x>), identifizierten die Autoren (darunter **R. Wölfel, C. Drosten und V. Corman**) die SARS-CoV-2-positiven Fälle durch die TIB-Molbiol/Roche-PCR für den Nachweis des E- und RdRp-Gens und verglichen die PCR-Ergebnisse mit dem Goldstandard: der „Virusisolierung in Zellkultur“.

Hinsichtlich der PCR etablieren die Autoren ein eigenes Nachweissystem auf RT-PCR Basis, um: *„...den Nachweis einer aktiven Virusreplikation bei fehlender Histopathologie zu erbringen, haben wir RT-PCR-Tests durchgeführt, um virale subgenomische RNA direkt in klinischen Proben zu identifizieren. (...) Virale subgenomische mRNA wird nur in infizierten Zellen transkribiert und nicht in Virionen verpackt und zeigt daher das Vorhandensein aktiv infizierter Zellen in Proben an.“*

Im Original:

“To obtain proof of active virus replication in the absence of histopathology, we conducted RT-PCR tests to identify viral subgenomic RNAs directly in clinical samples. (...) Viral subgenomic mRNA is transcribed only in infected cells and is not packaged into virions, and therefore indicates the presence of actively infected cells in samples“.

Das bedeutet, dass schon sehr früh bekannt und publiziert war, **dass die üblichen RT-qPCRs, die genomische RNA von SARS-CoV-2 nachweisen, keine Entscheidung darüber zulassen, ob möglicherweise ein aktiv replizierendes Virus in der Probe vorhanden ist.** Spätestens zu diesem Zeitpunkt hätten also alle PCR-Empfehlungen der WHO auf den Nachweis subgenomischer RNA umgestellt werden müssen - was bedeutend besser wäre als der

genomische Nachweis, aber dennoch nach wie vor nur die Wahrscheinlichkeit einer Virusreplikation auf RNA-Ebene angibt und kein endgültiger Nachweis eines infektiösen Virus ist.

2.1.7. Nature Reviews Arbeit von Isabella Eckerle (Genf)

In einer Übersichtsarbeit, welche am 02.12.2022 in **Nature Reviews Microbiology** (<https://doi.org/10.1038/s41579-022-00822-w>) publiziert wurde, wird an mehreren Stellen explizit darauf hingewiesen, dass eine RT-PCR weder dazu geeignet ist, infektiöse Viren nachzuweisen noch infektiöse (ansteckende) Menschen sicher zu diagnostizieren. Bemerkenswert an dieser Publikation ist, dass sie mit **Isabella Eckerle** als Seniorautorin von einer engen Mitstreiterin von Christian Drosten verantwortet wird.

Zitate im Einzelnen:

Einleitung, erster Absatz:

*“Der Nachweis viraler RNA in Atemwegsproben mittels RT-PCR ist zwar hochempfindlich und spezifisch, unterscheidet aber nicht zwischen replikationsfähigen Viren und Rest-RNA.“
“Dies liegt daran, dass virale RNA (die von der RT-PCR erfasst würde) in Abwesenheit infektiöser Viren nachweisbar bleibt, während die Positivität von Ag-RDTs besser mit der Anwesenheit infektiöser Viren korreliert.“*

Im Original:

*„Although detection of viral RNA in respiratory specimens by RT-PCR is highly sensitive and specific, it does not distinguish between replication-competent virus and residual RNA.“
“This is because viral RNA (which would be picked up by RT-PCR) remains detectable in the absence of infectious virus, whereas positivity of Ag-RDTs better correlates with the presence of infectious virus.“*

Unter der Überschrift: “Detection of RNA viral load”

*“Obwohl die RT-PCR die Infektiosität nicht direkt bestimmen kann, da sie nicht zwischen replikationsfähigem (infektiösem) Virus und restlicher (nicht infektiöser) viraler RNA unterscheiden kann, wurde nach einer Korrelation zwischen der RNA-Viruslast und dem Vorhandensein infektiöser Viren **gesucht**.“*

Im Original:

“Although RT-PCR cannot directly determine infectiousness owing to its inability to differentiate between replication-competent (infectious) virus and residual (non-infectious) viral RNA, a correlation between RNA viral load and the presence of infectious virus has been sought.“

Unter der Überschrift: “SARS-CoV-2 diagnostic in public health“:

„Leider gibt es derzeit keinen diagnostischen Point-of-Care-Test zur Bestimmung der Infektiosität von SARS-CoV-2 in einer Patientenprobe, und die oben beschriebene Viruskultur ist für diagnostische Zwecke nicht geeignet. Daher wurde eine Reihe von Ansätzen vorgeschlagen, um einen Näherungswert für die Infektiosität zu finden, der die Isolierungszeiträume vorgibt“

Im Original:

„Unfortunately, no point-of-care diagnostic test currently exists to determine infectious SARS-CoV-2 in a patient sample, and virus culture as described above is not suited for diagnostic purposes. Thus, a range of approaches have been suggested to find a proxy for infectiousness to guide isolation periods.“

Anmerkung: Es ist zu beachten, diese Aussage stammt aus dem Dezember 2022, also fast 3 Jahre nach dem Einführen der RT-qPCR zur direkten Testung (Point of care) von vermeintlich infektiösen Personen in den Testzentren als Basis der Inzidenzen, der R-Werte und der daraus resultierenden Maßnahmen!!! Diese Aussage wird sogar in der Schlussfolgerung dieser Übersichtsarbeit nochmals explizit verstärkt:

Im Abschnitt “Conclusions”:

*“Obwohl während der Pandemie viele Fortschritte auf dem Gebiet der Diagnostik gemacht wurden, **gibt es bis heute keine diagnostischen Tests, die das Vorhandensein eines infektiösen Virus zuverlässig nachweisen.**“*

Im Original:

“Although much progress has been made during the pandemic in the field of diagnostics, to date, no diagnostic tests exist that reliably determine the presence of infectious virus.“

2.1.8. Zentrum für Evidenzbasierte Medizin

Unter dem Titel „PCR-Positive: Was bedeuten sie?“ (original: “PCR positives: what do they mean?“) wird in einem Beitrag vom 17.September 2020 auf der Seite des **Zentrums für Evidenzbasierte Medizin** ([PCR positives: what do they mean? - The Centre for Evidence-Based Medicine \(cebm.net\)](https://www.cebm.net)) detailliert auf die Interpretation der RT-PCR Ergebnisse zur Detektion von SARS-CoV-2 eingegangen.

Mit Bezug auf eine Übersichtsarbeit von Jefferson T - ursprünglich Preprint, welche schließlich im Dezember 21 in der Zeitschrift „Clinical Infectious Diseases) veröffentlicht wurde ([Viral Cultures for Coronavirus Disease 2019 Infectivity Assessment: A Systematic Review - PubMed \(nih.gov\)](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/)) - wird folgendes Fazit gezogen:

*„Der PCR-Nachweis von Viren ist hilfreich, solange seine Genauigkeit nachvollziehbar ist: Er bietet die Möglichkeit, RNA in winzigen Mengen nachzuweisen, aber **es kann unklar sein, ob diese RNA ein infektiöses Virus darstellt**“ (Im Original: „PCR detection of viruses is helpful so*

*long as its accuracy can be understood: it offers the capacity to detect RNA in minute quantities, **but whether that RNA represents infectious virus may not be clear**)*

Die Explizite Schlussfolgerung im Abstract der Publikation lautet:

„Für die Übertragung sind vollständige Lebendviren erforderlich, nicht die durch PCR identifizierten Fragmente. Durch prospektive Routinetests von Referenz- und Kulturproben und deren Beziehung zu Symptomen, Anzeichen und Patienten-Kofaktoren sollte die Zuverlässigkeit der PCR zur Beurteilung des Infektionspotenzials bestimmt werden. Bei Proben mit hohem Ct-Wert ist es unwahrscheinlich, dass sie ein infektiöses Potenzial haben.“

Im Original: **“Conclusions:** *Complete live viruses are necessary for transmission, not the fragments identified by PCR. Prospective routine testing of reference and culture specimens and their relationship to symptoms, signs, and patient co-factors should be used to define the reliability of PCR for assessing infectious potential. Those with high Ct are unlikely to have infectious potential.”*

2.1.9. einer Informationsseite der Cleveland-Klinik

Zur Frage, warum eine PCR positiv sein kann, obwohl die betroffenen Personen weder symptomatisch noch ansteckend sind, steht auf einer **Informationsseite der Cleveland-Klinik** ([PCR Test for COVID-19: What It Is, How Its Done, What The Results Mean \(clevelandclinic.org\)](https://www.clevelandclinic.org/health/condition/12000/pcr-test-for-covid-19-what-it-is-how-its-done-what-the-results-mean)):

„Das bedeutet, dass der Test weiterhin Fragmente des SARS-CoV-2-Virus nachweisen kann, auch wenn Sie sich von COVID-19 erholt haben und nicht mehr ansteckend sind. Sie können also weiterhin positiv getestet werden, wenn Sie in der Vergangenheit an COVID-19 erkrankt waren, auch wenn Sie das SARS-CoV-2-Virus nicht mehr auf andere übertragen können.“

Im Original: *“This means that the test can continue to detect fragments of SARS-CoV-2 virus even after you’ve recovered from COVID-19 and are no longer contagious. So you may continue to test positive if you’ve had COVID-19 in the distant past, even though you can’t spread the SARS-CoV-2 virus to others.”*

2.1.10. Offizielle Information der Kanadischen Regierung

Auch die durch besonders strikte „Corona-Maßnahmen“ bekannt gewordene **kanadische Regierung** hatte bereits mit letztem Änderungsdatum 10.06.2021 unter dem Kapitel „CT-Werte und Infektiosität“ (Im Original: „Ct values und infectiousness“) bestätigt, dass eine Person als infektiös gilt *„..... wenn sie Viruspartikel ausscheidet, die intakt und in der Lage sind, andere zu infizieren. PCR-Tests können nicht unterscheiden zwischen genomischem Virusmaterial, das von intakten Viruspartikeln bei infektiösen Personen stammt, und Viruspartikelfragmenten, die bei Personen vorhanden sind, die sich erholt haben“*

Im Original: „A person is deemed infectious if they shed virus particles that are intact and able to go on to infect others. **PCR tests cannot distinguish viral genomic material coming from intact viral particles in persons who are infectious or viral particle fragments that are present in individuals who have recovered.**“

2.1.11. CDC Richtlinie Influenza

Was für die SARS-CoV-2 PCR-Diagnostik gilt, war schon vorher für Influenza CDC Richtlinie. Dieser hier für SARS-CoV-2 angeführte und vielfach durch Zitate belegte Aspekt, dass eine positive PCR nicht gleichzusetzen ist mit einer aktiven Infektion oder gar einer Aussage darüber, ob eine Person infektiös (ansteckend) ist, wurde z.B. auch bereits im Rahmen der Influenzadiagnostik durch das CDC auf dessen Internetseite explizit benannt ([Information on Rapid Molecular Assays, RT-PCR, and other Molecular Assays for Diagnosis of Influenza Virus Infection | CDC](#)). Mit letzter Änderung vom 21.10.2019 lautet dort das Fazit unter „Interpretation der Testergebnisse“ (interpretation of testing results):

„Ein positives Ergebnis bedeutet, dass in der untersuchten Atemwegsprobe Influenzavirus-RNA oder -Nukleinsäuren nachgewiesen wurden, was eine Infektion mit dem Influenzavirus bestätigt, aber nicht unbedingt bedeutet, dass ein infektiöses Virus vorhanden ist oder dass der Patient ansteckend ist.“

Im Original: “A positive result indicates detection of influenza viral RNA or nucleic acids in the respiratory specimen tested, confirming influenza virus infection, but does not necessarily mean infectious virus is present or that the patient is contagious.”

Und bereits in der Einführung (Background) ist zu lesen:

„Der Nachweis von RNA oder Nukleinsäuren des Influenzavirus durch molekulare Tests bedeutet nicht unbedingt, dass ein lebensfähiges Virus oder eine laufende Replikation des Influenzavirus nachgewiesen wurde.“

Im Original:

“Notably, the detection of influenza viral RNA or nucleic acids by molecular assays does not necessarily indicate detection of viable virus or on-going influenza viral replication”

2.1.12. Australisches Gesundheitsministerium und „Faktenchecker“-Einschätzung

Senator Gerd Rennik fragte am 11.11.2021 die **australische Arzneimittelbehörde TGA** (Therapeutic Goods Administration), ob der PCR-Test «den Unterschied zwischen einem lebendigen und toten Virus erkennen» könne. Die Behörde antwortete am 31.01.2022 wie in Annex 6 nachzulesen: *„PCR-Tests sind zwar hochsensitiv und weisen das genetische Material des SARS-CoV-2-Virus nach, sie können aber nicht zwischen dem lebenden und toten Virus unterscheiden. (...) Manchmal, wenn das Virus nicht mehr lebt und sich nicht*

mehr vermehrt, können virale genetische Fragmente durch PCR nachgewiesen werden und schwach positive Ergebnisse liefern.“

Im Original: „*While PCR tests are highly sensitive and detect the genetic material of the SARS-CoV-2 virus, they cannot differentiate between live and dead virus. (...) Sometimes, when the virus is no longer alive and replicating, viral genetic fragments can be detected by PCR and produce weak positive results.*“

Im „**Faktencheck der DPA**“ vom 20.05.22 ([Australische Behörde betont Wert von PCR-Tests \(dpa-factchecking.com\)](https://www.dpa-factchecking.com)) wird hierzu Stellung genommen und bereits einleitend hervorgehoben, **„Dass die PCR-Tests zur Feststellung von Corona-Infektionen nicht hundertprozentig fehlerfrei sind, ist unbestritten.“** Und weiter unten im Text nochmals explizit: **„Die Tatsache, dass es bei PCR-Tests sowohl zu falsch-negativen als auch zu falsch-positiven Testergebnissen kommen kann, ist bekannt, seit es solche Tests gibt.“**

Auch die **„Faktenchecker“ von Korrektiv** betonten in ihrer Meldung am 14.06.2022 [Australische Arzneimittelbehörde erklärte PCR-Tests nicht für sinnlos \(correctiv.org\)](https://www.correctiv.org) **„Das australische Gesundheitsministerium hat erklärt, dass PCR-Tests das Vorhandensein von Erbmateriale des Coronavirus nachweisen, auch wenn das Virus sich nicht mehr vermehren kann. Das ist lange bekannt und bedeutet nicht, dass die Tests keine Aussagekraft haben.“**

Weiter wird im Text auf **Friedemann Weber**, Direktor am Institut für Virologie der Justus-Liebig-Universität in Gießen, verwiesen, der Korrektiv auf Anfrage schrieb: **„PCR kann tatsächlich nicht erkennen, ob ein Genmaterial von einem sich vermehrenden Virus stammt oder nicht. Allerdings muss das Genmaterial ja irgendwie mal produziert worden sein. Und das kann eigentlich nur von einer Infektion stammen.“** Beim Ausklingen einer Infektion **könne das PCR-Signal tatsächlich auf Partikel zurückgehen, die zum Beispiel vom Immunsystem inaktiviert worden seien.** „Aber auch da muss man zuvor eben infiziert gewesen sein“, schrieb uns Weber.

Und schließlich wird im „Faktencheck“ hervorgehoben: „Ein positiver PCR-Test zeigt mit 98-prozentiger Wahrscheinlichkeit eine Infektion“

Dass diese 98% Wahrscheinlichkeit jedoch nur in einer Gruppe von Menschen mit hoher Krankheitsrate zutrifft, hängt von der sogenannten „Vortestwahrscheinlichkeit“, der Prävalenz ab (**siehe auch Kapitel...**), wie 2022 in einem Aufsatz der Biostatistikerin Prof. Christel Weiß aus Mannheim anschaulich publiziert wurde (Notfall Rettungsmed 2022; 25:48-50 [PCR-Tests und Schnelltests – Wie zuverlässig sind sie? | SpringerLink](https://www.springerlink.com)). Hier wurde bei einer angenommenen Empfindlichkeit (Sensitivität) von 99% und Zuverlässigkeit (Spezifität) eines PCR Tests von 99,5% aufgezeigt, dass bei hohen Prävalenz von 20%, z.B. in einer Hochrisikogruppe eines Pflegeheims zu erwarten ist, dass von 10.000 Tests 2020 ein positives Ergebnis liefern, wovon allerdings 40 falsch positiv zu erwarten sind. Bei einer

niedrigen Prävalenz (wie z.B. in der Massentestung einer gesunden Population wie Jugendlichen) von 1% betont die Autorin, dass Vorsicht angebracht ist: denn „**Ein Drittel aller positiven Befunde ist nämlich falsch**“. Die Aussage beruht auf der in Tabelle 1 der Publikation aufgezeigten Berechnung, dass bei der gewählten Beispielgruppe von Jugendlichen von 100 echt Infizierten aus einer Gruppe von 10,000 Getesteten mit 99 „echt positiven“ aber eben auch 49,5 „falsch positiven“ Ergebnissen gerechnet werden muß. Auch in dieser Publikation wird in der Zusammenfassung hervorgehoben: „**Ferner ist zu beachten: Eine nachgewiesene Infektion mittels eines PCR-Tests bedeutet nicht zwangsläufig, dass die betreffende Person ansteckend oder erkrankt ist**“

2.1.13. RKI Webseite zur Bewertung PCR als nicht infektiös

Auf der Seite des **RKI** zum Thema „Hinweise auf Testungen von Patientinnen und Patienten auf SARS-CoV-2 (abgerufen 02.08.2023) [RKI - Coronavirus SARS-CoV-2 - Hinweise zur Testung von Patientinnen und Patienten auf SARS-CoV-2](#) steht unter der Zwischenüberschrift „**Positive PCR-Ergebnisse bei Genesenen**“:

„Im Unterschied zu replikationsfähigem Virus ist SARS-CoV-2 virale RNA bei vielen konvaleszenten Patienten noch Wochen nach Symptombeginn in der RT-PCR nachweisbar (Xiao et al., 2020; Zheng et al., 2020; Zhou et al., 2020). Dass diese positiven RT-PCR-Ergebnisse bei konvaleszenten Patienten nicht zwingend mit Kontagiosität gleichzusetzen sind, wurde bereits zu Beginn der Pandemie demonstriert, zum einen durch die parallele Durchführung von PCR und Virusanzucht (Bullard et al., 2020; Covid-Investigation Team, 2020; Singanayagam et al., 2020; Wolfel et al., 2020) und zum anderen durch eine großangelegte Studie des koreanischen CDC, die unter anderem Kontaktpersonen von genesenen Patienten mit erneut positiver PCR untersuchte (Korea Centers for Disease Control, 2020).“

Insofern war laut RKI bereits sehr früh offiziell bekannt, dass eine positive PCR nicht mit einer Infektiosität (Kontagiosität) gleichzusetzen ist, was der missbräuchlichen Verwendung positiver PCR-Ergebnisse zur Durchsetzung von Isolationsmaßnahmen eindeutig widerspricht.

2.1. Die Aufbereitung der Proben schließt den Nachweis replikationsfähiger Viren aus

Ein weiterer wichtiger Aspekt zur Beurteilung der Frage, ob ein RT-qPCR Test eine Aussage über die Infektiosität einer positiv getesteten Person trifft, also die Frage, inwieweit das positive RT-qPCR Ergebnis auf die Anwesenheit von vermehrungsfähigen Viren schließen lässt, ist die Aufbereitung der Probe für die RT-qPCR.

Aus dem Abstrichmaterial muss die RNA des gesuchten Gens (hier: SARS-CoV-2 Virus Genom), isoliert werden, um für einen Gennachweis in der RT-qPCR einsetzbar zu sein. Ein

entscheidender Schritt hierbei ist die komplette Denaturierung allen biologischen Materials und Abtrennung der Hauptkomponenten Eiweiß, Fette und Nukleinsäuren, um letztendlich die RNA als Startbasis für die RT-qPCR vorliegen zu haben. Das Originalprotokoll von Chomczynski und Sacchi aus dem Jahr 1987 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2440339/>; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17406285/>) ist nach wie vor Bestandteil nahezu aller Protokolle zur Aufreinigung biologischen Materials zur RNA-Isolation, sei es laboreigen hergestellt oder in gekauften „Extraktionskits“. Komponenten der originalen Extraktionslösung sind Phenol/Chloroform und Isoamylalkohol, in verschiedenen abgewandelten kommerziellen Lösungen, auch ähnlich wirkende, jedoch weniger giftige Substanzen. Alle haben zu eigen, dass sie jede lebende oder vermehrungsfähige biologische Struktur komplett zerstören.

Dies bedeutet: **im Laborprozess der Aufbereitung einer Abstrichprobe, welcher zwingend der RT-qPCR vorgeschaltet ist, wird jedes biologische Material, sei es nun eine vitale Zelle, ein vermehrungsfähiges Virus oder auch nur Zellrümmen und Genreste, so denaturiert, dass keinerlei Aussage mehr möglich ist, ob das Material von einem intakten oder gar vermehrungsfähigen Organismus oder von bereits vorgeschädigten oder zerstörten Proben stammt.** Durch diesen Extraktions- und Aufbereitungsprozess bedingt kann keinesfalls aus einer positiven RT-qPCR, welche Genom-Fragmente nachweist, auf das Vorhandensein replikationsfähiger Viren in der Abstrichprobe geschlossen werden, es kann immer nur die isolierte RNA, unabhängig von der Quelle, nachgewiesen werden.

2.3. Zwischenfazit:

Selbst wenn also bei der Durchführung der PCR inklusive aller vorbereitenden Schritte (PCR-Design und Etablierung, Probenentnahme, Aufbereitung und PCR-Durchführung) alles „richtig“ gemacht wird und der Test positiv ist, d.h.: eine Genom-Sequenz erkennt, welche ggf. auch in einem oder sogar dem konkreten „Corona“-Virus (SARS-CoV-2) existiert, **kann diese Technik unter keinen Umständen nachweisen, dass die Person, welche positiv getestet wurde, mit einem replizierenden SARS-CoV-2 infiziert und folglich für andere Personen ansteckend = gefährlich sein könnte.**

Eine bessere Plausibilität eines positiven PCR-Ergebnisses hinsichtlich einer Virusinfektion und vor allem eines im Gewebe replizierenden Virus wäre der - bereits in der unter Punkt 2.1.F erwähnten Publikation beschriebene - Nachweis der subgenomischen RNA gewesen. **Da diese sgRNA nur bei der Bildung neuer Viren in einer infizierten Zelle auftritt, kann sie immerhin als Indiz (Indikator), wenn auch nicht als Beweis einer aktiven Virusinfektion herangezogen werden.** Hierzu ist in der unter Punkt 2.1.G aufgeführten Publikation sehr gut unter dem Punkt „SARS-CoV-2 diagnostics in public health“ dargestellt:

*„Ein Beispiel ist der Nachweis von sgRNA-Transkripten, die bei der Virusreplikation und insbesondere bei der Synthese von Negativstrang-RNA entstehen. Obwohl sgRNAs in infizierten Zellen transkribiert werden, sind sie nicht in den Virionen verpackt und können daher **als Indikator für eine aktive Replikation und damit für infektiöse Viren dienen**. Es wurden spezifische RT-PCR-Assays entwickelt, um sgRNAs zusätzlich zum diagnostischen Nachweis genomischer SARS-CoV-2-RNA nachzuweisen, **doch haben sich diese Assays aufgrund ihrer geringeren Empfindlichkeit als herkömmliche RT-PCR-Assays nicht für den routinemäßigen diagnostischen Einsatz durchgesetzt**.*

[...]

*Obwohl das Fehlen von sgRNA auf eine fehlende Virusreplikation hinweist, **ist das Vorhandensein von sgRNA also nicht unbedingt ein Hinweis auf Infektiosität.**“*

Im Original:

„One example is the detection of sgRNA transcripts, which are generated during virus replication, and specifically the synthesis of negative-strand RNA. Although sgRNAs are transcribed in infected cells, they are not packaged in the virions and can therefore serve as an indicator of active replication and thus of infectious virus. Specific RT-PCR assays were developed to detect sgRNAs in addition to the diagnostic detection of genomic SARS-CoV-2 RNA, but such assays have not made their way into routine diagnostic use owing to their lower sensitivity than conventional RT-PCR assays.

[...]

Thus, although the absence of sgRNA would indicate absence of viral replication, the presence of sgRNA does not necessarily indicate infectiousnes“

Generell müssen für die Feststellung einer aktiven Infektion und der Beurteilung, ob eine Person ansteckende Viren „produziert“ und abgibt, neben der klinischen Symptombeurteilung weitere und zwar konkrete diagnostische Methoden wie die Isolation von vermehrungsfähigen Viren eingesetzt werden (Goldstandard). Hierzu findet sich unter der Überschrift „Detection of infectious Virus“ in der unter Punkt 2.1.G aufgeführten Publikation folgende zutreffende Aussage:

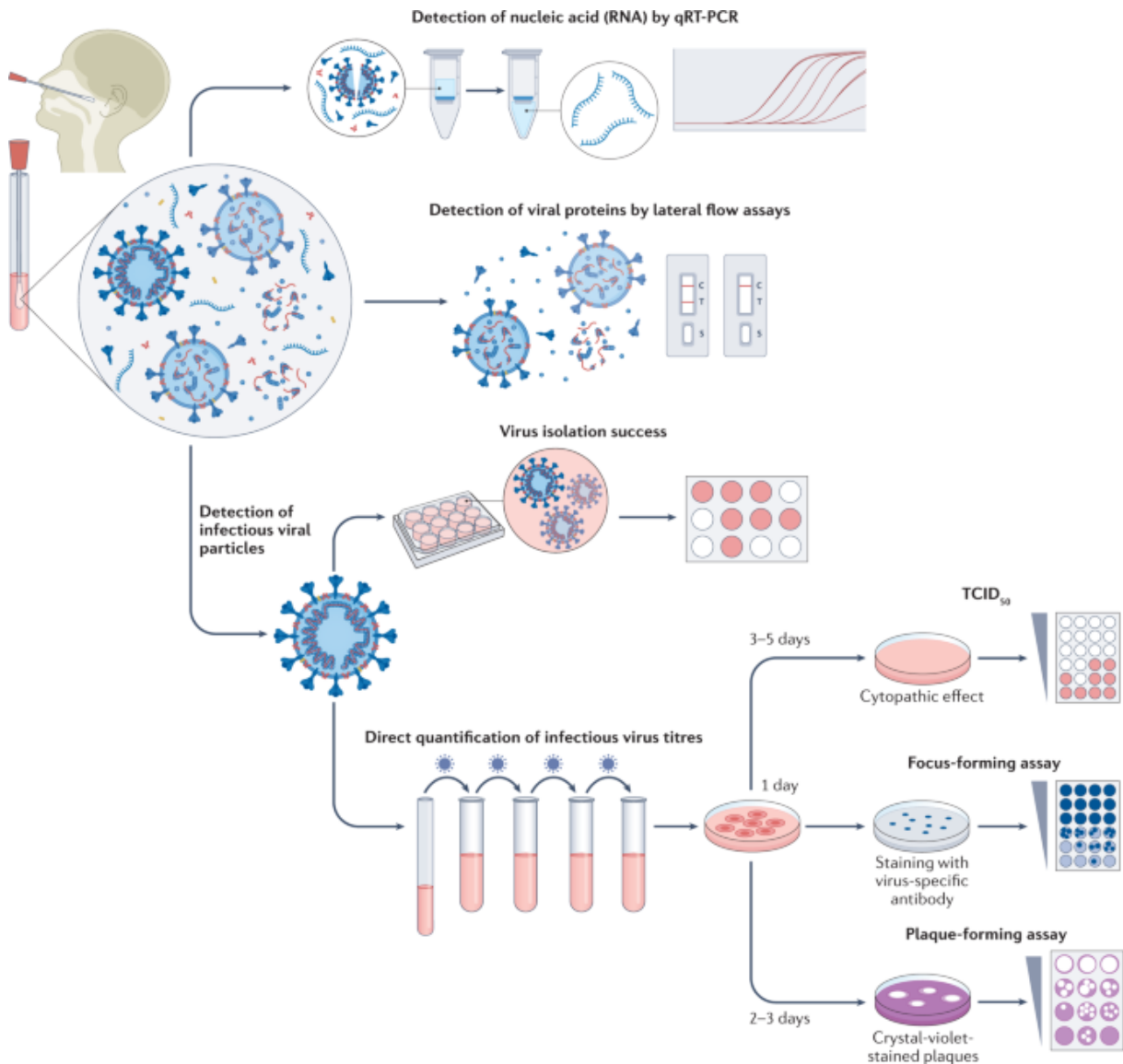
„Der Goldstandard für den Nachweis infektiöser (d. h. replikationsfähiger) Viren in Atemwegsproben ist die Gewinnung von Viren in Zellkulturen, ein Verfahren, das gemeinhin als Virusisolierung bezeichnet wird“

Im Original:

“The gold standard for determining the presence of infectious (that is, replication competent) virus in respiratory specimens is the recovery of virus in cell culture, a procedure that is commonly termed virus isolation“

2.2. Abbildung

Aus dieser Arbeit (<https://doi.org/10.1038/s41579-022-00822-w>) sei hier zur besseren Übersicht die Abbildung 1 übernommen, in welcher die verschiedenen Nachweismethoden optisch dargestellt sind: der Nachweise der viralen Nukleinsäure (RNA) mittels RT-qPCR (hier qRT-PCR genannt), der Nachweise viraler Eiweißbestandteile mittels Antigen-Schnelltest (lateral-flow assay) und der Nachweis infektiöser Viren mittels verschiedener Isolationsmethoden in Zellkultur.



Abbildungslegende:

Zum Nachweis der SARS-CoV-2-Viruslast werden Abstrichproben aus dem Nasen-Rachen-Raum oder dem Oropharynx verwendet. Der Nachweis viraler Nukleinsäuren (RNA) erfolgt durch quantitative Echtzeit-PCR (qRT-PCR). Die virale RNA wird aus lysiertem Virus extrahiert, revers transkribiert und mittels qPCR unter Verwendung von Primern, die für eine oder mehrere Zielregionen im viralen Genom spezifisch sind, amplifiziert. Der Amplifikationszyklus, bei dem die Proben den Schwellenwert überschreiten (Zykluschwelle), bestimmt die Menge der viralen RNA. Die RNA-Viruslast kann als Anzahl der viralen RNA-Kopien pro Milliliter oder durch den willkürlichen testspezifischen Zykluswellenwert ausgedrückt werden. Lateral Flow Assays weisen das Vorhandensein spezifischer viraler Proteine in den lysierten

Viruspartikeln nach. Das SARS-CoV-2-Nukleokapsid wird in den meisten Antigen-detektierenden (Schnell-)Diagnostiktests verwendet. **Das Vorhandensein infektiöser (replikationsfähiger) Viren in respiratorischen Proben kann nur durch die Wiedergewinnung von Viren in Zellkulturen durch Isolierung oder durch Quantifizierung infektiöser Virustiter unter Verwendung der 50%igen infektiösen Gewebekulturdosis (TCID50), fokusbildender Tests oder plaquebildender Tests festgestellt werden.** Die Virusisolierung erfolgt durch Auftragen von infektiösem Medium auf die Monoschicht von Zellen; der Erfolg der Isolierung wird durch das Auftreten eines zytopathischen Effekts etwa 3-5 Tage nach der Infektion bestimmt. Die weiße Farbe zeigt das Vorhandensein eines zytopathischen Effekts in den Zellen an. Zur Quantifizierung des infektiösen Virustiters werden serielle Verdünnungen von Respirationsproben durchgeführt und zur Inokulation auf der Monolage von Zellen verwendet. In TCID50, 3-5 Tage nach der Infektion, wird der vireninduzierte zytopathische Effekt klassischerweise mit Hilfe der Mikroskopie bestimmt. Bei fokusbildenden Tests werden die Zellen 1 Tag nach der Infektion fixiert und eine Immunfärbung mit virusspezifischen Antikörpern durchgeführt, um Gruppen von infizierten Zellen (Foci) zu erkennen. Die Foci, die auf das Vorhandensein infektiöser Viren hinweisen, sind blau dargestellt. Bei der Plaquebildung werden die Platten 2-3 Tage nach der Infektion fixiert und mit Kristallviolett angefärbt; Vertiefungen mit einzelnen Plaques werden zur Bestimmung des Virustiters verwendet. Die Plaques, die das Vorhandensein infektiöser Viren anzeigen, sind weiß dargestellt.

3. Einflussfaktoren auf die Zuverlässigkeit des PCR-Test

Tatsächlich aber hängen die Ergebnisse eines PCR-Tests von einer Reihe von Parametern ab, die zu erheblichen Unsicherheiten bedingen und zum anderen so beeinflusst werden können, dass viele oder wenige (scheinbar) positive Ergebnisse erzielt werden.

3.1. Design der PCR und Spezifität

Eine PCR kann mithilfe von Datenbanken (z.B. Genbank, GISAID) und etablierter Software (sogenannte Primersuchprogramme) sehr komfortabel designt werden. Hierbei entscheidet die Zielsetzung (was soll wie genau nachgewiesen werden) über die Anforderungen an die eingesetzte Zielregion und die Passgenauigkeit der Primer.

Soll eine grobe Suche nach Vertretern einer großen Gruppe ähnlicher Viren (z.B. alle Coronaviren) angestrebt werden, werden die Primer in sogenannte konservierte gruppenspezifische Regionen gelegt. Dies ist ähnlich, wie wenn man einer Software sagen würde: Erkenne zuverlässig alle roten Autos auf einem Parkplatz (aber keine LKW, Motorräder und auch keine anderen Farben). Hiermit kann in einer Probe gesucht werden, ob überhaupt Genspuren von einem Vertreter der gesuchten Virusgruppe (z.B. Coronaviren) vorhanden sind.

Möchte man nur eine Subgruppe finden (z.B. Sarbecoviren innerhalb der Coronaviren), entsprechend einer Automarke innerhalb der Gruppe aller roten Autos (im Beispiel), dann können die Primer subgruppenspezifisch designt werden. Dies wurde im Fall der WHO empfohlenen PCR aus der Charité beim sogenannten „E-Gen“, aber auch beim RdRp-von Corman/Drosten zur Gruppe der Sarbeco-Viren, zu denen SARS-CoV-2 gehört, angewendet.

Es ist aber (nicht immer, aber oft) auch möglich, eine hochspezifische PCR zu entwerfen, mit der NUR das speziell gesuchte Gen (hier Virusgen von SARS-CoV-2) entdeckt und vervielfältigt wird. Analog dazu wäre im Beispiel das Erkennen eines speziellen Modells innerhalb der Gruppe der roten Autos einer Marke. Hierzu muss das Design beinhalten, dass die Region, die

verwendet wird, keinerlei Homologien zu nahe verwandten Viren (z. B. SARS1 oder Fledermausviren zu SARS-CoV-2) oder auch irgendeiner anderen schon bekannten Gensignatur (menschliches Genom, andere Organismen) hat.

Die Suchprogramme können dies sehr zuverlässig ermöglichen. Bei der qPCR kommt dann noch ein drittes Genstück dazu, welches spezifisch nur mit der gesuchten Genregion reagieren darf, das ist die „Probe“.

Insofern: ein gutes PCR-Design umfasst für die normale PCR zwei und für die qPCR drei hochspezifische, nur die gewünschten Zielsequenzen erkennende Primer/Sonden und kann dann in der Tat hochspezifisch nur das gewünschte Zielgen erfassen.

Auch für SARS-CoV-2 wäre solch ein spezifisches PCR-Design möglich gewesen, wurde aber in den ursprünglichen und maßgeblichen WHO-Protokollen unterlassen.

Nach dem Design **müssen dann zwingend das Primerpaar und die Sonde an realen Proben im Labor überprüft werden.** Hierzu werden sichere Proben mit dem zu identifizierenden Genmaterial (hier: Proben von sicher SARS-CoV-2 infizierten Personen oder sogar ein komplett charakterisiertes Virusisolat) benötigt, ferner ein breites Spektrum von Viren und anderen Erregern, welche prinzipiell ähnliche Symptome in Patienten auslösen können und die kein Signal mit der eingesetzten PCR ergeben dürfen.

Wenn alle diese Bedingungen erfüllt sind: Die PCR findet genau das vom Designer angestrebte Zielgen - entweder wie beabsichtigt einer Gruppe oder eben hochspezifisch eines einzelnen Erregers - und ist dieses zweifelsfrei mit umfassenden positiv- und negativ-Kontrollen im Labor experimentell nachgewiesen, dann kann dieses Design als Protokoll zur Unterstützung einer klinischen Diagnose auch zuverlässig als spezifisch verwendet werden.

3.2. Anzahl der unabhängigen Ziel-Gene („Targets“)

In dem ursprünglich von der WHO am 13.01.2020 publizierten Protokoll **„Diagnostic detection of Wuhan coronavirus 2019 by real-time PCR“** (<https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/wuhan-virus-assay-v1991527e5122341d99287a1b17c111902.pdf>) wird die Abfolge von PCR-Nachweisen von drei unabhängigen Teilgenen des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus beschrieben. Die Reihenfolge bezog sich auf das E-Gen, das RdRp-Gen und dann das N-Gen. Bereits am 17.01.2020 folgte eine Änderung durch die WHO mit dem Protokoll **„Diagnostic detection of 2019-nCoV by real time PCR“** (https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2) in der das N-Gen als Nachweis entfernt wurde und somit statt der ursprünglichen 3 Zielregionen nur noch zwei Genabschnitte empfohlen wurden. Am 02.03.2020 wurde in einem erneut aktualisierten Testprotokoll der WHO **„Laboratory testing for coronavirus disease 2019 (COVID-19) in suspected human cases“**

(<https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/331329/WHO-COVID-19-laboratory-2020.4-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y>) darauf hingewiesen, dass "... In Gebieten, in denen das COVID-19-Virus weit verbreitet ist, könnte ein einfacherer Algorithmus angewandt werden, bei dem z. B. ein Screening durch RT-PCR **eines einzigen Unterscheidungstargets** als ausreichend angesehen wird.... Im Original: „.... In areas where COVID-19 virus is widely spread a simpler algorithm might be adopted in which for example screening by RT-PCR of a single discriminatory target is considered sufficient...." (Seite 3 unten) woraufhin die Labors großflächig dazu übergangen, nur noch 1 Zielgen zu analysieren, **und sich nur noch auf das gruppenspezifische E-Gen als gültige PCR spezialisierten**, wie z.B. explizit vom Labor Augsburg am 03.04. beschrieben (nur noch im Internetarchiv verfügbar: <https://www.oder-spree-piraten.de/wp-content/uploads/2020/05/Ge%C3%A4ndertes-Befundlayout-der-SARS-CoV2-PCR-Ergebnisse--Labor-Augsburg-MVZ-GmbH.pdf>)

Die herausragende Bedeutung der Anzahl der mittels PCR analysierten unabhängigen Zielgene bei unspezifischen Einzeltests, wie in dem bevorzugt von der WHO empfohlenen Protokoll der Charité (und über TIB MolBioI/Roche weltweit sehr schnell flächendeckend eingesetzt), ergibt sich aus folgender exemplarischer Rechnung:

Die im WHO-Protokoll ursprünglich für den Nachweis von SARS-CoV-2 angegebenen drei Zielregionen E, RdRp und N-Gen wurden zügig in vielen laboreigenen und kommerziellen Testsystemen eingesetzt. Ein erster Ringversuch vom Institut Instant e.V. (<https://corona-ausschuss.de/wp-content/uploads/2020/07/Instand-Ringversuch-Virusgenom-Nachweis-SARS-CoV-2.pdf>) ergab für diese Gene eine mittlere Spezifität von:

Zielgen des SARS-CoV-2 Genoms	Anzahl überprüfte Testkits	Spezifität nur Zellkultur (ohne Virus-RNA)	Spezifität mit verwandtem Coronavirus (HCoV 229E)	%	Mittlere Spezifität absolut	Mittlere Fehlerrate (1-abs. Spez.)
E-Gen	24	99,46%	95,17%	97,31	0,9731	0,0269
RdRp-Gen	13	97,80%	90,66 %	94,23	0,9423	0,0577
N-Gen	21	98,20%	87,95 %	93,08	0,9308	0,0692

In einer Mischpopulation von 100.000 Tests würde sich selbst bei keiner echt infizierten Person aufgrund der mittleren Fehlerrate ergeben:

Bei einem reinen E-Gen-Test: $100.000 \times 0,0269 =$ **2690** falsch positive
 Bei E und RdRp-Test in Folge: $100.000 \times (0,0269 \times 0,0577) =$ **155** falsch positive
 Bei allen drei Genen (E, RdRp, N): $100.000 \times (0,0269 \times 0,0577 \times 0,0692) =$ **10** falsch positive

Dies bedeutet, die Vorgabe der WHO im März 2020, also vor der offiziellen Pandemieausrufung, sukzessive die Anzahl der zu testenden Zielgene bei gleichzeitiger Beibehaltung der ursprünglichen PCR-Vorgaben („Corman/Drosten-Protokoll“) von SARS-CoV-2 von 3 auf 1 zu reduzieren, resultierte in einer Zunahme der falsch positiv getesteten Personen im obigen Rechenbeispiel von 10 bei 3 Genen auf fast 2700 bei nur noch dem E-Gen je 100.000 durchgeführter Tests.

Würden die 100.000 durchgeführten Tests repräsentativ bei 100.000 Bürgern einer Stadt/Landkreis innerhalb von 7 Tagen durchgeführt sein, so ergibt sich alleine aus dieser Fragestellung der verwendeten Zielgene hinsichtlich der „7-Tagesinzidenz“ ein Unterschied von 10 (3 „Targets“) gegenüber 155 (2 „Targets“) gegenüber 2690 (1 „Target“) und davon abhängig die Schwere der ergriffenen Freiheitsbeschränkungen der Bürger.

Zwischenbewertung: Das Rechenbeispiel zeigt, wie durch „Spielen an den Vorgaben“ bezüglich der nachzuweisenden Zielgene für die Labore die täglichen Fallzahlen beeinflusst werden können. Angesichts der immensen Auswirkungen auf die politischen Entscheidungen, welche von den Absolutzahlen positiver Tests und der daraus abgeleiteten „7-Tages-Inzidenz“ bestimmt werden, ist die Vorgabe der WHO (und auch des RKI) zur Reduktion der Zielgene klar dazu geeignet gewesen, die „Pandemie“ durch falsche Testvorgaben künstlich um den Faktor bis zu 300 aufzublähen.

Dies ist eine evidenzfreie Vorgehensweise, die zum einen enorme persönliche Einschränkungen der Quarantäne/Isolation, welche die fälschlich „positiv getesteten“ Personen erleiden müssen, nach sich zieht, zum anderen über die „7-Tage Inzidenzzahl“ die enormen gesellschaftlichen und wirtschaftlichen Einschränkungen und Schäden willentlich in Kauf nimmt und letztendlich auch die Basis für die „Impfnotwendigkeit“ bildet.

Wäre konsequent die korrekte Anzahl von drei bzw. sogar besser (wie z.B. in Thailand ursprünglich eingesetzt) bis zu 6 Genen für die PCR Analyse verwendet worden, hätte sich die Rate der positiven Tests und damit die „7-Tagesinzidenz“ fast komplett auf null reduziert.

3.3. Anzahl der durchgeführten Zyklen (CT-Wert) bei der qPCR

„Infektiöse Personen haben in der Regel eine RNA-Viruslast von $>10^6$ Genomkopien pro Milliliter, was in den meisten RT-PCR-Tests einem Ct-Wert von 25 entspricht.“

Diese Definition eines sinnvollen CT-Werts wird explizit in der bereits unter 2.1.G zitierten Übersichtsarbeit, welche am 02.12.2022 in Nature Reviews Microbiology (<https://doi.org/10.1038/s41579-022-00822-w>) erschienen ist, im Kapitel „SARS-CoV-2 Diagnostics in public health“ getroffen und fasst somit die im folgenden dargelegten Aspekte sinnvoll zusammen.

Im Original:

“Infectious individuals typically have RNA viral loads of $>10^6$ genome copies per millilitre, which corresponds largely with a Ct of 25 in most RT-PCR assays”

3.3.1 Bedeutung des CT-Wertes

Neben der Anzahl der nachgewiesenen Ziel-Gene, insbesondere bei nur einem oder maximal zwei Genen, stellen unabhängig vom Design der PCR die Anzahl der Zyklen der Amplifikation in der qPCR bis zur Wertung „positiv“ und der daraus resultierende CT-Wert eine entscheidende Stellschraube dar. **Je kleiner der CT-Wert einer Probe in einer qPCR, desto höher war die Ausgangsmenge der DNA in der Probe.**

Dies korreliert unter standardisierten Bedingungen mit (im Falle von Viren) der Ausgangsmenge an viralen Genomen, der sog. **viral load**, welche im Idealfall als „Anzahl viraler Kopien“ pro ml Probe angegeben werden sollte. Diese viral load korreliert auch im Fall von SARS-CoV-2 mit der Anzuchtbarkeit infektiöser Viren in Zellkultur, wie bereits im März 2020 publiziert wurde. (Abbildung 1e in Wölfel et al., <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2196-x>) **Hier war eine Mindestmenge von 10^6 RNA-Kopien/ml nötig, um aus der Probe entsprechende Viren anzüchten zu können**, in einer weiteren Arbeit unter Mitbeteiligung von C. Drosten aus dem Mai 2021 waren sogar im Schnitt 10^8 Viren in der Probe für eine positive Zellkultur notwendig (supplemental Figure S4 von <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34035154/>).

In letzterer Arbeit ergab sich auch, dass keiner der 25.381 getesteten Personen im Falle einer ermittelten Viruslast unter 10^5 virale Genome je ml in der Probe aufwies (Tabelle S1), wohingegen die RT-qPCR aus dem Ursprungsprotokoll (Corman V et al., <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>) bereits bei ca. 4 Kopien je Probenansatz (5µl entsprechend ca. 10^3 Kopien/ml) ein positives Ergebnis liefern kann, also bereits um den Faktor 1.000-10.000 eher als in einer Probe mit tatsächlich infektiöser Viruslast.

Auch **kommerzielle PCR-Testsysteme**, sogenannte Kits, von denen es weltweit (Stand Mai 2022) bereits ca. 630 verschiedene gibt (<https://www.finddx.org/covid-19/test-directory>) weisen teilweise Nachweisgrenzen von weniger als 10 Kopien/Reaktion aus, wie z.B. Kits der Firma TIB-MolBiol (https://www.roche-as.es/lm_pdf/MDx_53-0777_96_Wuhan-R-gene_V200204_09155376001%20%282%29.pdf) - Punkt 5 „Specification“. Ein Beispiel der Differenz zwischen Nachweisfähigkeit und einer sinnvollen Nachweisgrenze ist im Beispiel **ANNEX 3** gegeben.

Es ist hier fachlich zu unterscheiden zwischen einer „Kontamination“* des Rachenraums mit einzelnen wenigen, aber keine Infektion auslösenden Viren und einer echten „Infektion“. Letztere geht mit vermehrungsfähigen Viren einher, die dann a) zu einer symptomatischen Erkrankung und b) einer Infektiosität, d.h. der Fähigkeit, andere Personen anzustecken,

führen. Anmerkung: *zum Begriff: „Wir haben gelernt, dass es anders als mit Bakterien keine Normalbesiedlung mit Coronaviren auf der Schleimhaut gibt.“ (K. Henning im Podcast 58 mit C. Drosten)

Diesen **Aspekt der Kontamination versus echter Infektion** hat Christian Drosten bereits 2014 in einem Interview in der Wirtschaftswoche im Zusammenhang mit MERS beschrieben (<https://www.wiwo.de/technologie/forschung/virologe-drosten-im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html>): „Ja, aber die Methode (Anmerkung: gemeint ist die PCR) ist so empfindlich, dass sie ein einzelnes Erbmolekül dieses Virus nachweisen kann. Wenn ein solcher Erreger zum Beispiel bei einer Krankenschwester mal eben einen Tag lang über die Nasenschleimhaut huscht (Anmerkung: das wäre die o.g. „Kontamination“), ohne dass sie erkrankt oder sonst irgend etwas davon bemerkt, dann ist sie plötzlich ein Mers-Fall. Wo zuvor Todkranke gemeldet wurden, sind nun plötzlich milde Fälle und Menschen, die eigentlich kerngesund sind, in der Meldestatistik enthalten.“ [...] „Denn was zunächst interessiert, sind die echten Fälle (Anmerkung: Das sind die „Infizierten“). **Ob symptomlose oder mild infizierte Krankenhausmitarbeiter wirklich Virusträger sind, halte ich für fraglich. Noch fraglicher ist, ob sie das Virus an andere weitergeben können.**“

Letzteres ist eine entscheidende Aussage auch in Bezug auf die sehr nahe mit MERS verwandten SARS-CoV-2 Viren.

Aber exakt dieser Punkt der Virusweitergabe (und damit des Treibens der Pandemie) ist die Begründung für die ergriffenen Maßnahmen wie Quarantäne/Isolationsanordnungen, die „Lockdowns“ und die sogenannten AHA-Regeln.

3.3.2 Belege für die Relevanz des CT-Wertes

3.3.2.1. Kanadische Studie

Eine **kanadische Studie** von Jared Bullard/Guillaume Poliquin in Clinical Infectious Diseases 2020, nachzulesen unter dem Link (<https://doi.org/10.1093/cid/ciaa638>) kam bereits im Mai 2020 zu dem Ergebnis, dass oberhalb eines CT-Wertes von 24 kein reproduktionsfähiges Virus mehr gefunden wurde – dies bedeutet: Der Versuch, aus Abstrichproben, die erst bei einem höheren CT-Wert zu einem positiven Test führten, anschließend vermehrungsfähige Viren anzuzüchten, scheiterte. Oberhalb eines CT-Wertes von 24 ist laut dieser Studie die Menge nachweisbaren viralen Erbguts also so gering, dass sich der positive Test jedenfalls nicht mehr im Sinne einer aktiven Infektion interpretieren ließ.

3.3.2.2. Studie aus Frankreich

Eine große **Studie von Jaffar** et al. (Doi [10.1093/cid/ciaa1491](https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1491)) setzte die Grenze zur Anzuchtbarkeit von SARS-CoV-2 aus Patientenprobenmaterial bei einem CT-Wert von 30 .

3.3.2.3. Studie des amerikanischen CDC

In einer Studie zum Vergleich Antigentest/RT-qPCR und **Virusanzucht aus dem CDC** (<https://academic.oup.com/cid/advance-article/doi/10.1093/cid/ciab303/6224406>) wurde eine erfolgreiche Virusanzucht für einen CT-Bereich von 17,4-28,8) beschrieben, wobei nur bei einem CT bis maximal 25 alle Proben von symptomatischen Personen stammten und mit einer erfolgreichen Virusanzucht einhergingen und nur 18,2%, wenn der CT zwischen 25 und 29 lag. Im Original: „Virus was isolated from specimens with Ct values ranging from 17.4-29.8; virus was isolated from all specimens with a Ct value <25 and from 18.5% (5/27) of specimens with a Ct value ≥25. (Seite 9 mittig). Unabhängig von dieser Überprüfung mithilfe der Virusanzucht galten hier jedoch alle Proben, welche in zwei Target-Sequenzen aus dem „N-Gen“ mit einem Ct bis 40 positiv wurden als „echt positiv“

3.3.2.4. Empfehlungen C. Drosten im NDR Podcast

In seinem **NDR-Podcast vom 16.02.2021 benannte C. Drosten** explizit, dass eine Erhöhung des CT von 25-27 über die Grenze von 28 hinweg bedeutet, dass Personen von denen diese Abstriche mit dem höheren CT gewonnen wurden, nicht mehr infektiös sind. „und auch hier ist wieder eine Ct-Wertverschiebung von 25 auf 27 ungefähr, 27, 28 zu sehen. Und das ist ein Bereich, da ist nach unserer Einschätzung wirklich die Infektiosität zu Ende. Wenn man so eine Patientenprobe sieht und man würde fragen, ist der Patient noch infektiös, da würde ich sagen: **Nein, das ist jetzt langsam nicht mehr ein infektiöser Bereich. Das kann man korrelieren**“ Seite 4 (rechte Spalte oben in: <https://www.ndr.de/nachrichten/info/coronaskript270.pdf>)

Mit diesen CT-Angaben bezieht sich C. Drosten vermutlich hauptsächlich auf eine Studie zur Impfeffektivität in Israel, welche mittels RT-qPCR überprüft wurde.

Auf diese Studie mit dem Titel „Initial report of decreased SARS-CoV-2 viral load after inoculation with the BNT162b2 vaccine“ (<https://www.nature.com/articles/s41591-021-01316-7>) wird auch in einem Schreiben vom RKI (AZ: ID3176 vom 31.03.2021) an das Bundesministerium für Gesundheit hingewiesen. In dieser Studie wird anhand von PCR-Tests nach einer Impfung (mit BNT162b2) aufgezeigt, dass bei geimpften Probanden, welche ab Tag 12 nach der ersten Impfung in der PCR für SARS-CoV-2 positiv wurden, der CT für die drei getesteten Gene (E, N, RdRp mittels des Seegene Allplex Testkits, welcher laut Instant Ringversuch 340 eine Spezifität von 96-98,4% aufweist) von einem **mittleren CT von 25 auf einen mittleren CT von 27 ansteigt**.

Im Vergleich mit einer ebenfalls SARS-CoV-2 PCR positiven ungeimpften Kohorte **wird in dieser Studie ein Imperfollang anhand einer CT-Abnahme von 1,64-2,33 festgemacht und der**

„Erfolg“ ist damit praktisch nicht messbar, weil laut PCR die Personen mit BNT162b2 noch immer eindeutig „positiv“ für SARS-CoV-2 sind!!!

Im Original: „*Finally, applied on all infections (post-vaccination and unvaccinated, n=5,794), a multivariate linear regression model accounting for age, sex and vaccination quantify Ct regression coefficients ranging from 1.64 (N gene) to 2.33 (RdRp) for vaccination after 12 days or longer prior to infection sampling*”, was rechnerisch mit einer 4-fachen Reduzierung der Viruslast in Geimpften versus Ungeimpften gleichgesetzt wird. Im Original: „*As a difference of 1 Ct unit is equivalent to a factor of about 1.94 in viral particles per sample, these Ct differences represent a viral load ratio ranging from 2.96 to 4.68.*“

Bemerkenswert bei den PCR Analysen ist hier ebenfalls, dass auch in dieser Arbeit die CT-Werte bis 40 analysiert und gewertet wurden (Extended Data Figure 4 dieser Publikation)

3.3.2.5. Empfehlungen CDC

Auch das **CDC** geht entsprechend in einer Empfehlung vom 16.04.2021 auf den CT bei der SARS-CoV-2 PCR dahingehend ein, dass dieser einen Wert von maximal 28 haben sollte, um PCR Produkte von „Impfdurchbrüchen“ (also RT-qPCR positiven Personen nach kompletter Impfung) zur Sequenzierung ins Labor zu senden (<https://www.cdc.gov/vaccines/covid-19/downloads/Information-for-laboratories-COVID-vaccine-breakthrough-case-investigation.pdf>)

3.3.2.6. Studie aus Südkorea

Eine **Studie aus Südkorea** erwähnt einen CT von ≤ 25 als Obergrenze der klinisch relevant „positiven“ und zieht diesen Wert zum Vergleich mit der Güte von Antigentests heran. Originalzitat: „*[...] based on a clinically significant Ct value of ≤ 25 (...)*“ (S. 3 in <https://jkms.org/DOIx.php?id=10.3346/jkms.2021.36.e101>)

3.3.2.7. Artikel der New York Times

Einhellige wissenschaftliche Meinung u.a. auch von Dr. Fauci vom US CDC, aber auch einer Reihe von in der **New York Times im August 2020** zitierten Wissenschaftlern, (<https://www.nytimes.com/2020/08/29/health/coronavirus-testing.html>) ist, **dass alle „positiven“-Resultate, die erst ab einem Zyklus von 35 erkannt werden, keinerlei wissenschaftliche (d.h.: keine evidenzbasierte) Grundlage haben.** Der mit Hilfe der WHO weltweit propagierte RT-qPCR Test zum Nachweis von SARS-CoV-2 hingegen war (und ihm folgend auch alle anderen auf ihm als Blaupause basierenden Tests) auf 45 Zyklen eingestellt, ohne einen CT-Wert für „positiv“ zu definieren.

3.3.2.8. Nationales CDC Singapur

Ebenfalls bereits im Mai 2020 wurde vom **National Center for Infectious Diseases in Singapur** ein Positionspapier herausgegeben

(<https://www.ncid.sg/Documents/Period%20of%20Infectivity%20Position%20Statementv2.pdf>), welches darauf hinweist, dass

1. Es wichtig ist, dass der Nachweis viraler RNA durch die PCR weder einer Infektiosität, noch einem vermehrungsfähigem Virus entspricht („*it is important to note that viral RNA detection by PCR does not equate to infectiousness or viable virus*“)
2. Der Grenzwert (cycle threshold value CT) der PCR weist als **Surrogatmarker** für den Gehalt an viraler RNA bereits ab einem **CT von 30** zwar noch virale RNA nach, nicht mehr jedoch die Anwesenheit von vermehrungsfähigen Viren und die betroffenen Personen sind nicht infektiös.

Originaltextauszug:

*“6. A surrogate marker of ‘viral load’ with PCR is the cycle threshold value (Ct). A low Ct value indicates a high viral RNA amount, and vice versa. As noted above, **detection of viral RNA does not necessarily mean the presence of infectious or viable virus.** In a local study from a multicenter cohort of 73 COVID-19 patients, when the Ct value was 30 or higher (i.e. when viral load is low), no viable virus (based on being able to culture the virus) has been found.”*

3.3.2.9. RKI Homepage

Auch das **RKI erklärt auf seiner Homepage** bereits zum Stand 11.08.2020

(https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Vorl_Testung_nCoV.html#doc13490982bodyText4) *“Erste Ergebnisse aus der Diagnostik am RKI zeigen, dass der Verlust der Anzüchtbarkeit in Zellkultur mit einer per real-time PCR (Anmerkung: ist die RT-qPCR) ermittelten RNA Menge von <250 Kopien/5 µL RNA einherging. Diese RNA-Konzentration entsprach im verwendeten Testsystem einem Ct-Wert >30.”*

3.3.2.9. Weitere Studie aus Südkorea mit Besprechung aus der Schweiz

Eine **Studie aus Südkorea** (<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2027040>) legt die Grenze zur Virusanzüchtbarkeit auf einen CT-Wert von 28,4. Diese Studie wird unter dem Titel „Infektiosität und PCR-Positivität – Nicht das Gleiche“ am 28.01.2021 ([Infektiosität und PCR-Positivität - Nicht das Gleiche - infekt.ch](https://www.infekt.ch)) fundiert vom ehemaligen Chefarzt für Infektiologie des Kantonsspitals St. Gallen, Prof. em. Dr. med. Pietro Verjazza besprochen. Prof. Verjazza weist auf die Abbildung der Studie hin, in der auch für symptomatische aber Zellkultur-negative Patienten ein positives PCR Ergebnis erzielt wurde, allerdings mit CT-Werten größer als 28. Zu beachten ist auch, dass sogar bei einem CT von 22-28 schon Personen gefunden

wurden, welche keine positive Zellkultur und damit keine wirklich vermehrungsfähigen Viren aufwiesen.

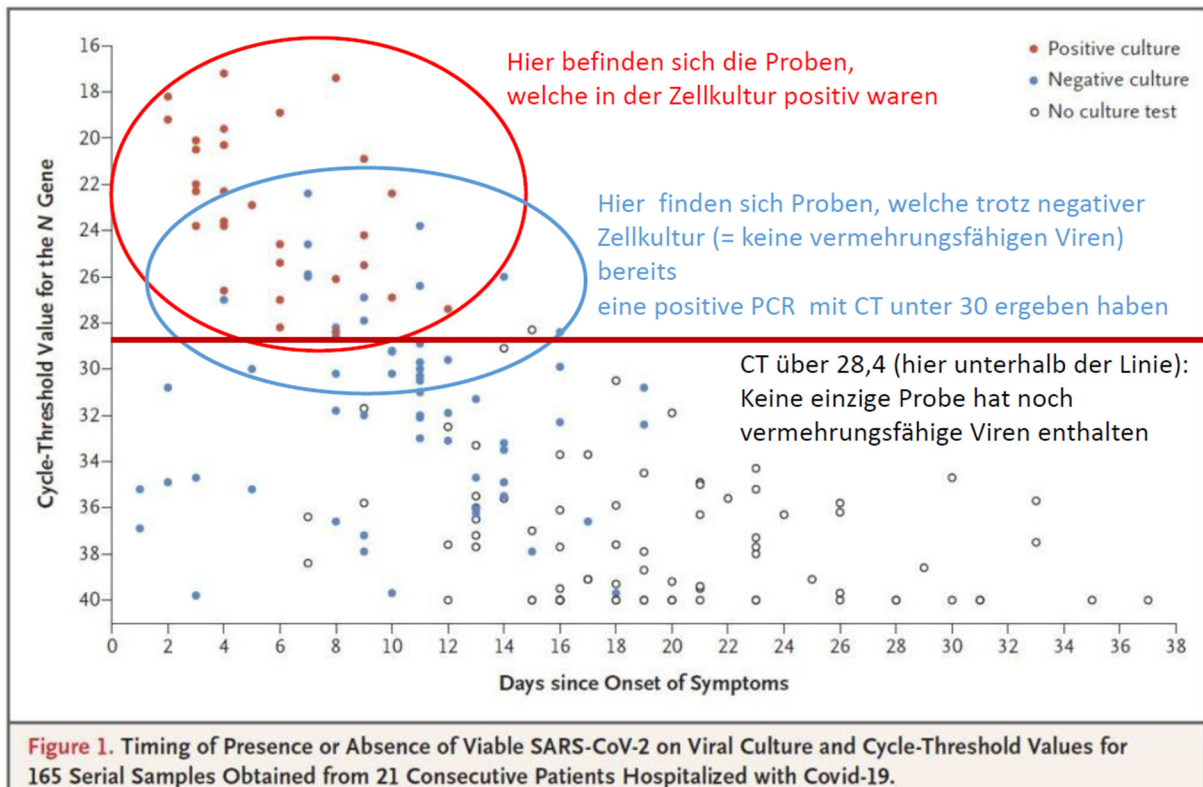


Abbildung aus der Südkoreanischen Studie (DOI: 10.1056/NEJMc2027040) mit eigenen Ergänzungen. Hier ist sehr schön der Zusammenhang positive Zellkultur als Maß für das Vorhandensein vermehrungsfähiger Viren und CT-Wert zu erkennen

3.3.2.10. Studie aus Frankfurt

Und in einer **Studie aus Frankfurt** (<https://www.mdpi.com/2077-0383/10/2/328>) zeigte sich, dass von 64 RT-qPCR positiven Patientenproben (ein Gen getestet) nur aus 33 (=52%) eine Virusanzucht in Zellkultur gelang. Diese infektiösen Proben wurden bereits bis zu einem mittleren CT-Wert von 26 positiv (Ergänzende Abbildung 1) wohingegen aus den Proben mit einem höheren CT keine Virusanzucht mehr gelang.

3.3.2.11. Englisches Office of national statistics (ONS)

Der Grenzwert CT 25 wurde bereits im Dezember 2020 vom englischen „**Office of national statistics**“ (ONS) eingeführt, hier mit CT über 25 als negativ bewertet. Tabellenblatt 2 (Data) im verlinkten Excel-Datenblatt (link unten). Ergebnisse: „Die Analyse zeigt: - Personen mit einer höheren Konzentration an viralen Erbmateriale (positive Fälle mit niedrigen Ct-Werten; unter 25) sind eher in einem Haushalt infektiös als solche mit niedrigeren Konzentrationen (positive Fälle mit hohen Ct-Werten; über 25)“.

Im Original: „*The analysis shows: - People with a higher concentration of viral genetic material (positive cases with low Ct values; below 25) are more likely to be infectious in a household than those with lower concentrations (positive cases with high Ct values; above 25).*“ (<https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/adhocs/12683coronaviruscovid19infectionsurveycyclethresholdandhouseholdtransmissionanalysis>).

3.3.2.12. Kohortenstudie aus Münster

Mit Bezug auf diesen ONS-Grenzwert folgerten die Autoren einer großen **Kohorten Studie aus Münster** im Sommer 2021 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8166461/>), in der mittels RT-qPCR der Gene ORF-1ab und E in Abstrichproben von 162.457 Personen untersucht wurden: „**RT-PCR-Test-Positivität sollte nicht als genaues Maß für die infektiöse SARS-CoV-2-Inzidenz angesehen werden**“ Im Original: „*RT-PCR test positivity should not be taken as an accurate measure of infectious SARS-CoV-2 incidence*“

In dieser Studie zeigte sich, dass insgesamt 2,6% der untersuchten Proben ein positives RT-qPCR Ergebnis hatten. Der CT-Grenzwert, über dem die Proben als sicher negativ gewertet wurden, war sehr hoch mit 40 angesetzt. Die Proben wurden auch nach der Anzahl der Proben analysiert, welche bis zu einem Grenzwert von 25 positiv wurden (immer jeweils beide Gene, persönliche Information auf Rückfrage bei A. Spelsberg, einer Mitautorin).

Die Ergebnisse zeigten, dass bei **asymptomatischen** Personen insgesamt nur 0,4% (68 von 16.874 Personen) einen positiven RT-qPCR Test mit einem mittleren CT von fast 29 aufwiesen. Hiervon hatten nur 27% (= 18 Personen) einen CT bis 25, welcher von den Autoren als „*Hinweis für eine Wahrscheinlichkeit, dass die Person infektiös ist*“ (im Original: „*indicating a likelihood of the person being infectious*“) gewertet wurde. Umgerechnet bedeutet dies, dass bei nur 18 von 16874 (=0,1%) asymptomatischen (gesunden) Personen die PCR auf eine mögliche Infektiosität bezüglich SARS-CoV-2 hingewiesen hat.

Auch von 6212 **symptomatischen** Personen aus den Spitzenzeiten der beiden ersten „Corona-Wellen“ hatten nur 403 Personen (=6,5%) eine positive RT-qPCR auf SARS-CoV-2 mit einem mittleren CT von 27.8 (1.Welle) und 26.6 (2. Welle). Von diesen Positiven hatten maximal (in der 2.Welle) 40% (= 145/367) und in der ersten Welle sogar nur 26,5% (=10/36) Personen einen CT von bis 25 und konnten damit als wahrscheinlich infektiös eingestuft werden. **Umgerechnet ließ sich folglich bei nur 155 von 6212 symptomatischen (kranken) Personen (=2,5%) von einer möglichen Infektiosität mit SARS-CoV-2 ausgehen.**

3.3.2.13. Infektionskontrollstudie aus England

In einer Covid-19 **Infektionskontrollstudie aus England** (<https://elifesciences.org/articles/64683>) analysierten die Autoren die Ergebnisse von SARS-CoV-2 PCR Testungen (3 Gene, kommerzieller Test von Thermo Fisher) in 3,3 mio Fällen.

Insgesamt fanden sich 0.83% Test positive Abstriche mit einem mittleren CT Wert von 29,2, wobei es ausreichte, wenn ein Gen der drei getesteten Zielgene, das N-Gen, alleine positiv war und auch ohne definierte CT Grenze. Hier zählten als „geringe Evidenz“ für eine Infektion diejenigen Personen, die keine Symptome aufwiesen und nur ein Gen mit einem CT von 34 oder höher aufwiesen, wohingegen die „sehr wahrscheinlichen“ Fälle bei Vorliegen von Symptomen und zwei oder drei positiven Zielgenen gewertet wurden.

Interessanterweise korrelierte ein niedriger CT (24,9) mit einer späteren Antikörpernachweisbarkeit im Serum (als Indiz für eine echte Infektion), wohingegen Testergebnisse mit hohem CT-Werten (über 33) meist ohne Antikörperreaktion in den betroffenen Personen einhergingen und damit auf eine fehlende echte Infektion hinwiesen.

3.3.2.14. Vergleich kommerzieller PCR-Kits auf internationaler Seite

Im **Vergleich kommerzieller PCR-Testkits** (http://www.finddx.org/covid-19/pipeline/?section=molecular-assays#diag_tab.) zeigt sich die enorme Bandbreite der CT-Werte selbst bei hochstandardisierten Proben zwischen den verschiedenen Testkits und auch bezüglich der unterschiedlichen Zielgene. Auch die Ergebnisse der verschiedenen Ringversuche von Instand e.V. wären sehr spannend, sind aber weitgehend nicht öffentlich einsehbar und werden auch auf Anfrage nach Informationsfreiheitsgesetz unter Verschluss gehalten (<https://fragdenstaat.de/anfrage/herausgabe-der-auswertung-des-ringversuchs-der-gruppe-340-termin-4-2020/#nachricht-533736>) So schwankt hier bei einem übermittelten PDF der Versuchsreihe von Juni/Juli 2020 z.B. der CT für die gleiche definierte verdünnten Probe von SARS-CoV-2 (Probennummer 340061) für die WHO-empfohlenen Gene zwischen 15-40 (E-Gen), 20-40,7 (N-Gen) und 19,5-42,8 (RdRp-Gen). Dies zeigt eindrucksvoll einen extremen Mangel an Teststandardisierung innerhalb der beteiligten (und zertifizierten) Labors.

3.3.2.15. Evaluierung standardisierter WHO-Kontrollen

Bei der **Evaluation zweier standardisierter WHO-Kontrollen** für die RT-qPCR durch mehrere Labors und verschiedener RT-qPCR Ansätze, (Bentley E, WHO/BS/2020.2402 abrufbar: <https://www.who.int/publications/m/item/WHO-BS-2020.2402>) zeigte sich für die Kontrollprobe 20/138 (eine synthetische Virenprobe mit der Wuhan1-Sequenz, in der Abbildung schwarze Linie), dass eine Genommenge von $10^{6,73}$ (Korrelation zu potentiell infektiöser Viruslast) im Schnitt bei einem CT von 23-24, eine Genommenge von $10^{5,73}$ (unterhalb der potentiell infektiösen Viruslast) bei einem CT von 25,5 - 26,5 als positiv gewertet wurde, so dass mit diesem Ansatz die potentiell infektiöse Viruslast von 10^6 viralen Genomen in einem Bereich von CT23-26,5 liegen würde.

Für ein inaktiviertes SARS-CoV-2 (Probe 20/146, rote Linie in der Abbildung) mit definierter Virusmenge von $10^{7,7}$ in der Stocklösung zeigte sich ein positiver RNA Nachweis bereits bei einem CT von unter 20, bei $10^{6,7}$ lag der CT bei 22-23 und bei $10^{5,7}$ lag der CT bei 25,5 - 26, so

dass auch bei einer definierten Probe mit den SARS-CoV-2 Viren ein Äquivalent zu einer infektiösen Dosis bereits bei einem Ct von 22 bis 26 detektiert wird.

Im Folgenden die maßgebliche **Abbildung** aus der Publikation (Bentley E, WHO/BS/2020.2402) Seite 63. Die standardisierten RNA-Ausgangsmengen sind für die Probe 20/138 unter Punkt 3 (Unitage) auf S. 66 mit 6.73 log₁₀ IU/ml angegeben und für die Probe 20/146 auf Seite 64 unter Punkt 3 mit 7,7 log₁₀ IU/ml

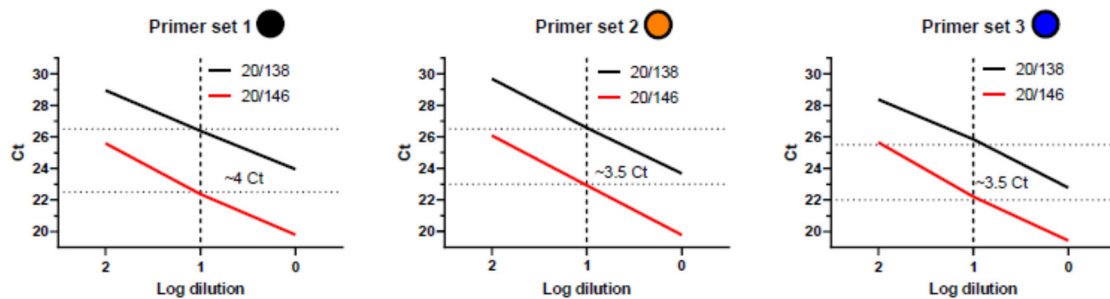


Figure 2. Relative potency of 20/138 compared to 20/146 by Real-time RT-PCR quantification using three primer sets. There is an approximate 0.5 Ct shift between the standard curves using primer set 1 which targets the region of lower coverage, in comparison to primer sets targeting the junction (primer set 2) and region of higher coverage (primer set 3).

3.4. Vortestwahrscheinlichkeit

3.4.1. Erklärt von Correctiv

Die Faktenchecker von Correctiv nahmen sich bereits zum 18. Juni 2020 der Problematik der Vortestwahrscheinlichkeit an ([Corona-PCR-Test und Vortestwahrscheinlichkeit: So kann es zu falschen Ergebnissen kommen - correctiv.org](#)) und zitieren die ursprünglich auf der RKI Seite stehende Warnung: *„Von einer Testung von asymptomatischen Personen wird aufgrund der unklaren Aussagekraft eines negativen Ergebnisses sowie der Möglichkeit falsch positiver Befunde in Abhängigkeit von der Prävalenz/ Inzidenz in der Regel abgeraten.“* Diese Warnung wurde am 02.06. 2020 gestrichen und durch einen Hinweis auf die Vortestwahrscheinlichkeit ersetzt wurde (*„Generell wird die Richtigkeit des Ergebnisses von diagnostischen Tests auch von der Verbreitung einer Erkrankung beeinflusst. Je seltener die Erkrankung und je ungezielter getestet wird, umso höher sind die Anforderungen an Sensitivität und Spezifität der zur Anwendung kommenden Tests.“*)

In einer im Correctiv Artikel verlinkten interaktiven Seite des British Medical Journals (noch am 10.01.2024 aktiv) kann man die Test Parameter eingeben und damit die Wahrscheinlichkeit von falsch und richtig bewertete Testergebnissen in Abhängigkeit von

der Vortestwahrscheinlichkeit und den Parametern Sensitivität und Spezifität ausrechnen lassen. ([Covid-19 test calculator | The BMJ](#))

Nimmt man hierzu exemplarisch die (ebenfalls im Korrektiv-Artikel verlinkten) Dokumente des ersten INSTANT e.V. Ringversuchs zur RT-qPCR zum Nachweis von SARS-CoV-2 Genomen (Test 340, siehe auch Punkt 3.6.2.) und setzt den meistverwendeten (und ursprünglich von der WHO empfohlenen) TIB Molbiol E-Gentest ein. Für diesen läßt sich aus den Ergebnissen von Seite 28 des Instant Versuches eine Spezifität von 97,1% errechnen und die Tabelle auf Seite 32 weist eine Sensitivität von 97,06 % aus.

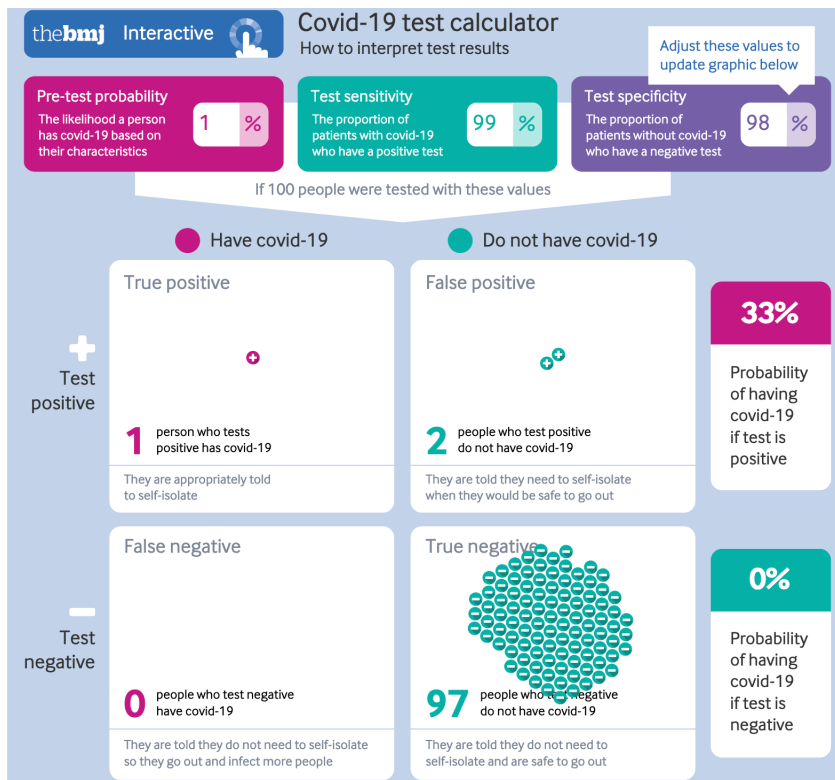
Mit diesen Werten ergibt sich exemplarisch

Setzt man 10 von 100 Personen als echt Infiziert voraus („Pre-Test Probability“=10%), dann ergibt sich, dass für alle 10 korrekt der gesuchte Genabschnitt erkannt wird („true positiv“), aber auch noch 3 Personen einen falsch positiven PCR Test („False positive“) bekommen. Dies würde auf die „Inzidenz“ (Anzahl positiv getesteter Personen unter 10.000) hochgerechnet bedeuten, dass aus einer Inzidenz von 1000 dann 1300 würde. Dies hätte kaum einen Einfluss auf mögliche Maßnahmen.

Für den, bei anlasslosen Massentestungen eher anzunehmenden Fall, dass maximal 1 von 100 Personen echt Genome von SARS-CoV-2 in sich trägt (entspricht einer Inzidenz von 100, da 100 von 10.000 echt positiv), finden sich der eine 1 echt positive Fall aber ebenfalls 3 falsch positive Fälle. Dies würde bedeuten, dass die „Inzidenz“ nicht wie real mit 100 sondern, aufgrund der falsch positiven Ergebnisse, mit 400 resultieren würde. Mit entsprechenden Auswirkungen auf die verordneten Maßnahmen.

Correctiv hat mit einem genaueren Test kalkulieren lassen, bei dem dann 2 von 3 positiven Tests falsch wären, setzt man den Fall der niedrigen Inzidenz an.

Siehe Abbildung



3.4.2. Vom RKI anhand der Antigen-Schnelltests erklärt (Annex 7)

In einer Infographik erläutert **das RKI** unter der Überschrift „Corona-Schnelltest-Ergebnisse verstehen“

(https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Infografik_Antigentest_PDF.pdf?__blob=publicationFile) anschaulich, wie die Wahrscheinlichkeit dass ein Testergebnis stimmt, von der sogenannte **Vortestwahrscheinlichkeit** abhängt, d.h. von der wirklichen Anzahl echt infizierter Personen in der getesteten Population.

Dieser Aspekt der Vortestwahrscheinlichkeit gilt sowohl für die Antigen-Schnelltests als auch gleichermaßen für die RT-qPCR-Tests.

Das vom RKI vorgestellte Rechenbeispiel für die Interpretation der Antigen-Schnelltests setzt ein realistisches Szenario ausgehend von einer Sensitivität (Empfindlichkeit) der Antigentests von 80% und einer Spezifität (Zuverlässigkeit) von 98% voraus, wobei auch hier (https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Vorl_Testung_nCoV.html) ausdrücklich erwähnt wird: „Zu beachten sind hierbei die erheblichen Leistungsunterschiede der unterschiedlichen kommerziell erhältlichen Tests (Verweis auf: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.10.01.20203836v1>).“

Sind angenommen 5 Personen von 10.000 Getesteten wirklich mit SARS-CoV-2 infiziert, zeigen sich dennoch im gewählten Rechenbeispiel **200 falsch positive Tests** und 4 richtig positive

Tests. Das bedeutet, dass 1 echt infizierter je 10.000 Personen übersehen würde, **aber 200 ein falsch positives Ergebnis bekommen** und daher in Quarantäne/Isolation müssen. Dies würde im Falle einer Schultestung mit z.B. 1000 Schülern bedeuten, dass 20 ein falsches „Du bist Corona-Positiv“ mitgeteilt bekommen, und die Schule erst einmal als „Ausbruchsort“ gesperrt würde, bis dann die Nachtestung evtl. Entwarnung gibt. Solche Fälle sind bereits in der Presse berichtet worden.

In den „**Hinweisen zur Bewertung der Ergebnisse aus AG-Testen**“ (Anmerkung: Antigen-Schnelltests) auf der Seite des RKI wird **die Problematik der falsch positiven Antigentests** thematisiert: „*Ein positives Testergebnis mittels AG-Test löst den Verdacht auf eine übertragungsrelevante Infektion mit dem SARS-CoV-2 aus und bedarf zur Vermeidung falsch-positiver Befunde einer Nachtestung mittels PCR. In Anbetracht der potenziell erheblichen Konsequenzen inkorrekt ergebener Ergebnisse bestehen nicht nur an die Sensitivität von Antigentests hohe Anforderungen, sondern auch an die Spezifität. So wäre bei niedriger Prävalenz/Vortestwahrscheinlichkeit und geringer Testspezifität mit einer hohen Zahl falsch-positiver Ergebnisse und einer entsprechenden zusätzlichen Belastung des ÖGD durch Auferlegung und ggf. Rücknahme von Maßnahmen zu rechnen.*“
„https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Vorl_Testung_nCoV.html“

3.4.3. Publikation zum Vortestproblem der PCR

Auch die Zuverlässigkeit der PCR Ergebnisse ist neben den technischen Problemen wie Design und Durchführung von der Vortestwahrscheinlichkeit abhängig, wie im 3.5.1 im BMJ Rechner aufgezeigt und wie 2022 in einem Aufsatz der Biostatistikerin Prof. Christel Weiß aus Mannheim anschaulich publiziert wurde (Notfall Rettungsmed 2022; 25:48-50 [PCR-Tests und Schnelltests – Wie zuverlässig sind sie? | SpringerLink](#)). Hier wurde bei einer angenommenen Empfindlichkeit (Sensitivität) von 99% und Zuverlässigkeit (Spezifität) eines PCR Tests von 99,5% aufgezeigt, dass bei hohen Prävalenz von 20%, z.B. in einer Hochrisikogruppe eines Pflegeheims zu erwarten ist, dass von 10.000 Tests 2020 ein positives Ergebnis liefern, wovon allerdings 40 falsch positiv zu erwarten sind. Bei einer niedrigen Prävalenz (wie z.B. in der Massentestung einer gesunden Population wie Jugendlichen) von 1% betont die Autorin, dass Vorsicht angebracht ist: denn „**Ein Drittel aller positiven Befunde ist nämlich falsch**“. Die Aussage beruht auf der in Tabelle 1 der Publikation aufgezeigten Berechnung, dass bei der gewählten Beispielgruppe von Jugendlichen von 100 echt Infizierten aus einer Gruppe von 10.000 Getesteten mit 99 „echt positiven“ aber eben auch 49,5 „falsch positiven“ Ergebnissen gerechnet werden muß. Auch in dieser Publikation wird in der Zusammenfassung hervorgehoben: „**Ferner ist zu beachten: Eine nachgewiesene Infektion mittels eines PCR-Tests bedeutet nicht zwangsläufig, dass die betreffende Person ansteckend oder erkrankt ist**“

3.5. Zwischenbewertung:

Vor diesem Hintergrund der o. aufgeführten Punkte A-P ist es befremdlich, wenn die RT-qPCR nach wie vor vom RKI als „Gold-Standard“ angesehen wird, ohne die exakten Validierungen und externen Zertifizierungsbedingungen und Zielwerte des CT zu definieren (und ohne dass diese von den Behörden offensichtlich vollumfänglich überwacht werden).

Generell kann eine RT-qPCR schon aufgrund der methodischen Vorgänge keine intakten, vermehrungsfähigen (infektiösen) Viren nachweisen, nicht einmal das komplette intakte Virusgenom, sondern ausschließlich Nukleinsäure des gesuchten Abschnitts. Es ist generell möglich, bei gut eingestellten und korrekt durchgeführten PCR-Tests, **durch Validierung mit einer parallel durchgeführten Virusanzucht in Zellkultur** einen Grenzwert (CT) zu definieren, ab dem ein positives PCR-Signal nicht mehr mit vermehrungsfähigen Viren korreliert. Diese ist in der Überwachung von Blutprodukten seit Jahren gut geübte Routine.

Diese stringente Validierung erlaubt dann - solange das Testsystem NICHT verändert wird - als Surrogatmarker eine Abschätzung der Viruslast und damit der möglichen Infektiosität der getesteten Probe, nie allerdings jedoch den definitiven Nachweis. Sobald eine Komponente am PCR-Testsystem (seien es Chemikalien, Plastikwaren, Enzyme, Protokollabläufe oder Maschinen) in einem der angewendeten Schritte verändert wird, muss zwingend das System wieder neu kalibriert werden.

Aus allen bisher publizierten Informationen (siehe oben) kann geschlossen werden, dass jeder CT-Wert über 35 nicht mehr mit einer Anzuchtbarkeit infektiöser Viren einhergeht und damit der absolute Grenzwert für die Entscheidung „positiv“ ist, auch unabhängig vom verwendeten Testsystem. Der CT-Bereich 25-35 ist testabhängig möglicherweise noch valide als Surrogatmarker für „positiv im Sinne einer potentiell für eine Infektiosität ausreichenden Viruslast“ zu bewerten, wenn er, wie beschrieben, durch adäquate Validierung im durchführenden Labor mit einer Virusanzucht verglichen wurde.

CT ≤ 25 : positiver Genomnachweis, hohe mRNA Last in der Probe
CT 26-35 : nur positiv, wenn mit Virusanzucht abgeglichen
CT > 35 : negativ

Die strenge Bewertung des CT-Wertes spielt vor allem eine Rolle, wenn nur ein Genabschnitt in der PCR getestet wird, gilt aber generell für jedes einzelne Target.

3.6. Adäquate Kontrollen

Um die **Sensitivität** und **Spezifität** einer RT-qPCR korrekt einschätzen zu können, müssen bei jedem Reaktionsdurchlauf adäquate Proben mitgeführt werden. Dies beginnt bei der Teststelle mit „Leerabstrichen“, um Kontaminationen am Probengewinnungsort sicher auszuschließen, geht weiter über Extraktionskontrollen, um die korrekte Isolation vermehrbarer RNA mit allen anschließenden Bearbeitungsschritten sicherzustellen, d.h. eine künstlich hergestellte definierte RNA oder - zu bevorzugen - inaktivierte Virusisolate definierter Konzentration, welche in allen Arbeitsschritten der Probenaufbereitung bis hin zur PCR mitgeführt und bearbeitet wird und für die dann mithilfe passender Primer auch die PCR durchgeführt wird. Hiermit kann ausgeschlossen werden, dass im Rahmen der Probenbearbeitung hemmende Substanzen oder Fehler die Amplifikation von RNA verhindern.

Solche definierten Kontrollen stehen seit Dezember 2020 über die WHO (siehe Punkt 3.3.2P, Quelle: <https://www.who.int/publications/m/item/WHO-BS-2020.2402>) und sogar seit November 2020 über Instant e.V. zur Verfügung.

Aus dem Begleitheft zum Versand der definierten Bezugsproben (https://www.instand-ev.de/fileadmin/uploads/user_upload/Dokumente/Virologie/20210118g_Begleitheft_-_quantitative_Bezugsproben_1_und_2_-_SARS-CoV-2.pdf) lassen sich generell folgende Aspekte erkennen:

- Es wurde als Kontrolle der Stamm BetaCoV/Munich/ChVir984/2020 als hitzeinaktivierte Probe mit kontrollierter Virenzahl eingesetzt, die 10^6 und 10^7 RNA-Kopien/ml entsprachen, da hier die Schwelle zur Einschätzung der Patienten als „wahrscheinlich kontagiös“ angesetzt wurde (in: 2.2. Verwendungszweck). Dieser Stamm wurde laut Datenbank (<https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate>) am 28.01.2020 in München gewonnen und wird über die Charité verkauft.
- Abhängig von den getesteten Genen und dem ausführenden Labor zeigte sich eine große Bandbreite der CT-Werte trotz definierter Probe in Referenzlabors. Dieser CT Wert schwankte z.B. für das E-Gen für die Probe mit 10^6 Kopien/ml zwischen 21,9 (Labor 4) und 28,7 (Labor 1); für das RdRp-Gen zwischen 24,8 (Labor 4) und 33,0 (Labor 1). Über alle Tests aus rückmeldenden Labors ergab sich für diese Probe eine Streuung der CT-Werte von 12-38 (Abbildung 2) und für die höher konzentrierte Probe eine Streuung der CT-Werte von 10-36. Allein dieses Beispiel zeigt, dass jedes Labor immer in jeder Testserie die definierten Proben mitführen muß, um den laboreigenen CT-Wert auf die Viruslast umrechnen zu können, die die eigentliche Bezugsprobe zur Beurteilung der getesteten Patientenprobe darstellen sollte.

Die extreme Schwankungsbreite der CT-Werte in den verschiedenen Testsystemen thematisiert C. Drosten in seinem NDR-Podcast 94 vom 22.06.2021

<https://www.ndr.de/nachrichten/info/coronaskript306.pdf>) wie folgt: „Und zwar die Ct-Werte, die wir hier haben, die sind zwischen den einzelnen Testherstellern nicht so ohne Weiteres vergleichbar.“...“ Aber nur so lange, wie wir uns in demselben Testsystem bewegen, können wir die zahlenmäßig vergleichen. Die Unterschiede sind da zum Teil erheblich. Es gibt Testhersteller, bei denen ist ein Wert von sagen wir mal 25 überhaupt nichts Besorgniserregendes, während derselbe Wert von 25 in dem Test eines anderen Herstellers zeigt, dass das schon ernsthaft eine infektiöse Konzentration ist. **Das liegt einfach daran, dass diese Testhersteller nicht auf den Ct-Wert standardisieren.**“ (Seite 17) Weiter beklagt er, dass diese Standardisierung mit (von ihm) hergestellten Kalibrationen nicht stattfindet (S.18): „Was aber im Moment noch nicht passiert ist, dass flächendeckend auf dieser jetzt geschaffenen technischen Laborbasis auch Empfehlungen von den Landesgesundheitsämtern oder auch vom Robert Koch-Institut für bestimmte Anwendungsbereiche ausgesprochen und angewendet werden.“ Bedeutet: seit Herbst 2020 wären geeignete Kontrollen zur Viruslastbestimmung vorhanden und müssten von den Behörden für die Labors zur Validierung der Testergebnisse eingefordert werden, was aber offensichtlich (laut C. Drosten) nicht geschieht. „Wir können das eben sogar so, dass dieses inhärente Problem der Nichtvergleichbarkeit der Ct-Werte schon gelöst ist. Wohlgermerkt im Herbst. Die Technik und die Labortestung ist hier nicht der Haken, sondern es ist wieder mal die Umsetzung und die Regulation.“

3.6.1. Bereitstellung adäquater Kontrollen:

Ferner muss in jeder korrekten Testserie eine Reihe von externen (d.h. parallel wie bei Patientenproben) Negativkontrollen sowie eine Positivkontrolle mitgeführt werden, die im Idealfall aus einem inaktivierten definierten SARS-CoV-2 Virusstamm besteht. Dies wäre eine ureigene Aufgabe des RKI (unter Mithilfe anderer, geeigneter öffentlicher Einrichtungen, wie dem Bernhard Nocht-Institut oder dem Friedrich-Löffler Institut), in den dort vorhandenen Labormöglichkeiten (der Sicherheitsstufe 4) eine ausreichende Anzahl der SARS-CoV-2 Viren aus Patientenproben zu isolieren, daraus definierte Stämme als Kontrollen zu kultivieren, diese zu inaktivieren und in definierten Viruszahlen über die lokalen Aufsichtsbehörden als Kontrollen an die testenden Labors abzugeben. Nachdem diese wichtige Dienstleistung jedoch selbst nach drei Jahren der „Pandemie“ nach wie vor nicht routinemäßig angeboten wird, besteht die Positivkontrolle meist nur aus einer synthetischen RNA, welche lediglich die Zielgene des Testsystems kodiert. Über diese Positivkontrolle kann auch die untere Nachweisgrenze der PCR bestimmt werden. Diese wird von einigen kommerziellen Kits mit 20 oder weniger viralen Genomen je Probe angegeben und weist damit (siehe Punkt 1.3.2.) bereits eine Virusmenge im Abstrich nach, welche um den Faktor 10^5 unter der infektiösen Dosis liegt und damit keinerlei diagnostischen/prognostischen Wert hat. Eine Übersicht über die aktuell eingesetzten kommerziellen Kits mit ihren Leistungsdaten findet sich unter http://www.finddx.org/covid-19/pipeline/?section=molecular-assays#diag_tab.

3.6.2. Ringversuche: Auffälligkeiten beim ersten Ansatz

Zu den korrekt durchgeführten Kontrollen gehört auch die Teilnahme der Test durchführenden Labors an sogenannten „Ringversuchen“. Bei diesen wird von einem externen Anbieter ein anonymisiertes Panel an Testproben zur Verfügung gestellt. Diese enthalten im Falle des Virusnachweises negative Proben und Proben mit nahe verwandten Viren (inaktiviert) zur Überprüfung der Spezifität (diese Proben dürfen kein positives Signal ergeben) und Positivproben mit verschiedenen Verdünnungen des gesuchten Virus (inaktiviert), um die Sensitivität (ab welcher Virenanzahl wird die PCR positiv, mit welchem CT-Wert) zu ermitteln.

Versuch von Instant e.V.

Im Fall von SARS-CoV-2 erfolgte der erste Ringversuch „Virusgenom-Nachweis - SARS-CoV-2 (340)“ durch den Verein „INSTANT e.V.“ bereit im April 2020. An diesem Ringversuch nahmen laut Bericht 488 Labors teil, von denen 463 Ergebnisse zurückmeldeten. Die Ergebnisse können im publizierten Kommentar (Zeichhardt M: *Kommentar zum Extra Ringversuch Gruppe 340 Virusgenom-Nachweis SARS-CoV-2*“, verfügbar unter: <https://corona-ausschuss.de/wp-content/uploads/2020/07/Instand-Ringversuch-Virusgenom-Nachweis-SARS-CoV-2.pdf>)

nachgelesen werden und zeigen zwei Abweichungen von dem üblichen Ringversuchsprozedere, welche bereits hier auf Laborprobleme mit der RT-qPCR zum Nachweis von SARS-CoV-2 hinwiesen: So heißt es auf Seite 4 der Publikation: *„Wichtige Mitteilung zur Auswertung: Nur 4 der 7 Proben, die in diesem Extra-Ringversuch untersucht wurden, werden für die Erlangung eines Zertifikats über die erfolgreiche Teilnahme berücksichtigt“*. In der Fußnote auf Seite 10 des Kommentars heißt es: *„In der Zwischenauswertung vom 17. April 2020 wurden allen Teilnehmern des Extra INSTANT Ringversuchs (340) Virusgenom-Nachweis von SARS-CoV-2 April 2020 die Probeneigenschaften der Proben 340059, 340060 und 340064 vorzeitig mitgeteilt. Die Ergebnisse dieser 3 Proben bleiben für die Erteilung eines Zertifikats unberücksichtigt [...]“* Der Grund für diesen Ausschluss bestimmter Proben wird auf Seite 4 des Kommentars dargelegt: *„Während der Extra-Ringversuch noch lief, erhielt INSTANT e.V. aus dem In- und Ausland dringliche Anfragen, noch vor Ende der verlängerten Abgabefrist, also vor dem 28. April 2020, die Eigenschaften der zu untersuchenden Proben aufzudecken, damit Laboratorien bei etwaigen Fehlmessungen ihre Testmethode kurzfristig verbessern können.“* (Seite 4 oben im Bericht von INSTANT e.V.)

Dieses Vorgehen ist sehr ungewöhnlich für einen echten Ringversuch und stellt damit kein unabhängiges externes Überprüfungsverfahren der beteiligten Labore mehr dar.

Trotz der schon aufgedeckten Proben und des reduzierten Testumfangs kam es bei einer Vielzahl von Laboren zu Verwechslungen von Proben – so heißt es auf Seite 18 des Kommentars: *„Bei Probe 340064 (SARS-CoV-2 positiv 1:100 000 verdünnt) beruht die reduzierte Erfolgsquote von nur 93,2 % im Wesentlichen auf falschen Ergebniszuordnungen (**Verwechslungen**) bei Probe 340064 und Probe 340065 (negativ für SARS-CoV-2 und positiv*

für HCoV 229E). Die Verwechslungen bei den Proben 340064 und 340065 betreffen 24 Labore mit insgesamt 59 Ergebnissen je Probe. Siehe dazu auch Abschnitt 2.4.2.1. [...]“. Eine Vielzahl von Laboren hat also fälschlich die Probe 340064 (leicht verdünntes SARS-CoV-2) mit der Probe 340065 (negativ für SARS-CoV-2 und positiv für das naheverwandte Virus HCoV 229E) verwechselt.

Abgesehen von der erschreckenden Tatsache, dass offensichtlich selbst unter hoch standardisierten Abläufen in einem Ringversuch eine erhebliche Anzahl von Proben vertauscht wurden (was die Frage nach der entsprechenden Quote an Probenvertauschungen und damit falsch zugeordneten Abstrichproben unter Massentestbedingungen aufwirft), fällt auf, dass alle gemeldeten Verwechslungen nur diese beiden Proben betrafen, nicht jedoch die ebenfalls bewerteten Proben mit der Endziffer 61 (sehr hoch verdünntes SARS-CoV-2) und 62 (negativ). Die detaillierten Ergebnisse eines zweiten Ringversuchs aus Juni/Juli 2020 (<https://www.instand-ev.de/System/rv-files/Zusammenfassung%20der%20Probeneigenschaften%20und%20Sollwerte%20Virologie%20340%20Juni%20Juli%202020%2020200911a.pdf>) sind nach wie vor nicht öffentlich detailliert einsehbar, eine Anfrage ans RKI via „Frag den Staat“ wurde nicht beantwortet ([Herausgabe der Auswertung des Ringversuchs der Gruppe 340 Termin 4 2020 - FragDenStaat](#)).

3.7. Ausschluss von Kontaminationen von Reagenzien und „Problemen im Handlungsablauf“

3.7.1 Kontamination innerhalb des Labors durch Fehler in der Durchführung

Das beste PCR-Design kann dennoch zu falsch positiven Ergebnissen führen, wenn entweder die zugrundeliegenden Reagenzien / Kits mit positiven Proben kontaminiert sind, oder, sehr viel wahrscheinlicher, **Kontaminationen im Laborablauf** entstehen. Da die PCR eine extrem empfindliche Methode ist (exponentieller Reaktionsverlauf), die wenige Moleküle einer DNA nachweisen kann, ist in der klinischen Diagnostik die Laborkontamination durch PCR Endprodukte ein Hauptproblem (beschrieben z.B. bereits 2004 in Aslanuadeh J et al., <http://www.annclinlabsci.org/content/34/4/389.full.pdf+html>: „Eine typische PCR erzeugt bis zu 10^9 Kopien der Zielsequenz, und wenn sie verwirbelt wird, enthält selbst das kleinste Aerosoltröpfchen bis zu 10^6 Amplifikationsprodukte [6]. Unkontrolliert können in relativ kurzer Zeit durch die Bildung von Aerosolen mit Amplifikationsprodukten Laborreagenzien, Geräte und Belüftungssysteme kontaminiert werden [6].)

Im Original: „A typical PCR generates as many as 10^9 copies of target sequence and if aerosolized, even the smallest aerosol will contain as many as 10^6 amplification products [6].

If uncontrolled, within a relatively short time the buildup of aerosolized amplification products will contaminate laboratory reagents, equipment, and ventilation systems [6].)

Diese extreme Kontaminationsgefahr setzt voraus, dass in den diagnostischen Laboren, welche mit der PCR arbeiten, höchste Sorgfalt bei der Testung waltet - sehr fachkundiges Personal, kontaminationssichere Umgebung, permanente unabhängige Kontrolle.

Bereits im oben schon erwähnten Ringversuch 340 im April tauchte ein Problem mit falsch positiven Ergebnissen auf, welches wie folgt kommentiert wurde (Seite 20 unten): „*Zusätzlich weisen in einigen Fällen die Untersuchungen mit den SARS-CoV-2-negativen Kontrollproben 340060, 340062 und 340065 auf Spezifitätsprobleme hin, die unabhängig von Vertauschungen der Proben 340064 und 340065 sind. Es ist abzuklären, ob diese **falsch positiven Ergebnisse** auf ein **Spezifitätsproblem der angewendeten Teste oder auf eine Verschleppung von SARS-CoV-2 bei der Testdurchführung bzw. auf Verwechslungen mit anderen Proben** in diesem Ringversuch in den betreffenden Laboren zurückzuführen sind.*“ (Seite 21 unten in <https://www.instand-ev.de/System/rv-files/340%20DE%20SARS-CoV-2%20Genom%20April%202020%2020200502j.pdf>). Zur Verwechslung in diesem Ringversuch siehe Details weiter oben unter „Ringversuche“.

Wenn man vor diesem Hintergrund ferner sieht, wie z.B. nach einem BBC-Bericht in großen Testlaboren in England offen und extrem kontaminationsanfällig mit ungeschultem Personal gearbeitet wird (Film aktuell nicht mehr offen zugänglich <https://www.youtube.com/watch?v=Uk1VK1reNtE>), verwundert es nicht, wenn sich auch in Deutschland (wo es solche Beiträge bisher nicht gefilmt gibt) gelegentlich Meldungen über „falsch positive Fälle“ durch Laborkontaminationen in den Medien finden (Z.B. MVZ Augsburg - Link am Ende des Abschnitts).

Selbst unter kontrollierten Laborbedingungen sind Kontaminationen durch die Arbeitsschritte der PCR bei so einer hochempfindlichen Methode nicht sicher auszuschließen. So wurde auf die Problematik von falsch positiven PCR-Ergebnissen in der SARS-CoV-2 Diagnostik aufgrund von Laborabläufen und **bereits in der ersten Publikation** der RT-qPCR (Corman et al., DOI: [10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045](https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045)) hingewiesen: „*In four individual test reactions, weak initial reactivity was seen but they were negative upon retesting with the same assay*“ [.....] „..... **most probably to handling issues**....“

Ebenfalls ein Problem mit Kontaminationen, die zu falsch positiven Ergebnissen im Zusammenhang mit Genomen von SARS-CoV-2 bei einer von der Charité geleiteten Studie (unter anderem mit den Autoren Drosten und Landt aus der oben aufgeführten Arbeit Corman et al, welche die erste PCR für die WHO schon mit Kontaminationen beschreiben hat) geführt haben, zwang die Autoren sogar eine Science-Publikation zurückzuziehen. Begründung u.a.

„Wir fanden eine **Mischung aus verschiedenen SARS-CoV-2 Genom Fragmenten die einige der Proben kontaminiert haben...**“ Im Original: „We found a mixture of different SARS-CoV-2 genomic fragments contaminating some of the samples“. ANNEX 5

Selbst die „Goldstandard-Labors“ der Charité um Herrn Drosten haben also deutliche Probleme mit der Kontamination durch Genomfragmente von SARS-CoV-2 offen eingestanden und publiziert, welche zu falsch positiven Ergebnissen in der diagnostischen PCR als auch der Genom (Varianten-) Analyse führen können.

3.7.2. Kontamination der Materialien/Reagenzien ab Hersteller

Selbst wenn der Handlungsablauf im Labor optimal und extrem überwacht funktioniert, um laborbedingte Kontaminationen stark zu minimieren, kann hier eine unerwartete Quelle für falsch positive Ergebnisse in der **Kontamination der eingesetzten Materialien/Chemikalien ab Hersteller entstehen**. So können bereits die zur Probenentnahme verwendeten Abstrich Materialien ab Werk kontaminiert sein - wie z.B. beim Falle des „Phantoms von Heilbronn“, in welchem die Wattestäbchen zur Abnahme der DNA-Spuren an den Tatorten mit der DNA einer Verpackungskraft des Herstellerwerkes verunreinigt waren und so jahrelang die Forensik mit falschen Spuren behinderte (<https://www.faz.net/aktuell/gesellschaft/kriminalitaet/dna-ermittlungspanne-das-phantom-von-heilbronn-ist-widerlegt-1925411.html>).

Auch im Falle der SARS-CoV-2 Diagnostik wurde bereits im Juni 2020 ein Kontaminationsproblem aufgrund ab Werk mit Positivkontrollen versetzter PCR Primer publiziert (Wernike et al., DOI: [10.1111/tbed.13684](https://doi.org/10.1111/tbed.13684)). Hier war aufgefallen, dass selbst reine Wasserproben mit mehreren unabhängigen Primerchargen einen eindeutig positiven SARS-CoV-2 Nachweis in der RT-qPCR ergaben: „Es gab jedoch auch Primer/Sonden-Sets, die sehr geringe Verunreinigungen aufwiesen, die erst bei der gründlichen internen Validierung entdeckt wurden.“ „ im Original: „However, there were also primers/probe sets that displayed very **low-level contaminations**, which were detected only during thorough internal validation.“

Auch einige in der Tagespresse im Sommer 2020 berichteten falsch-positiven Ergebnisse der SARS-CoV-2 RT-qPCR Testung wurden Materialproblemen zugeordnet (z.B. <http://web.archive.org/web/20210111010037/https://www.br.de/nachrichten/bayern/probleme-in-augsburger-labor-bringen-falsche-testergebnisse,SEh5Qq4>)

3.7.3. Zwischenbewertung:

Selbst bei idealem RT-qPCR-Design und guter Laborpraxis mit adäquater Validierung können Probleme im täglichen Handlungsablauf sowie von außen über bereits ab Werk kontaminierte Proben die Ergebnisqualität der RT-qPCR wesentlich beeinflussen und zu falsch positiven Ergebnissen führen.

3.8. Kommerzielle PCR Testkits

Bereits sehr früh wurden kommerzielle PCR-Testsysteme, die „PCR-Kits“, in den Routinelabors zur Diagnostik eingesetzt, obwohl ein Großteil davon nur für „RUO“ („research use only“) deklariert war.

Besonders herauszustellen ist hierbei der erste und daher prägnanteste Testhersteller, die Berliner Fa. TIB Molbiol, deren Firmeninhaber (Olfert Landt) bereits auf den WHO-Protokollempfehlungen neben Christian Drosten als Autor aufgeführt war. Die Kits, welche entsprechend auf den WHO-Empfehlungen beruhen, werden über die Fa. Roche auf deren Großautomaten „Cobas“ eingesetzt und dürften daher neben weiteren Anbietern (siehe <https://www.vdgh.de/covid-19/sars-cov-2-und-die-industrie/hersteller/artikel16741> Liste der Testhersteller) nach wie vor den Großteil der zur Routinediagnostik eingesetzten Kits in Deutschland ausmachen. Interessanterweise geben viele Testhersteller hier auch das „E-Gen“ als Hauptnachweisziel an und bleiben damit eng an der ursprünglichen WHO Empfehlung.

Laut einem Fernsehbeitrag vom 10.04.2021 ([Standort Berlin - Millionen Corona Test kommen aus Berlin - tv.berlin \(tvb.de\)](#)) mit einem Interview der TIB Molbiol Firmenleitung Constanze und Olfert Landt, wurde der PCR-Test zum Nachweis der Genome von SARS-CoV-2 von Olfert Landt entwickelt (laut ihm erste 5 Minuten). Die Genese der ersten kommerziellen Tests und des WHO-Protokolls wirft entsprechend einige Fragen ob des korrekten zeitlichen Ablaufs und des Urheberrechts auf, was auch in einem Beitrag von Juli 2023 ([Dank PCR-Test: Drosten macht Immobilien-Millionär noch reicher | NIUS.de](#)) wie folgt thematisiert wird: *„Landts Unternehmen ist das erste, das PCR-Testkits für das Sars2-Virus herstellt. Bereits am 10. Januar 2020 startete man mit der Auslieferung. Und das, obwohl die Virus-Sequenz erst am 13. Januar in der offiziellen Genproben-Datenbank landet.“*

Genau Zahlen sind nicht eruiert, jedoch hat TIB Molbiol davon im Jahr 2020 nach eigenen Angaben bereits weltweit über 60 Millionen Tests ausgeliefert (<https://www.tib-molbiol.de/de/covid-19>), obwohl diese nach wie vor als **„Not tested for use in diagnostic procedures“** (z.B. Kopfzeile in https://www.roche-as.es/lm_pdf/MDx_53-0777_96_Wuhan-R-gene_V200204_09155376001%20%282%29.pdf) deklariert sind. Die entsprechenden Beipackzettel mit den Protokollangaben und Kitbeschreibungen der Firma TIB Molbiol wurden erstaunlicherweise nach Metaangaben der ursprünglich verfügbaren PDFs (können elektronisch zur Verfügung gestellt werden) bereits am **15.01.2020 (!!!)** komplett mit ROCHE SAP-Nummer erstellt, sind nach wie vor unverändert verfügbar, wenn auch mit Metadatenanalyse 06.02.2020 parallel zu anderen Testkits, welche inzwischen eine Zulassung für in vitro Diagnostik haben.

Inzwischen (Stand Juni 2022) gibt es eine große Bandbreite von PCR Nachweissystemen (https://www.theglobalfund.org/media/9629/covid19_diagnosticproducts_list_en.pdf) von denen auch viele für die In vitro Diagnostik (IVD) von SARS-CoV-2 zugelassen sind. In der

exemplarischen Beschreibung eines dieser kits (https://www.genesig.com/assets/files/Path_COVID_19_CE_STED_IFU_Issue_500.pdf) liest sich unter 1. „Intended use“ (bestimmungsgemäßer Gebrauch): **„Positive Ergebnisse sind ein Hinweis auf das Vorhandensein von SARS-CoV-2-RNA. Positive Ergebnisse schließen eine Co-Infektion mit anderen Bakterien oder anderen Viren nicht aus. Negative Ergebnisse schließen eine SARS-CoV-2-Infektion nicht aus und sollten nicht als alleinige Grundlage für Entscheidungen zur Patientenbehandlung verwendet werden. Positive und negative Ergebnisse müssen mit klinischen Beobachtungen, der Patientengeschichte und epidemiologischen Informationen kombiniert werden.“** im Original: **„Positive results are indicative of the presence of SARS-CoV-2 RNA. Positive results do not rule out co-infection with other bacteria or other viruses. Negative results do not preclude SARS-CoV-2 infection and should not be used as the sole basis for patient management decisions. Positive and Negative results must be combined with clinical observations, patient history, and epidemiological information“**

4. Zusammenhang positiver Nukleinsäure-Nachweis in der RT-qPCR mit Erkrankung und Infektiosität

Nur tatsächlich Infizierte mit sich vermehrende und auch von den Zellen nach außen abgegebenen Viren in ausreichender „infektiöser“ Menge können das Virus weitergeben und bergen das Risiko einer Erkrankung und sind damit für die Bestimmung des Verlaufs einer Infektionsrate und Erkrankungswelle heranzuziehen.

4.1. Bewertung Deutsches Ärzteblatt

„Der PCR-Nachweis ist die Standarduntersuchung zur Diagnose von Virusinfektionen wie SARS-CoV-2. **Der Test weist einzelne Erregergene, jedoch keine intakten Erreger nach.**“ Und: „Es besteht die Möglichkeit, dass der Test über die Dauer der Infektion hinaus positiv ausfällt, weil noch „Virusrümpfer“ in Nase oder Rachen vorhanden sind. **Ein sicherer Nachweis der Infektiosität ist nur mit aufwendigen Tests möglich, bei denen im Labor untersucht wird, ob das Material aus den Abstrichen lebende Zellen abtöten kann.**“ Dies schrieb das **Dt. Ärzteblatt am 01.02.2021** (<https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/120745>).

4.2. CDC offiziell

Auch das **CDC** weist unter „Disadvantages“ der NAATs (nucleic acid amplification tests = PCR) darauf hin, **„Ein positiver NAAT-Diagnostetest sollte nicht innerhalb von 90 Tagen wiederholt werden, da Personen weiterhin nachweisbare RNA haben können, nachdem das Risiko einer Übertragung vorüber ist“** im Original: **„A positive NAAT diagnostic test should not be repeated within 90 days, since people may continue to have detectable RNA after risk of transmission**

has passed" (unten in der summary table auf: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/lab/resources/antigen-tests-guidelines.html#previous>)

4.3. Frankfurter Gesundheitsamt

„Der PCR-Test detektiert Genabschnitte von SARS-CoV-2; er sagt nichts darüber aus, ob es sich um infektiöse Viren oder um Virusreste nach durchgemachter Infektion handelt. Hierzu wäre eine Erregeranzucht erforderlich.“ Dies war in einer Veröffentlichung des Leiters des **Frankfurter Gesundheitsamtes** aus dem August 2020 zu lesen ([https://www.laekh.de/fileadmin/user_upload/Heftarchiv/Einzelartikel/2020/10_2020/Die Covid-19-Pandemie in Frankfurt am Main.pdf](https://www.laekh.de/fileadmin/user_upload/Heftarchiv/Einzelartikel/2020/10_2020/Die_Covid-19-Pandemie_in_Frankfurt_am_Main.pdf)).

4.4. CDC Veröffentlichung

In einer **CDC-Veröffentlichung vom 13.07.20** unter der Überschrift *„CDC 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-Time RT-PCR Diagnostic Panel For Emergency Use Only Instructions for Use“*, (<https://www.fda.gov/media/134922/download>) findet sich auf S. 38 unter der (noch auf S. 37 zu findenden) Überschrift *„Limitations“* :

“• Detection of viral RNA may not indicate the presence of infectious virus or that 2019-nCoV is the causative agent for clinical symptoms.”

Die Übersetzung lautet: *„Der Nachweis von viraler RNA weist möglicherweise nicht auf das Vorhandensein eines infektiösen Virus hin oder darauf, dass 2019-nCoV der ursächliche Erreger für klinische Symptome ist.“*

4.5. WHO Information für Testlabors

Dass ein reiner mRNA-Nachweis von SARS-CoV-2 nicht zwingend mit einer Erkrankung korrelieren muss und nicht als alleiniges Kriterium für die Beurteilung der Erkrankung herangezogen werden darf, sondern nur ein Hilfsmittel zur Bestätigung einer klinischen Diagnose darstellt, wird auch eindeutig in der **WHO Information** *„Notice for IVD Users 2020/05, Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2“* vom 13.01.2021 (veröffentlicht am 20.01.2021 unter <https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>) beschrieben: *„Wenn die Testergebnisse **nicht mit dem klinischen Bild** übereinstimmen, sollte eine neue Probe entnommen und mit der gleichen oder einer anderen NAT-Technologie erneut getestet werden.“* - **im Original:** *„Where test results do not correspond with the clinical presentation, a new specimen should be taken and retested using the same or different NAT technology.“*

Ferner: *„Die meisten PCR-Assays sind als Hilfsmittel für die Diagnose indiziert, daher müssen Gesundheitsdienstleister jedes Ergebnis in Kombination mit dem Zeitpunkt der Probenentnahme, dem Probentyp, den Assay-Spezifika, **klinischen Beobachtungen, der***

Patientenanamnese, dem bestätigten Status aller Kontakte und epidemiologischen Informationen berücksichtigen.“ Im Original: *“Most PCR assays are indicated as an aid for diagnosis, therefore, health care providers must consider any result in combination with timing of sampling, specimen type, assay specifics, clinical observations, patient history, confirmed status of any contacts, and epidemiological information”*

4.6. Publikation in Lancet

Auch in einer **Publikation in Lancet**

([https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(21\)00425-](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)00425-6/fulltext#%20)

[6/fulltext#%20](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)00425-6/fulltext#%20)) bezeichnen die Autoren den RT-qPCR Test wie folgt: **“Unserer Ansicht nach ist der aktuelle PCR-Test daher nicht der geeignete Goldstandard für die Bewertung eines SARS-CoV-2-Tests für die öffentliche Gesundheit“** Im Original: *„In our view, current PCR testing is therefore not the appropriate gold standard for evaluating a SARS-CoV-2 public health test”*, da ihrer Meinung nach die PCR auch dann noch positiv anschlägt, wenn die Getesteten schon nicht mehr positiv sind, da die RNA über Wochen und Monate auch nach erfolgreicher Bekämpfung durch das Immunsystem weiter im Körper persistieren kann, ohne dass die Person noch ansteckend ist. *„Sobald die Replikation von SARS-CoV-2 durch das Immunsystem unter Kontrolle gebracht wurde, sinken die mittels PCR in den Atemwegssekreten nachweisbaren RNA-Konzentrationen auf sehr niedrige Werte, bei denen es sehr viel unwahrscheinlicher ist, dass die Betroffenen andere infizieren. Die verbleibenden RNA-Kopien können Wochen, gelegentlich auch Monate, benötigen, bis sie verschwunden sind, während dieser Zeit bleibt die PCR positiv“* im Original: *„Once SARS-CoV-2 replication has been controlled by the immune system, RNA levels detectable by PCR on respiratory secretions fall to very low levels when individuals are much less likely to infect others. The remaining RNA copies can take weeks, or occasionally months, to clear, during which time PCR remains positive”*

4.7. Aussagen von Christian Drosten

4.7.1 Gerichtsgutachten Drosten

In seinem **Gutachten vom April 21 für ein Gericht** in Heidelberg (Anonymisiert hier einzusehen: <https://www.corodok.de/wp-content/uploads/2021/05/Gutachten-Prof.-Drosten-v.-31.3.2021-anonymisiert.pdf>) bestätigt der **Fachgutachter C. Drosten**, dass ein RT-PCR Test auch dann positiv werden kann, wenn **„zumindest der nachzuweisende Abschnitt aus dem Erbgut des Virus in der getesteten Probe vorliegt.“** , bedeutet: auch Erbgutfragmente können, ohne dass sie aus einem intakten, vermehrungsfähigem Virus stammen, bereits in er PCR positive Ergebnisse liefern, damit auch in nicht infektiösen Proben einen vermeintlichen Virusnachweis erbringen.

4.7.2. NDR Podcast 94

In seinem **NDR Podcast 94** vom 22.06.2021 (<https://www.ndr.de/nachrichten/info/coronaskript306.pdf>) Seite 16 geht C. Drosten auf den Zusammenhang Ct-Wert und Infektiosität wie folgt ein: „....dass ein Fall, nur weil der Patient in diesem Moment **einen hohen Ct-Wert hat, also weil er vielleicht nicht infektiös ist jetzt im Moment, also der hat wenig Virus, der hat Virus, aber der hat wenig Virus,....**“

4.7.3. Publikation in Science

In einer **Publikation in Science** unter Federführung von C. Drosten vom Mai 2021 (DOI: [10.1126/science.abi5273](https://doi.org/10.1126/science.abi5273)), in welcher die Infektiosität von SARS-CoV-2 untersucht wird, definieren die Autoren gleich im ersten Satz des Abstractes die Parameter für die Quantifizierung und mögliche Weitergabe des Virus als „.... sind die Virale Last und ob die Proben ein vermehrungsfähiges Virus Isolat in Zellkultur enthalten“ Im Original: „....are viral load and whether samples yield a replicating virus isolate in cell culture.“ Sie führen in der Einleitung ferner aus, dass die virale Last über die virale RNA-Konzentration ermittelt wird und die erfolgreiche Virusisolation in Zellkulturansätzen. Ferner weisen sie darauf hin, dass selbst die **„Viruslast und die Zellkulturinfektiosität nicht direkt auf die Infektiosität in vivo übertragen werden können und der Einfluss des sozialen Kontextes und des Verhaltens auf die Übertragung sehr hoch ist, kann man im Allgemeinen davon ausgehen, dass diese quantifizierbaren Parameter am ehesten mit der Übertragungswahrscheinlichkeit in Verbindung gebracht werden.“**

Im Original: „ While viral load and cell culture infectivity cannot be translated directly to in vivo infectiousness, and the impact of social context and behavior on transmission is very high, these quantifiable parameters can generally be expected to be those most closely associated with transmission likelihood“ .

5. Fazit und Zusammenfassung

Zur Aussagekraft der PCR (als PCR, RT-PCR oder RT-qPCR) Tests zur Erkennbarkeit einer Infektiosität mit dem Coronavirus SARS-CoV-2

1. Vor dem Hintergrund der hier dargelegten Probleme und technischen Limitationen ist die PCR in allen Formen (PCR, RT-PCR oder RT-qPCR) nur geeignet, Genomfragmente nachzuweisen und kein geeignetes zuverlässiges (und zugelassenes) Diagnostikumittel zum Nachweis von intakten, infektiösen (replikationsfähigen) SARS-CoV-2 Viren.
2. Diese molekulare Technik kann daher niemals als Nachweis dienen, ob eine Person infektiös ist, denn dies würde voraussetzen, dass intakte (infektiöse) Erreger in ausreichender Menge vorhanden sind UND abgegeben werden.
3. Ferner ist das reine PCR Testergebnis nur ein Laborwert, der angesichts der dargelegten Aspekte nur in Zusammenschau mit einer klinischen Symptomdiagnose (erhoben durch Gesundheitsdienstleister, in Deutschland Mediziner) überhaupt zur Abschätzung einer möglichen Virusinfektion eingesetzt werden darf.

Zusammenfassung:

Eine PCR kann ein hilfreiches Diagnostikumittel sein, um eine Verdachts- oder Differentialdiagnose abzusichern, ABER:

Zur Testung asymptomatischer und selbst symptomatischer Menschen anhand eines Nasen-Rachenabstrichs, wie er massenweise unkritisch und überwiegend von nicht-medizinischen Personal OHNE (hierbei entscheidend: entgegen der WHO-Forderung!) Anamnese- und Symptomerhebung bei den Getesteten erfolgt, **ist die eingesetzte PCR in jeglicher Form (RT-PCRT; RT-qPCR) nicht tauglich, eine Infektion und vor allem eine Infektiosität mit SARS-CoV-2 oder anderen Viren/Krankheitserregern zu erkennen.**