

## Revisión de informe Corman-Drosten

### 10 fallos científicos importantes del test PCR a nivel molecular y metodológico.

INFORME COMPLETO ORIGINAL : <https://cormandrostenreview.com>

Extracto traducido: [periodistasporlaverdad.com](https://periodistasporlaverdad.com)

El Informe de revisión Corman-Drosten et al. Eurosurveillance 2020 se presentó oficialmente al consejo editorial de Eurosurveillance el 27 de noviembre de 2020 a través de su portal de envío, adjunto a este informe de revisión hay una carta de solicitud de retractación, firmada por todos los autores principales y coautores.

#### AUTORES, COAUTORES Y FIRMANTES

**Dr. Pieter Borger** (MSc, PhD), Genética Molecular, W + W Research Associate, Lörrach, Alemania | **Rajesh Kumar Malhotra** Visualizaciones científicas en CeMM – Centro de Medicina Molecular de la Academia de Ciencias de Austria (2019-2020) | **Dr. Michael Yeadon** BS (Hons) Biochem Tox U Surrey, PhD Farmacología U Surrey. Director General, Yeadon Consulting Ltd, ex Científico Jefe de Pfizer, Reino Unido | **Dr. Clare Craig MA**, (Cantab) BM, BCh (Oxon), FRCPath, Reino Unido | **Kevin McKernan**, BS Emory University, director científico, fundador de Medical Genomics, diseñó el proceso de secuenciación en WIBR / MIT para el Proyecto del Genoma Humano, inventó y desarrolló el secuenciador SOLiD, obtuvo patentes relacionadas con PCR, aislamiento y secuenciación de ADN, EE. UU | **Prof.Dr. Klaus Steger**, Departamento de Urología, Urología y Andrología Pediátrica, Andrología Molecular, Centro de Investigación Biomédica de la Universidad Justus Liebig, Giessen, Alemania | **Dr. Paul McSheehy** (BSc, PhD), bioquímico y farmacólogo industrial, Loerrach, Alemania | **Dra. Lidiya Angelova**, MSc en Biología, PhD en Microbiología, Ex investigadora del Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas (NIAID), Maryland, EE. UU | **Dr. Fabio Franchi**, Ex Dirigente Medico (MD) en un Pabellón de Enfermedades Infecciosas, especializado en "Enfermedades Infecciosas" y "Higiene y Medicina Preventiva", Società Scientifica per il Principio di Precauzione (SSPP), Italia | **Dr. med. Thomas Binder**, internista y cardiólogo (FMH), Suiza | **Prof.Dr. med. Henrik Ullrich**, especialista en Radiología diagnóstica, Médico Jefe del Centro de Radiología del Hospital Collm Oschatz, Alemania | **Prof.Dr. Makoto Ohashi**, Profesor emérito, PhD en Microbiología e Inmunología, Universidad de Tokushima, Japón | **Dr. Stefano Scoglio**, B.Sc. Ph.D., microbiólogo, nutricionista, Italia | **Dr. Marjolein Doesburg-van Kleffens** (MSc, PhD), especialista en Medicina de laboratorio (química clínica), Maasziekenhuis Pantein, Beugen, Países Bajos | **Dra. Dorothea Gilbert** (MSc, PhD), PhD Química Ambiental y Toxicología. Servicios de consultoría DGI, Oslo, Noruega | **Dr. Rainer J. Klement**, PhD. Departamento de Oncología Radioterápica, Hospital Leopoldina Schweinfurt, Alemania | **Dra. Ruth Schrufer**, PhD, genética / inmunología humana, Munich, Alemania | **Dra. Berber W. Pieksma**, médico general, Países Bajos | **Dr. med. Jan Bonte** (GJ), neurólogo consultor, Países Bajos | **Dr. Bruno H. Dalle Carbonare** (biólogo molecular), especialista en PI, BDC Basel, Suiza | **Dr. Kevin P. Corbett**, MSc Nursing (Kings College London) PhD (London South Bank) Ciencias sociales (Estudios de ciencia y tecnología) Londres, Inglaterra, Reino Unido | **Prof.Dr. Ulrike Kämmerer**, especialista en Virología / Inmunología / Biología Humana / Biología Celular, Hospital Universitario de Würzburg, Alemania. INTERNATIONAL CONSORTIUM OF SCIENTISTS IN LIFE SCIENCES (ICSLS).

#### OBJETO DE LA REVISIÓN

El protocolo de pruebas PCR que actualmente se está utilizando para la detección y el diagnóstico de SARS-CoV-2, se basa en las indicaciones expuestas en Eurosurveillance a través de documento: *"Detección del nuevo coronavirus 2019 (2019-nCoV) por RT-PCR en tiempo real"* 25 (8) 2020.

En este estudio los autores presentan un flujo de trabajo diagnóstico y un protocolo RT-qPCR para la detección y diagnóstico de 2019-nCoV, que afirman estar validando como una metodología de diagnóstico sólida para su uso en entornos de laboratorio de salud pública.

El protocolo publicado sufre numerosos errores técnicos y científicos, incluido un diseño de cebador insuficiente, un protocolo RT-qPCR problemático e insuficiente y la ausencia de una validación de prueba precisa.

El nuevo Coronavirus SARS-CoV-2 (en la publicación denominada 2019-nCoV y en febrero de 2020 denominada SARS-CoV-2 por un consorcio internacional de expertos en virus) se basa en secuencias in silico (teóricas), suministrado por un laboratorio en China [1], porque en ese momento los autores no disponían de material de control del SARS-CoV-2 infeccioso ("vivo") o inactivado ni del ARN genómico aislado del virus. Hasta la fecha, la autoría no ha realizado ninguna validación basada en virus SARS-CoV-2 aislados o ARN de longitud completa de los mismos. Para desarrollar una metodología de prueba de RT-PCR e identificar el virus mencionado, se utilizó un modelo basado en la suposición de que el nuevo virus es muy similar al SARS-CoV de 2003 ya que ambos son beta-coronavirus.

#### El documento de Corman-Drosten en el que se basan las pruebas PCR contiene los siguientes errores específicos:

1. No existe una razón específica para utilizar estas concentraciones extremadamente altas de cebadores en este protocolo. Las concentraciones descritas conducen a un aumento de las uniones inespecíficas y

amplificaciones del producto de PCR, lo que hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.

2. Seis posiciones oscilantes no especificadas introducirán una enorme variabilidad en las implementaciones de laboratorio del mundo real de esta prueba; la descripción confusa e inespecífica en el documento de Corman-Drosten no es adecuada como protocolo operativo estándar, lo que hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
3. La prueba no puede discriminar entre el virus completo y los fragmentos virales. Por lo tanto, la prueba no se puede utilizar como diagnóstico para virus intactos (infecciosos), lo que hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2 y hacer inferencias sobre la presencia de una infección.
4. Una diferencia de 10 ° C con respecto a la temperatura de hibridación Tm para el par de cebadores1 (RdRp\_SARSr\_F y RdRp\_SARSr\_R) también hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
5. Un error grave es la omisión de un valor Ct en el que una muestra se considera positiva y negativa. Este valor Ct tampoco se encuentra en las presentaciones de seguimiento, lo que hace que la prueba no sea adecuada como una herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
6. Los productos de PCR no se han validado a nivel molecular. Este hecho hace que el protocolo sea inútil como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
7. La prueba de PCR no contiene un control positivo único para evaluar su especificidad para el SARS-CoV-2 ni un control negativo para excluir la presencia de otros coronavirus, lo que hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el SARS-CoV-2. Virus.
8. El diseño de prueba en el documento de Corman-Drosten es tan vago y defectuoso que uno puede ir en docenas de direcciones diferentes; nada está estandarizado y no hay POE. Esto cuestiona en gran medida la validez científica de la prueba y la hace inadecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
9. Lo más probable es que el artículo de Corman-Drosten no haya sido revisado por pares, lo que hace que la prueba no sea adecuada como herramienta de diagnóstico específica para identificar el virus SARS-CoV-2.
10. Encontramos graves conflictos de interés para al menos cuatro autores, además de que dos de los autores del artículo de Corman-Drosten (Christian Drosten y Chantal Reusken) son miembros del consejo editorial de Eurosurveillance.
11. Se agregó un conflicto de intereses el 29 de julio de 2020 (Olfert Landt es CEO de TIB-Molbiol; Marco Kaiser es investigador senior en GenExpress y se desempeña como asesor científico de TIB-Molbiol), que no se declaró en la versión original (y aún lo es falta en la versión de PubMed); TIB-Molbiol es la empresa que fue "la primera" en producir kits de PCR (Light Mix) basados en el protocolo publicado en el manuscrito de Corman-Drosten, y según sus propias palabras, distribuyeron estos kits de prueba de PCR antes de que se publicara la publicación. incluso presentado [20]; Además, Victor Corman y Christian Drosten no mencionó su segunda afiliación: el laboratorio de pruebas comerciales «Labor Berlin». Ambos son responsables del diagnóstico de virus allí [21] y la empresa opera en el ámbito de las pruebas de PCR en tiempo real.

## **CONCLUSIÓN:**

**La revisión por pares externos de la prueba RT-PCR para detectar el SARS-CoV-2 revela 10 fallas científicas importantes a nivel molecular y metodológico: consecuencias de los resultados falsos positivos. Los errores de diseño descritos aquí son tan graves que es muy poco probable que se produzca una amplificación específica del material genético del SARS-CoV-2 utilizando el protocolo del documento de Corman-Drosten.**

A la luz de nuestro reexamen del protocolo de prueba para identificar el SARS-CoV-2 descrito en el documento de Corman-Drosten, hemos identificado errores y falacias inherentes que hacen que la prueba de PCR del SARS-CoV-2 sea inútil.

*¿No le conviene a Eurosurveillance retractarse de este documento?* Nuestra conclusión es clara. A la vista de todos los tremendos defectos y errores de diseño del protocolo de PCR descritos aquí, concluimos: No queda mucha elección en el marco de la integridad y la responsabilidad científicas.

**Informe completo traducido:**

<https://periodistasporlaverdad.com/informe-de-revision-corman-drosten-et-al-eurosurveillance-2020/>