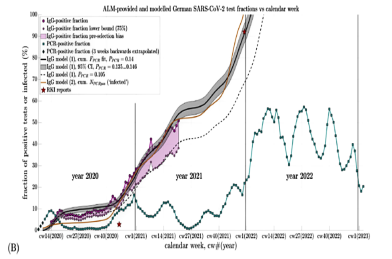

FIGURE 1
(A) Weekly counts of total SARS-CoV-2 PCR and IgG antibody tests conducted by ALM Laboratories in Germany from 2020 to 2022, along with their respective positive share. The left vertical axis applies to IgG test counts; the right vertical axis applies to PCR test counts. The time axis (abscissa) begins at calendar week 08 of 2020 (cw08/2020), which also applies to subfigure (B). (B) Percent positive rates (fractions of positive tests relative to total tests) calculated from the data in (A) are shown for both PCR and IgG tests, represented by the topmost and fourth entries in the legend, respectively. The second and third entries depict a lower-bound estimate of the IgG-positive fraction, visualizing potential data uncertainty due to pre-selection effects (e.g., symptom-based testing). A maximum potential bias factor of 75% is estimated based on Tancredi et al. (33, Figure 2). The fifth item shows three linearly back-extrapolated data points extending the PCR-positive fraction to cw08/2020). The sixth item (black line) represents the best-fit IgG-positive fraction based on Equation 1 using $P_{FN} = 0.14$. The seventh item (grey shaded area) corresponds to the 95% confidence interval around this optimal fit. The eighth item (black dashed line) shows the fit to the lower-bound IgG-positive estimate using $P_{FN} = 0.105$. The ninth item (orange line) displays the estimated fraction of SARS-CoV-2-infected individuals according to Equation 2, with three of four parameters derived from the literature and one (non-sensitive) initial value reasonably assumed as representative of early infection levels. The tenth item (red stars) indicates two IgG-positive (or infection) prevalence estimates reported by the RKI (31, 32, 34, 35).

Nur 14 % all derer mit positivem PCR-Corona-Test wirklich infiziert

Description

Unsere neue Studie beweist: Nur 14 % all derer, die mit einem positiven PCR-Corona-Test als â??Infizierteâ?? Nachteile erleiden mussten, waren wirklich infiziert

WÃ¤hrend der unseligen Corona-Jahre mussten wir alle, manche tÃ¤glich, Nasen- oder Rachenabstriche mit anschlieÃ?endem PCR-Test Ã¼ber uns ergehen lassen, verbunden mit dem bangen Warten: Ist er positiv? Kann ich nun doch nicht reisen, in die Arbeit, in die Uni, ins Restaurant, zum Treffpunkt? Sogar das Infektionsschutzgesetz schreibt diese TestmodalitÃ¤t fest. Wir zeigen in unserer neuen Studie [1], die vor Kurzem in *Frontiers in Epidemiology* erschienen ist: Nur bei 14 % derjenigen, die mit PCR-Test positiv getestet wurden und daher oftmals irgendeine Form der EinschrÃ¤nkung erleben mussten, lag tatsÃ¤chlich eine manifeste Infektion vor.

Dies lÃ¤sst sich aus einem Vergleich der Daten ableiten, die mit einem PCR-Test erhoben wurden und mit einem IgG-AntikÃ¶rpertest. Die von Kary Mullis [2] in den 80er-Jahren erfundene â??polymerase chain reactionâ?? (PCR), wofÃ¼r er den Nobelpreis erhielt, verwendet winzige Schnipsel irgendeiner Gensequenz und sucht in einer Probe nach dem passenden GegenstÃ¼ck. Und wenn sie auch nur ein einziges solches GegenstÃ¼ck findet, dann amplifiziert sie diese so oft man will bzw. das System dazu anhÃ¤lt. Das funktioniert Ã¼ber Zyklen von Wiederholungen. Einer Laborweisheit zufolge, habe ich mir von Spezialisten sagen lassen, macht man das normalerweise nicht mehr als 20-mal, weil sonst die Gefahr einer falsch positiven Aussage zu groÃ? wird. Man wÃ¼rde dann behaupten, dass bei jemandem oder in einer Probe eine bestimmte Gensequenz gefunden wurde, obwohl sie nicht wirklich drin ist. Diese sog. Cycle-Threshold, also Zyklenschwelle, CT abgekÃ¼rzt, gehÃ¶rt daher zwingend zu einem PCR-Test dazu. Denn sie gibt Auskunft darÃ¼ber, wie hÃ¤ufig man die originale Probe vervielfÃ¤ltigen muss, um etwas zu finden. Kann sich jemand daran erinnern, dass ein CT-Wert auf dem PCR-Test angegeben wurde, der uns ausgehÃ¤ndigt wurde? Nein? Richtig. Denn er wurde fast nie angegeben. Man weiÃ? aber aus verschiedenen Studien, dass deutsche Labore in ihrer GrÃ¼ndlichkeit mit CT-Werten von 30 bis 35, manchmal sogar bis 40 gearbeitet habe (Nachweise in unserer Publikation). Daher war die Gefahr falsch positiver Ergebnisse sehr hoch.

Und genau das beweisen wir mit unserer Studie. Die Daten haben meine Kollegen Michael GÃ¼nther, Biophysiker, und Robert Rockenfeller, Mathematiker, von der Webseite der â??Akkreditierten Labore in der

Â© Prof. Harald Walach

Medizinâ?? (ALM) heruntergeladen und gesichert, und ich habe ein bisschen bei der Interpretation mitgeholfen. Interessanterweise sind diese ALM-Daten meines Wissens mittlerweile nicht mehr ausfindig zu machen. Aber wer nachrechnen will, kann sie im Zusatzmaterial zu dieser Publikation finden. Damals, als meine Kollegen mit der Studie begonnen haben, waren diese Daten Ã¶ffentlich verfÃ¼gbar. Dieser Verbund von Laboren verarbeitete etwa 90 % aller PCR- und IgG-Tests in Deutschland.

PCR-Tests geben also Auskunft, ob jemand mit einem bestimmten Gen-Schnipsel in Kontakt gekommen ist. Schon Kary Mullis hat damals davor gewarnt, seinen Test leichtsinnig einzusetzen. Man kÃ¶nne damit alles in allem finden, wenn man lange genug sucht, hat er mal sinngemÃ¤Ã? gesagt. Ich empfehle die LektÃ¼re der Autobiografie [2] dieses Biochemie-Genies. Kleines Bonmot am Rande: Kollegen versuchten, diese Autobiografie auf Deutsch zu publizieren. Die Witwe gab aber die Rechte nicht frei. Sie hatte offenbar kurz zuvor Besuch von irgendwelchen Diensten erhalten, die ihr nahelegten, die Sache ruhen zu lassen. SchlieÃ?lich war Mullis praktischerweise im September 2019 gestorben und konnte also keine Kommentare mehr zur missbrÃ¤uchlichen Verwendung seines Tests in der Corona-Pandemie abgeben.

Die Gen-Schnipsel, die der Test findet, kÃ¶nnen von einer Infektion stammen. Das ist dann wahrscheinlich, wenn man schon bei einer niedrigen Zykluszahl der Kettenreaktion eine deutliche Vermehrung sieht, wenn also relativ viel Ausgangsmaterial vorhanden ist. Sie kÃ¶nnen von einer Ã¼berstandenen Infektion stammen. Sie kÃ¶nnen aber auch von den Badeschlappen des Laboranten stammen, der die Abstriche gemacht hat, oder aus der Luft, in der die Abstriche gemacht wurden, oder von einer ganzen Reihe anderer indirekter und irrelevanter Quellen. Sie deuten nicht auf eine Infektion hin, sondern auf Kontakt mit Genmaterial.

Wenn jemand eine Infektion hat und vor allem, wenn diese Infektion systemisch wird, also den ganzen Organismus betrifft, dann schlÃ¤gt das Immunsystem Alarm. Man kann nicht oft genug betonen, dass Atemwegsinfektionen vor allem an den SchleimhÃ¤uten abgewehrt werden. DafÃ¼r zustÃ¤ndig sind neben dem unspezifischen Immunsystem vor allem IgA-AntikÃ¶rper, die vor allem auf den Zellen der Schleimhaut anzutreffen sind. Sie sorgen normalerweise dafÃ¼r, dass die Infektion nicht tiefer in den KÃ¶rper eindringt. Drum haben wir dann vielleicht ein bisschen Schnupfen und schleimen herum. Wenn die Infektion ernster wird, kÃ¶nnen im Blut IgG-AntikÃ¶rper gefunden werden. Sie deuten darauf hin, dass unser Immunsystem auf ein spezifisches infektiÃ¶ses Agens, ein Antigen, reagiert und AntikÃ¶rper produziert hat. Sie sind also ein klarer Nachweis fÃ¼r eine Infektion, weil sie spezifisch fÃ¼r ein bestimmtes Antigen sind.

Wir lassen auÃ?er Acht, dass solche AntikÃ¶rper, vor allem wenn sie aus einer natÃ¼rlichen Immunreaktion stammen, oft auch KreuzimmunitÃ¤t auslÃ¶sen, also gegen eine grÃ¶Ã?ere Gruppe von Ã¤hnlichen Antigenen wirksamen Schutz bieten. Das ist im Ã?brigen einer der GrÃ¼nde dafÃ¼r, dass viele Menschen, die mit SARS-CoV-2 in Kontakt gekommen sind, trotzdem nicht erkrankt sind. Denn in unseren Breiten hatten praktisch alle Menschen vom Kindergartenalter an Kontakt mit allen mÃ¶glichen Corona-Viren und der vorhandene AntikÃ¶rperschutz scheint sich generalisiert zu haben. Studien haben gezeigt, dass schon in der Anfangsphase der Corona-Pandemie mindestens 45 % der getesteten Blutproben aus der Vor-Corona-Zeit Immunreaktionen gegen SARS-CoV-2 erzeugten, eben weil diese KreuzimmunitÃ¤t vorhanden war [3, 4].

IgG-Tests geben also relativ spezifisch Auskunft darÃ¼ber, wer wirklich mit einem SARS-CoV-2 Virus infiziert wurde. Die Basis fÃ¼r diese Studie war nun eine einfache Ã?berlegung:

Wenn die gleichen Labore sowohl PCR-Tests auswerten, als auch IgG-Tests, dann mÃ¼ssten die Zahlen der als positiv gemeldeten Probanden irgendwie in einer engen Beziehung zueinander stehen, wenn man verschieden technische Details berÃ¼cksichtigt: z. B. dass es mindestens 7â??10 Tage dauert, bis sich eine antikÃ¶rpervermittelte ImmunitÃ¤t aufbaut; dass vielleicht mehr PCR-Tests gemacht werden als IgG-Tests; dass sich manche vielleicht Ã¶fter testen lassen, etc.

Â© Prof. Harald Walach

Meine Kollegen errechneten daher den Prozentsatz aller positiven PCR-Tests pro Woche und den Prozentsatz aller positiven IgG-Tests pro Woche (verschoben um die nÃ¶tige Latenzzeit) aus den vorhandenen Daten. Setzt man diese beiden Kurven mathematisch in Beziehung, dann erhÃ¤lt man eine Funktion, aus der man den Prozentsatz derer ablesen kann, die gleichzeitig positive Testergebnisse in beiden Tests hatten. Das waren 14 %. Das Konfidenzintervall ist eng (13,5 % â?? 14,5 %). Die SchÃ¤tzung ist also sehr gut.

Den wichtigen Teil B der originalen Grafik, die diese Beziehungen zeigt, gebe ich hier wieder (Abbildung; Teil A zeigt die originalen Daten von ALM und ist in der Publikation enthalten).

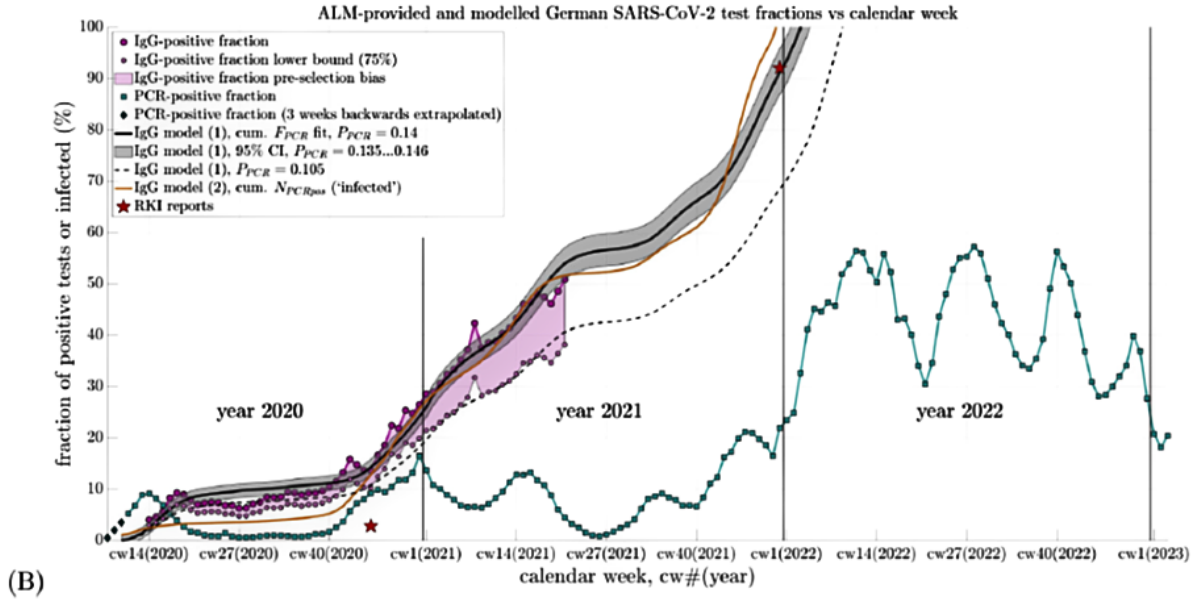

FIGURE 1
(A) Weekly counts of total SARS-CoV-2 PCR and IgG antibody tests conducted by ALM Laboratories in Germany from 2020 to 2022, along with their respective positive share. The left vertical axis applies to IgG test counts; the right vertical axis applies to PCR test counts. The time axis (abscissa) begins at calendar week 08 of 2020 [cw08(2020)], which also applies to subfigure (B). (B) Percent positive rates (fractions of positive tests relative to total tests) calculated from the data in (A) are shown for both PCR and IgG tests, represented by the topmost and fourth entries in the legend, respectively. The second and third entries depict a lower-bound estimate of the IgG-positive fraction, visualizing potential data uncertainty due to pre-selection effects (e.g., symptom-based testing). A maximum potential bias factor of 75% is estimated based on Tancredi et al. (33, Figure 2). The fifth item shows three linearly back-extrapolated data points extending the PCR-positive fraction to cw08(2020). The sixth item (black line) represents the best-fit IgG-positive fraction based on Equation 1 using $P_{PCR} = 0.14$. The seventh item (grey shaded area) corresponds to the 95% confidence interval around this optimal fit. The eighth item (black dashed line) shows the fit to the lower-bound IgG-positive estimate using $P_{PCR} = 0.105$. The ninth item (orange line) displays the estimated fraction of SARS-CoV-2-infected individuals according to Equation 2, with three of four parameters derived from the literature and one (non-sensitive) initial value reasonably assumed as representative of early infection levels. The tenth item (red stars) indicates two IgG-positive (or infection) prevalence estimates reported by the RKI (31, 32, 34, 35).

Diese Abbildung B gibt den Anteil der PCR-Positiven (grÃ¼ne Quadrate) je Woche, den Anteil der IgG-Positiven (groÃ?e lila Kreise) und den 75%igen unteren Bereich der IgG-Positiven (kleine lila Kreise) an. Die schwarze Kurve ist das mathematische Modell, das aus dem Zusammenhang der IgG-Daten und den PCR-Daten gewonnen wurde und das mit dem Parameter von 14 % arbeitet ($P_{pcr} = 0,14$). Die gelbe Kurve stammt aus einem zweiten Validierungsmodell und zeigt, dass die beiden Kurven relativ Ã¤hnlich sind. Die schattierte graue FlÃ¤che gibt das 95%-Vertrauensintervall der ParameterschÃ¤tzung von 14 % an. Unten auf der x-Achse sind die Wochen abgetragen (notiert als â??calendar week (CW)â?? mit der Zahl und dem zugehÃ¶rigen Jahr). Auf der y-Achse ist der Prozentsatz der Positiven je Woche angegeben. Die Sterne sind Daten aus RKI-Berichten. Die schwarze gepunktete Linie ist die Extrapolation eines Modells, bei dem nur 10 % der PCR-Positiven auch IgG positiv sind, also eine schlechtere SchÃ¤tzung.

Um zu sehen, ob die angepassten Kurven die Wirklichkeit gut abbildeten, wurden sie auch Ã¼ber die vorhandenen Daten hinaus extrapoliert und mit Werten verglichen, die das RKI Ã¼ber die Anzahl der positiven

Â© Prof. Harald Walach

IgG-Tests zu verschiedenen spÃ¤teren Zeitpunkten verÃ¶ffentlichte. Diese Werte wurden von der mathematischen Kurvenanpassung fast perfekt vorhergesagt. AuÃ?erdem verwendeten meine Kollegen noch ein weiteres publiziertes Modell zur Validierung.

Man kann einige wichtige SchlÃ¼sse aus dieser Studie ziehen; diese wurden von meinen Kollegen kÃ¼rzlich in einem Interview mit dem Multipolar-Magazin verdeutlicht. Der Wichtigste ist sicher: PCR-Tests sind ungeeignet, um Infektionen nachzuweisen. Das haben viele immer wieder gesagt. Jetzt wissen wir definitiv: nur 14 % oder jeder siebte positiv mit PCR Getestete zeigt auch eine positive IgG-Antwort und ist damit infiziert worden. Die Konsequenz sollte sein, dass die Forderung nach PCR-Tests eingestellt wird, dass dieses Instrumentarium als Entscheidungskriterium fÃ¼r InfektiositÃ¤t aus dem Infektionsschutzgesetz gestrichen wird und dass nachtrÃ¤glich alle juristischen Entscheide, die auf diesem Kriterium basierten revidiert werden.

Ein weiterer wichtiger Schluss ist der: Gegen Ende 2020 waren knapp 30 % mit dem Virus in BerÃ¼hrung gekommen, ohne dass es eine Katastrophe gegeben hat. Die Analyse der MortalitÃ¤tsdaten, die meine Kollegen an anderer Stelle publiziert haben, zeigt: 2020 gab es keine Ã?bersterblichkeit und das vermeintliche â??Killervirusâ?? ist nicht in den Daten zu erkennen. Aber die â??Killerimpfungâ?? durchaus: eine Ã?bersterblichkeit stellte sich erst 2021 ein [5]. AuÃ?erdem zeigen die Daten: Am Ende von 2020, noch bevor die Impfkampagne startete, lag der Anstieg der Infektionen bei 1,8 % pro Woche. HÃ¤tte man also die natÃ¼rliche Infektion weiterschreiten lassen, dann wÃ¤ren gegen Ende 2021 knapp 94 % der BevÃ¶lkerung immun gewesen (52 * 1,8). Nach Beginn der Impfkampagne lag der Anstieg bei 1,1 % und Ende 2021 waren nach dem Modell 85 % der BevÃ¶lkerung immun. Das ist relativ nahe bei den 92 %, die das RKI berichtete.

Daraus ergeben sich zwei weitere interessante SchlÃ¼sse:

1. Man hÃ¤tte aufgrund der 2020 vorhandenen Daten darauf vertrauen kÃ¶nnen, dass innerhalb eines weiteren Jahres die gesamte BevÃ¶lkerung gegen das Virus immun sein wÃ¼rde, ohne dass ein groÃ?es Drama passiert, das ja bis Ende 2020 auch nicht eingetreten ist (und zwar nicht wegen Lockdown und Co, sondern trotz dieser MaÃ?nahmen). Das aggressive Bewerben der Impfung und die politische NÃ¶tigung waren komplett Ã¼berflÃ¼ssig.
2. Ende 2021 war praktisch eine komplette ImmunitÃ¤t in der BevÃ¶lkerung vorhanden. Das RKI wusste das und publizierte es. SpÃ¤testens dann hÃ¤tte man mit allen MaÃ?nahmen â?? NÃ¶tigung der BevÃ¶lkerung durch Lockdowns, SchlieÃ?ungen, Maskenzwang und Impfdruck â?? â??evidenzbasiertâ?? und auf Daten gestÃ¼tzt, aufhÃ¶ren kÃ¶nnen und auch mÃ¼ssen. Die Tatsache, dass das nicht passiert ist, zeigt: BevÃ¶lkerungsschutz war ein Vorwand fÃ¼r eine politische Agenda. DafÃ¼r sollten die Verantwortlichen aus meiner Sicht zur Rechenschaft gezogen werden.

Quellen und Literatur

1. GÃ¼nther M, Rockenfeller R, Walach H. A calibration of nucleic acid (PCR) by antibody (IgG) tests in Germany: the course of SARS-CoV-2 infections estimated. Frontiers in Epidemiology. 2025;Volume 5 â?? 2025. doi: https://doi.org/10.3389/fepid.2025.1592629.
2. Mullis K. Dancing Naked in the Mind Field. Lodon: Bloomsbury; 1998.
3. Mateus J, Grifoni A, Tarke A, Sidney J, Ramirez SI, Dan JM, et al. Selective and cross-reactive SARS-CoV-2 T cell epitopes in unexposed humans. Science. 2020;370(6512):89-94. doi: https://doi.org/10.1126/science.abd3871.

Â© Prof. Harald Walach

4. Ng KW, Faulkner N, Cornish GH, Rosa A, Harvey R, Hussain S, et al. Preexisting and de novo humoral immunity to SARS-CoV-2 in humans. Science. 2020:eabe1107. doi: https://doi.org/10.1126/science.abe1107.
5. Rockenfeller R, GÃ¼nther M, MÃ¶rl F. Reports of deaths are an exaggeration: All-cause and NAA-test-conditional mortality in Germany during the SARS-CoV-2 era. Royal Society Open Science. 2023;10:221551. doi: https://doi.org/10.1098/rsos.221551.

Date Created
10.11.2025

Â© Prof. Harald Walach