



Donnerstag, 26. März 2020, 18:55 Uhr
~10 Minuten Lesezeit

Der Fluch der PCR- Methode

Wissenschaftliche Anmerkungen zu den Argumenten des Dr. Wolfgang Wodarg zur COVID-19-Hysterie.

von Johannes Kreis
Foto: Africa Studio/Shutterstock.com

Mehrere Naturwissenschaftler halten die Argumente von Dr. Wolfgang Wodarg für valide. Insbesondere der

sogenannte PCR-Test sei kritisch zu hinterfragen. Rubikon veröffentlicht ihre Expertise exklusiv – und bittet um Verbreitung.

Es sollen hier einige Anmerkungen zur COVID-19-Kritik gemacht werden, wie sie unter anderem von Dr. Wolfgang Wodarg vorgetragen wurde, vergleiche

Wolfgang Wodarg, „Die Panikmacher - Die Medien schüren zum Coronavirus die Angst.“, Rubikon News, 14. März 2020, <https://www.rubikon.news/artikel/die-panikmacher> (<https://www.rubikon.news/artikel/die-panikmacher>)

Um besser zu verstehen, was Dr. Wodarg sagt, sollte man die Eigentümlichkeiten der PCR-Methode kennen. Die Argumente von Dr. Wodarg gehen weiter und umfassen entsprechend seiner jahrelangen Expertise wichtige epidemiologische Aspekte. Es soll hier zunächst der PCR-Aspekt herausgegriffen werden.

Hinweis: Die **Webseite von Dr. Wodarg** (<https://www.wodarg.com/>) enthält weitere Detailinformationen und ist teilweise auf Englisch verfügbar, unter anderem auch der folgende Link:

John P.A. Ioannidis, „A fiasco in the making? As the coronavirus pandemic takes hold, we are making decisions without reliable data“, Stat News, March 17, 2020, <https://www.statnews.com/2020/03/17/a-fiasco-in-the-making-as-the-coronavirus-pandemic-takes-hold-we-are-making-decisions-without-reliable-data/> (<https://www.statnews.com/2020/03/17/a-fiasco-in-the->

making-as-the-coronavirus-pandemic-takes-hold-we-are-making-decisions-without-reliable-data/)

Dr. Wodarg wurde für seine Kritik an den Regierungsmaßnahmen stark angegriffen. Zu Unrecht, denn es sind valide Argumente, die vernünftige Menschen vor (!) einer Entscheidung geprüft hätten. Es gibt keinen Grund, diese Argumente im Nachhinein zu diskreditieren, weil man glaubte, auf eine Diskussion verzichten zu können, und nun die von der Politik ergriffenen Maßnahmen zu drastisch für weitere Kritik sind.

Das betrifft die Kernkritik an der aktuellen Biomedizin: Weite Teile der Biomedizin leben von Vermutungen, die teilweise nicht einmal plausibel sind. Der Konsens zu einer Vermutung ersetzt in der Biomedizin regelmäßig den wissenschaftlichen Beweis.

Angriffe dieser Art, wie die gegen Herrn Dr. Wodarg, kennt man von anderen Themen, zum Beispiel der US-Opioide-Krise und der Glyphosat-Diskussion. Sie sind immer getrieben von dem Bestreben, keinen wissenschaftlichen Diskurs zu bequemen – und in der Regel profitablen – Annahmen zuzulassen. Der Angriff auf die Person ersetzt die Auseinandersetzung mit dem Argument und schreckt gleichzeitig andere ab. Aufgrund der Abhängigkeit von Gutachtern für die eigenen Forschungsanträge kann es sich kaum jemand aus dem laufenden Forschungsbetrieb leisten, kontroverse Positionen entgegen einer Konsens-Vermutung zu vertreten.

Die Unterdrückung von Kritik verletzt jeden wissenschaftlichen Standard und sie ist nie im Sinne des Patienten.

Die Eigentümlichkeit der PCR-Methode ist, dass sie nur das finden kann, wonach man sucht. Das ist anders als zum Beispiel beim Lichtmikroskop, das alles gleichzeitig (!) verstärkt, was Licht reflektiert. Gesucht wird bei der PCR mit sogenannten Primern. Davon gibt es immer 2, den Forward-Primer und den Reverse-

Primer. Dies sind 20 bis 40 Basen lange DNA-Einzelketten, also recht kurz. Sucht man nach RNA – wie bei SARS-CoV-2-V-, muss diese in der Probe erst in DNA übersetzt werden. Die resultierende cDNA wird dann mit PCR untersucht.

DNA besteht bei Raumtemperatur aus einem Doppelstrang, der außerhalb der Zelle wenig reaktiv ist. Mit Hilfe des Enzymes **DNA-Polymerase** (das P in PCR) wird DNA verdoppelt. Die Zelle tut dies bei der Zellteilung. Man hat danach 2 Doppelstränge.

Hier nun der PCR-Zyklus: Erhöht man die Temperatur teilt sich der Doppelstrang in 2 Einzelstränge. Jetzt können die Primer an den ihnen komplementären Stellen andocken. Und zwar der Forward-Primer an den einen Strang und der Reverse-Primer an den komplementären anderen Strang. An einem sehr kurzen Stück hat man jetzt jeweils wieder einen Doppelstrang bestehend aus Proben-Einzelstrang und Primer. Dieser Schritt entscheidet über die Spezifität von PCR. Docken die Primer an oder nicht?

Man kühlt nun die Probe ab und die DNA-Polymerase verlängert jetzt diese kurzen Stücke entlang des jeweiligen Einzelstrangs durch Einbau von Basen-Molekülen aus dem Medium. Man erhält danach wieder 2 vollständige Doppelstränge. Jetzt kann man den Schritt beziehungsweise den Zyklus wiederholen, also die Temperatur wieder erhöhen, um den Doppelstrang zu teilen, Primer andocken lassen, abkühlen und Primer entlang der Einzelstränge verlängern und so weiter, um 4 DNA Doppelstränge, 8, 16 und so weiter zu erzeugen (das CR in PCR – chain reaction – Kettenreaktion).

PCR ist ultra-**sensitiv**, das heißt, es lassen sich absurd niedrige Konzentrationen von DNA nachweisen. Andererseits ist die Methode nur mäßig **spezifisch**, weil PCR alles verstärkt, an das die Primer andocken können. Das ist der Fluch der PCR-Methode.

Hier spielt zum einen die Probenreinheit hinein. Ist die zu

untersuchende DNA ausreichend gereinigt, oder gibt es Reste von anderer DNA? Diese Reste können auch von benachbarten Spezies stammen, also hier von anderen Virenstämmen, die in der Probenpräparation nicht ausreichend entfernt worden sind. Zum anderen entscheidet über das Andocken der Primer nicht die Basenfolge der Primer alleine, obwohl dies ein wesentlicher Faktor ist, sondern die elektronische Struktur der Primer.

Es bedarf zudem eines sogenannten **Goldstandards**, das heißt einer von PCR unabhängigen Methode, um nachzuweisen, dass PCR das Richtige verstärkt. Das sind in der Regel serologische Tests, die allerdings bei Viren schwierig sind, da Viren teilweise schwer zu kultivieren und zu isolieren sind. Man ist deshalb in den letzten Jahren, auch mangels Alternativen, dazu übergegangen PCR zu seinem eigenen Goldstandard zu erklären. Das ist äußerst fragwürdig.

PCR ist dabei aber nicht so unspezifisch, dass es beliebige DNA-Stränge verstärken kann, sondern es muss ein hinreichender Match mit den Primern bestehen. Schaut man mit anderen Primern in dieselbe Probe, wird – in der Regel – ein anderer DNA-Strang verstärkt.

Meistens versucht man den Problemen dadurch auszuweichen, dass man mehrere unterschiedliche Primerpaare verwendet, die an unterschiedliche Stellen der zu untersuchenden DNA andocken sollen. Schwierig wird es, wenn sich in einer Probe pathogene (krankmachende) und harmlose Viren befinden, die gegebenenfalls ähnliche Gensequenzen aufweisen. Waren die Primer ausreichend spezifisch oder gibt es Kreuzreaktionen der harmlosen Viren mit den Primern für die mutmaßlich gefährlichen Viren?

Hier hilft häufig nur die Vermutung. Fragt man bei den Herstellern nach, kriegt man in der Regel die Aussage, dass die gekauften Primer sehr, sehr spezifisch sind.

Bemerkung 1: Das Thema Kreuzreaktionen in PCR-Tests geht in der Regel unter, da die meisten Veröffentlichungen dazu von den Herstellern selbst stammen. Das ist seit 20 Jahren so. Und es ist besonders schlimm bei den von der WHO empfohlenen PCR-Protokollen. Die WHO scheint von dem Wort Kreuzreaktion noch nie gehört zu haben. Das gibt es dort praktisch nicht.

Bemerkung 2: PCR kann nicht erkennen, ob Viren durch Antikörper neutralisiert sind. Ebenfalls kann PCR nicht erkennen, ob es sich um reproduzierfähige Viren handelt. In der Regel sind es auch nur Bruchstücke des Virengenoms, die durch PCR verstärkt werden.

Bemerkung 3: Ob man mit PCR etwas findet oder nicht hat nichts mit der Frage zu tun, ob die betreffende Spezies, zu der die untersuchte DNA (RNA) gehört, ursächlich für die Krankheit ist.

Bemerkung 4: PCR-Diagnostik ist ein Milliarden-Markt.

Nun zu den Anmerkungen zur COVID-19-Kritik von Dr. Wolfgang Wodarg.

1. Selektive Messungen an Kranken und Schwerkranken

Man misst derzeit den Einfluss des Roll-Outs der neuen Messmethodik der WHO (= neue Primer) in den Fallzahlen mit. Dies deshalb, weil die meisten Messergebnisse immer noch von kranken oder schwerkranken Menschen stammen und die wenigsten von gesunden oder symptomfreien Menschen. Damit ist die SARS-CoV-2 zugeschriebene Sterberate hoch. Neue Zahlen dazu aus China liegen deutlich unter dem von der WHO angegebenen Wert.

2. Suche mit PCR nach SARS-CoV-2

Es gibt jedes Jahr Viren-Wellen mit einer jahreszeitlichen Spitze im Winter. Daran sind in 5 bis 15 Prozent der Fälle klassische Coronaviren beteiligt.

Nickbakhsh et al., „Virus-virus interactions impact the population dynamics of influenza and the common cold“, PNAS December 26, 2019 116 (52) 27142-27150, <https://www.pnas.org/content/116/52/27142>
<https://www.pnas.org/content/116/52/27142>

Nach diesen kann man suchen, da man weiß, wie die PCR-Primer aussehen müssen.

Aber auch diese Viren mutieren und verändern sich. Damit sind es jedes Jahr etwas andere Coronaviren. Einerseits hat man nun in der Vergangenheit nicht mit den SARS-CoV-2-PCR-Primern gesucht, da man diese nicht kannte und im Einsatz hatte. Damit konnte man auch kein SARS-CoV-2 finden beziehungsweise den SARS-CoV-2-Primern zuordnen.

Andererseits kommt es auch bei PCR zu Kreuzreaktionen zwischen verschiedenen Coronaviren-Stämmen, sodass man nicht genau weiß, was man alles mitgemessen und den damals eingesetzten PCR-Primern zugeordnet hat.

Niemand weiß, wie die Menge aller Coronaviren aussieht. Das heißt, niemand kann sagen, ob es nicht schon früher SARS-CoV-2 gegeben hat, da niemand mit SARS-CoV-2-Primern danach gesucht hat oder ob man mit anderen klassischen Primern aufgrund von Kreuzreaktionen SARS-CoV-2 mitgemessen hat. Es ist naiv zu glauben, die Biomedizin wisse genau, was alles in den Zellen drin ist. Davon ist sie sehr weit entfernt.

Zu Kreuzreaktionen von Coronaviren siehe auch:

**Patrick et al., „An Outbreak of Human Coronavirus OC43 Infection and Serological Cross-reactivity with SARS Coronavirus“, *Can J Infect Dis Med Microbiol.* 2006 Nov; 17(6):330-6,
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18382647>
[\(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18382647>\)](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18382647)**

Diese Veröffentlichung unterstreicht zudem, dass auch klassische Coronaviren in einer älteren Population wie in einem Pflegeheim schwere Folgen haben können.

3. Zoonose-Hypothese

Dass SARS-CoV-2 neu ist, kann man mit PCR nicht beweisen. Und es ist völlig offen, welche Bedeutung der genetische Abstand zweier Virenarten hat. Für die Zoonose-Hypothese von SARS-CoV-2, die für eine erhöhte Pathogenität wichtig ist, weil das menschliche Immunsystem keine Zeit zur Adaption hatte, gibt es nicht den geringsten Beweis, sondern nur Mutmaßungen.

Dazu kommt die Frage, wieso bei einem neuen Erreger über 85 Prozent der bestätigten Fälle keine oder nur milde Symptome zeigen? Das spricht dafür, dass große Teile der Population an den Erreger angepasst sind, was gegen ein neues Pathogen spricht.

Der Umstand, dass innerhalb weniger Wochen(!) homologe Gensequenzen quer über den ganzen Planeten verteilt gefunden worden sind, ist ebenfalls kein Beweis für eine Zoonose. Im Gegenteil, wenn sich das Virus so einfach verbreitet, wieso sind die Infektionszahlen nicht schon früher noch viel höher gewesen? Man kann es deshalb auch so werten, dass das Virus Zeit hatte, sich zu verbreiten. In Wuhan wurde lediglich zuerst mit den neuen Primern

gemessen.

4. Ursache der Symptome

Es gibt eine Vielzahl von viralen Erregern, die leichte oder schwere Atemwegserkrankungen hervorrufen können, zum Beispiel Grippeviren. Die müsste man in allen Fällen jeweils mit PCR nachweisen oder eben nicht, um sie auszuschließen. Jedoch, wenn man nur nach SARS-CoV-2 mit PCR schaut, wird man auch nur das finden oder eben SARS-CoV-2 zuordnen. Ob SARS-CoV-2 (ausschließlich) ursächlich für die Atemwegserkrankung ist, lässt sich damit nicht sagen. Es gibt auch weiterhin Grippeviren. Dem Fieber oder Husten sieht man nicht an, welches Pathogen es war. Die molekulare Diagnose ist schwierig. Dies auch deshalb, weil eine Quantifizierung der Viruslast mit PCR sehr fehlerbehaftet ist. Die ungeheure Sensitivität von PCR kann auch winzigste Mengen, wenige Viren pro ml, verstärken. Das sind Mengen, die so gering sind, dass sie mit keinem akuten Symptom im Zusammenhang stehen können.

Die Festlegung der Ursache einer Erkrankung ist normalerweise ein sehr komplexer Prozess, der eine eingehende und kontroverse Diskussion beinhaltet, bevor man sich darauf einigt(!), was der Stand der Wissenschaft ist. Zumindest sollte es so sein. Bei SARS-CoV-2 hat das wenige Wochen gedauert. Es macht den Eindruck, als hätte man jahrelang auf eine zweite SARS-Chance gewartet.

Die Stimmung in der Biomedizin ist so: Alles was gefährlich bis tödlich scheint, treibt die Forschung voran. Und Forschung ist immer gut. Kann man denn jemals genug wissen? Jedoch statt Wissen zu schaffen, reicht es häufig genug nur bis zu einem einigermaßen widerspruchsfreien Konsens. Das stört, solange die Forschungsmilliarden und die Profite fließen, niemanden.

Dass auch der gesunde Mensch viele unterschiedliche Viren trägt, mit teilweise lebenswichtigen Aufgaben (humanes Virom), spielt dabei keine Rolle. Genauso wenig spielt es eine Rolle, dass viele Virenarten und Virenstämme nicht pathogen sind. Man unterstellt zur Unterscheidung einfach ultra-**spezifische** Methoden.

Wissenschaftliche Standards gibt es aus gutem Grund. Und Hast erzeugt keine Qualität. Dem läuft die Wissenschaft, und damit auch die Politik, jetzt nach. Da ist es einfacher, valide Argumente als Fake News zu diskreditieren.

Dieser Artikel erschien bereits auf www.rubikon.news.



Johannes Kreis schreibt eigentlich gar nicht für **Rubikon**, macht von dieser Regel aber gelegentlich eine Ausnahme. Sein Motto lautet: Es kommt nicht darauf an, wer etwas sagt, sondern was gesagt wird.

Dieses Werk ist unter einer **Creative Commons-Lizenz (Namensnennung - Nicht kommerziell - Keine Bearbeitungen 4.0 International**

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de>) lizenziert.

Unter Einhaltung der Lizenzbedingungen dürfen Sie es verbreiten und vervielfältigen.