

PROCES VERBAAL VAN VERHOOR VAN GETUIGE-DESKUNDIGE

Op verzoek van de BuitenParlementaire OnderzoeksCommissie 2020 (BPOC2020) heb ik, mr. Frank Stadermann, vandaag als getuige-deskundige gehoord een persoon die mij opgaf te zijn:

Naam: dr. Peter Borger

Geboortedatum: 27 december 1965

Geboorteplaats: Giethoorn

Beroep: moleculair bioloog

De getuige-deskundige heeft het volgende verklaard:

Ik beloof dat mijn hierna volgende relaas naar eer en geweten zal zijn. U mag mijn verklaring beschouwen alsof hij onder ede is afgelegd.

Ik ben rond 1993 afgestudeerd als moleculair bioloog met afstudeerrichting moleculaire genetica en biochemie. Daarna ben ik gepromoveerd aan de universiteit van Groningen op het onderwerp Genregulatie in T-cellen. Dat waren studies in astma en controles onder gezonde mensen. T-cellen zijn cellen van het immuunsysteem. Ik heb mij verdiept in genexpressie. Daarmee bedoel ik het volgende. Elke cel heeft een genoom. Dat is de verzameling van erfelijke eigenschappen, die kan variëren van de kleur ogen tot karaktereigenschappen. Er zijn twintigduizend eiwitgenen en veertigduizend RNA-genen. Met genexpressie bedoel ik dan het tot uiting komen van de geneigenschappen.

Ik ben begonnen met te werken als onderzoeker voor de universiteit van Sydney. Ik heb tien jaar gewerkt aan de universiteit van Basel, daarna heb ik vier jaar gewerkt aan de universiteit van Zurich als onderzoeker. Op dit moment werk ik voor de Duitse vereniging Wort und Wissen, waar ik genetisch onderzoek doe en waar ik ook veel publicaties schrijf.

Ik wil nu graag met u spreken over de PCR-test. Daarover bestaat veel misverstand.

Het coronavirus is een RNA-virus. Dat wil zeggen dat het erfelijke materiaal uit één streng bestaat. Dat noemen we het RNA. DNA heeft twee strengen. De PCR-test is gebaseerd op het testen van DNA en kan ook alleen maar DNA aantonen. Om met PCR het coronavirus aan te tonen, moet men eerst het RNA omzetten in DNA. Dat omzetten gebeurt door Reverse Transcription. Dat is een proces waarbij RNA wordt omgezet in DNA door het enzym dat de naam draagt *reverse transcriptase*.

Ik hecht eraan te benadrukken dat het van belang is dat we in ieder geval uitgaan van de juiste terminologie en daaraan ook de juiste betekenis toekennen. Het valt mij op dat zelfs bij de overheid (het Duitse ministerie van volksgezondheid) de RT-PCR-test wordt aangeduid als “real time PCR-test.” Dat is verwarrend.

Ik heb u nu beschreven hoe het RNA wordt omgezet in DNA. Pas op dat moment is het molecuul geschikt om de PCR te ondergaan. De term PCR staat voor polymerase chain reaction. Bij de PCR wordt het molecuul, dat nu uit twee strengen bestaat, verhit tot boven 92 graden. Dat leidt ertoe dat die twee strengen los van elkaar komen. Vervolgens laat men de temperatuur weer dalen en behandelt men die strengen met een primer. Tijdens dat proces verdubbelt de losgekomen DNA streng zich, waardoor er twee dubbele strengen ontstaan. Dit proces noemen we amplificeren ofwel vermenigvuldigen. Dit proces kan men herhalen. In het zojuist beschreven stadium van het proces heeft men dus van één DNA-molecuul twee DNA-moleculen gemaakt. Wanneer men de amplificatie voortzet, leidt dat dus tot een exponentiële vermeerdering van de DNA-moleculen.

Het vermeerderingsproces kan men tot in het oneindige voortzetten. Er komen dan steeds meer van dezelfde moleculen. Men kan dan dingen gaan zien die voor de diagnostiek geen enkele relevantie hebben. Na dertig vermeerderingen (cycli) heeft men al een miljard moleculen.

Uit het bovenstaande begrijpt u dat de term PCR niet staat voor een methode van testen. PCR is een methode om DNA te vermeerderen.

Nu wil ik met u praten over de PCR test zoals die nu wordt gebruikt bij het opsporen van het coronavirus. Deze test werd voor het eerst beschreven in een wetenschappelijke publicatie in januari 2020. Dat was in *Euro Surveillance* volume 25, issue 3, op 23 januari 2020. Het was een artikel waaraan was meegewerkt door het RIVM en acht andere internationale instituten, voornamelijk in West-Europese landen. Het artikel werd op 21 januari 2020 aangeboden aan het tijdschrift, het werd al op 22 januari goedgekeurd, en op 23 januari had het de status van erkende wetenschap. Met de publicatie werd de PCR test erkend en werd dit de standaard voor de covid-19 detectie. Ik noem dat opmerkelijk. Uit het artikel kan ik niet opmaken dat het artikel is *peer reviewed*. Ik ben zelf editor geweest en ben bekend met het proces. Een *peer review* procedure duurt meestal weken tot maanden. Een *peer review* binnen een week noem ik al extreem snel. Ik noem het trouwens ook extreem snel dat de test toen al werd aangeboden door middel van deze publicatie, want er waren bij mijn weten op dat moment wereldwijd zeer weinig doden. Ik heb de indruk dat het artikel niet is *peer reviewed*, omdat er een groot aantal fouten in staat. Sommige van die fouten hadden niet mogen voorkomen wanneer het artikel wordt *peer reviewed* door een moleculair bioloog die PCR expert is. Wat die fouten zijn, zal ik u aanstonds uitleggen.

Nu u mij daarover doorvraagt, wil ik nog iets meer zeggen over dat artikel. Onder meer is auteur een zeker Adam Meijer van het RIVM. Ik heb contact met hem gezocht teneinde hem een aantal vragen te stellen, waarop ik ook antwoord kreeg. Maar toen ik hem vroeg of het artikel *peer reviewed* was, verbrak hij het contact. Dit gebeurde per e-mail, het staat dus zwart op wit.

Medeauteur van het artikel is mevrouw Marion Koopmans van het Erasmus MC. Mijn conclusie is dat mevrouw Koopmans of het artikel niet gelezen heeft, of er geen verstand van heeft. Er zitten in dat artikel, ik zeg het nog maar eens, allemaal fouten die men niet verwacht.

Over het tijdschrift waarin het artikel is gepubliceerd, wil ik nog wel zeggen dat ik het tot voor kort niet kende. Toen ik met het tijdschrift contact opnam, werd ik doorverwezen naar de *European Center for Disease Prevention and Control (ECDC)*. Dat is een instelling gelieerd aan de Europese Unie.

De ECDC weigerde te antwoorden op mijn vraag of het artikel was *peer reviewed*. Men mocht mij dat niet vertellen, want "disclosure would undermine the purpose of scientific investigations." Dit staat in een e-mail die ik op 18 november 2020 van de ECDC ontving en waaruit ik u dit voorlees.

Verder staat er in de e-mail "disclosure would seriously undermine the decision making process of the ECDC." Tenslotte citeer ik nog uit de e-mail dat de ECDC "cannot identify that in this case there is an overriding public interest in the disclosure (...)."

Ik heb mij over dit antwoord hooglijk verbaasd. De PCR-test wordt gebruikt als diagnose, met verstrekkende gevolgen. Immers, wanneer iemand met de PCR-test positief wordt getest, moet hij in quarantaine. Bij een diagnostische test is het van uitzonderlijk belang dat men weet dat die voor 100% betrouwbaar is. *Peer review* is dan een eerste vereiste. Ik hoor u zeggen dat u deze e-mail aan mijn verklaring zult hechten.

Ik heb zelf van deze publicatie kennis genomen in maart of april. Ik had daarop toen meteen kritiek, en ik heb die kritiek gedeeld via LinkedIn in mei 2020.

Ik ben mij in die PCR-test gaan verdiepen omdat ik een verband zag met het Sars-Cov-1 virus waarmee ik eerder was geconfronteerd toen ik in Australië werkte. Ik heb de genetische sequenties (daarmee bedoel ik de volgorde van de letters waarmee het RNA wordt geschreven) van Sars-Cov-1 en Sars-Cov-2 (coronavirus) met elkaar vergeleken, en ik kwam tot de conclusie dat in Sars-Cov-2 dezelfde twee vingerafdrukken voorkomen als in Sars-Cov-1 uit 2003. Mijn stellige conclusie is dat Sars-Cov-2

hetzelfde is als Sars-Cov-1 van destijds, want beide virussen delen twee dezelfde *fingerprints*. De eerste vingerafdruk is het ontbreken van het zogenaamde HE-gen. Daarnaast is er ook nog het zogenaamde N-gen dat een zeer specifieke vingerafdruk heeft die alleen in Sars-Cov-1 en Sars-Cov-2 wordt aangetroffen (dit is de tweede vingerafdruk). Deze twee vingerafdrukken laten zien dat het Covid-19 geen nieuw virus is. In andere coronavirussen komen deze twee vingerafdrukken niet voor. Ik heb over mijn bevindingen dienaangaande gepubliceerd in het *American Journal of Biomedical Science and Research*. Het verscheen afgelopen voorjaar. Ik heb mijn bevindingen in dit artikel in voor leken begrijpelijke taal samengevat en rondgezonden naar een tiental kranten in binnen- en buitenland, maar ik kreeg van niemand een reactie.

Na het verschijnen van mijn eerder genoemde publicatie, heb ik via LinkedIn met collega-wetenschappers sommige van mijn ervaringen gedeeld. Ik gaf toen aan dat in de periode van april en augustus de *infection fatality rate* (IFR) tot bijna nul is gezakt. Tussen augustus en november was er geen significante verandering in die percentages waarneembaar. Toen er eind september jl. paniek ontstond met betrekking tot een nieuwe uitbraak van het coronavirus, was er in werkelijkheid niets aan de hand.

Die uitleg van de statistiek kan ik u geven vanuit mijn eigen deskundigheid. Omdat in die periode de PCR-tests in toenemende mate positief uitvielen, ben ik mij gaan afvragen wat er aan de hand was. Ik begreep er niets meer van. Toen ben ik mij opnieuw gaan verdiepen in de PCR-test.

Mijn LinkedIn-netwerk omvat diverse internationale wetenschappers. Zij hadden allemaal hetzelfde gezien. Ik noem u onder meer Mario Ortiz, die naar mij bekend is, eerder hier door u is verhoord. In die LinkedIn-groep kwam naar boven dat het RIVM de test had veranderd. Dat bleek bij nader onderzoek ook inderdaad het geval te zijn geweest. Het werd ook bevestigd door een medewerker van het RIVM, een zekere Koen Berends, een oud-collega van mij uit Groningen. Ik heb een brief van hem met die strekking ook zelf gezien. De wijziging bestond hieruit dat men is gaan testen met één gen, terwijl men voorheen testte met twee genen. Aldus werd de test aanzienlijk vereenvoudigd. Bovendien heeft het RIVM het aantal cycli (dus de vermeerderingen) verhoogd tot een onverantwoord hoog niveau. Het aantal vermeerderingen bedroeg eerst 30, en dit heeft men verhoogd naar 35. Deze twee wijzigingen door het RIVM gaven blijk van zeer slechte wetenschapsbeoefening. Als men tijdens een proces de methode verandert, heeft men geen vergelijkingsmateriaal meer. Ik dacht toen: “dit kan niet waar zijn.” **Ik zie ervan af dit allemaal in extenso te gaan uitleggen. Dat is veel te tijdrovend en te technisch. Mocht er iemand zijn die die rapportage wil inzien, dan ben ik graag bereid om die ter beschikking te stellen.**

Bij het uitvoeren van een wetenschappelijke, diagnostische test, is het van wezenlijk belang dat wordt gewerkt volgens een zogenaamde standard operation procedure (SOP). Immers, in de loop der tijd moet men de verzamelde data altijd met elkaar kunnen vergelijken. Op het moment dat men de procedure verandert (en dat gebeurt natuurlijk wanneer men teruggaat van twee genen naar een gen of wanneer men het vermeerderingsproces verlengt), kan men de verkregen data niet meer met elkaar vergelijken.

Ik durf de stelling aan dat als ikzelf op dergelijke wijze te werk zou gaan en lopende mijn onderzoek de detectiemethode zou veranderen en / of vereenvoudigen, ik in de grootste problemen zou komen. Daarom is het ook wetenschappelijk onverantwoord om te betogen dat het aantal besmettingen op basis van de PCR-test nu is toegenomen ten opzichte van eerder dit jaar. Dat is wetenschappelijk gezien volstrekt onverantwoord, omdat men met andere detectiemethoden is gaan werken. Het verband tussen de twee curves, te weten de curve van het aantal opgetreden ziektegevallen en de curve van het aantal positieve tests, is verdwenen. Daarom is het onjuist wat de overheid zegt, namelijk dat er sprake is van een toename van het aantal besmettingen. Dat is immers uiteindelijk een interpretatie. Omdat dat verband tussen de curves is verdwenen, is dus ook de interpretatie daarvan

niet goed.

Nadat ik mijn vragen en kritiek ten aanzien van de PCR-test op LinkedIn had gepost, werd ik van LinkedIn verwijderd. Ik heb driemaal gevraagd om weer tot LinkedIn te worden toegelaten, maar dit werd geweigerd. Ik ben dus in de ban gedaan, zit niet meer op LinkedIn. Vragend naar de motivatie werd mij verteld dat ik had gehandeld in strijd met de interne regels van LinkedIn.

Ik werd dus wetenschappelijk gecensureerd.

In die periode kwam ik in contact met een zekere Bobby Malhotra, verbonden aan het virusonderzoeksinstituut in Wenen. Zijn specialisme is het 3D-modelleren van virussen. Nadien kwam ik ook in contact met Ulrike Kämmerer, verbonden aan de universiteit van Würzburg. Kämmerer is deskundig op het gebied van PCR. Zij beiden hadden dezelfde en vergelijkbare twijfels ten aanzien van de PCR-test. Daarop besloten wij gedrieën om een paper te schrijven. Dat paper is nu gereed. Volgende week gaan wij het opsturen naar een aantal tijdschriften. Het artikel gaat over de tekortkomingen van de PCR-test.

Ik geef u nu een opsomming van de eisen waaraan een goede PCR-test, die bedoeld is voor de diagnostiek van het coronavirus, dient te voldoen.

1. De primers:

A. De primer is een enkelvoudig DNA dat wordt aangebracht op de enkelvoudige streng; dat is nodig om de tweede streng te synthetiseren aan de eerste streng, zodat er kan worden vermeerderd. De primers moeten specifiek zijn; daarmee bedoel ik dat ze geschikt moeten zijn om het gen te detecteren dat men wil amplificeren.

Datzelfde geldt voor de zogenaamde probes. Dat zijn kleine stukjes enkelstrengs DNA die ervoor zorgen dat men het signaal überhaupt kan detecteren.

Voor alle duidelijkheid: de primer zorgt voor de amplificatie (de vermeerdering). De probe signaleert vervolgens of die vermeerdering daadwerkelijk plaatsvindt. Daarmee detecteert men dus de vermeerdering.

B. Van belang is dat bij de primer de juiste bindingssterkte wordt aangehouden. De bindingssterkte wordt bepaald door het zogenaamde GC-gehalte van de primer. Het GC-gehalte moet bedragen tussen de 40 en 60 procent.

C. De concentratie van de primers: de primerconcentratie moet zijn tussen de honderd en de tweehonderd nanomolair. Bij een te lage concentratie krijgt men een verminderde binding. Is de concentratie hoger dan 200 nanomolair, dan kan men specifieke binding krijgen.

D. Om bij de PCR te zorgen voor een betrouwbare uitkomst is het van belang dat gewerkt wordt met ten minste drie genen. Ik wijs u erop dat dit ook al gezegd is in het artikel van januari 2020 dat ik hierboven heb behandeld. Ook daarin wordt uitgegaan van het werken met drie genen.

Ik hoor u zeggen dat het RIVM aanvankelijk werkte met twee genen en dat ik toch heb uitgelegd dat men de procedure heeft veranderd en is gaan werken met één gen. Uw opmerking is juist. Ik kom daar straks op terug.

Men moet ten minste drie genen nemen om de kans te vergroten dat als er een virus is, men dat ook constateert. Ik beseft dat we hier te maken hebben met een proces dat zich moeilijk laat begrijpen door de leek. Ik maak een vergelijking.

Ik ben op zoek naar een auto van het merk Mercedes. Ik kom in een garage en daar zie ik een wiel van een Mercedes en ik zie een stuur van een Mercedes. Mogen we op grond daarvan concluderen dat wij ons bevinden in een Mercedes garage? Als we daarnaast ook andere onderdelen aantreffen die Mercedes-gerelateerd zijn, wordt de kans groter dat we ons inderdaad bevinden in een Mercedes garage. Zo moet men eigenlijk ook zien het detecteren van het virus door middel van de PCR. Hoe

meer genen we onderzoeken die positief zijn voor wat betreft het virus, hoe groter de kans is dat we ook inderdaad een virus hebben aangetroffen. Bij een RNA virus is het, als het gaat om het testen, van belang dat men een gen neemt van het begin van de streng, uit het midden van de streng, en uit het einde van de streng. Dan mag men eerder concluderen dat we dan ook te maken hebben met het volledige RNA van het virus. Beperkt men zich tot bijvoorbeeld het gen dat alleen aan het begin van de streng zit, dan heeft men onvoldoende zekerheid om te kunnen concluderen dat dit het volledige RNA van het virus betreft.

Hoe meer genen men detecteert, hoe waarschijnlijker het is dat men te maken heeft met een volledig virus RNA, en dus niet met een fragment.

2. De temperatuur

Van belang is voorts de temperatuur waarbij de PCR-reacties plaatsvinden. Deze moet ten minste 92 graden bedragen, bij voorkeur tussen 94 en 96 graden. Ik verwijs verder naar wat ik hierboven heb gezegd.

Daarnaast hebben we de zogenaamde annealing temperatuur. Dat is de temperatuur waarbij de primers het target loslaten. Van enorm belang is dat de temperatuur binnen een primerpaar dat wordt gebruikt voor de amplificatie, per primer slechts één of hooguit twee graden mag verschillen.

3. Het aantal amplificaties/cycli

De algemeen geldende opvatting is dat bij de PCR het aantal vermeederings nooit meer dan 35 mag zijn. We weten dat als men verder vermeedert, er uitslagen kunnen optreden die specifiek zijn. Daarom geldt 35 als het maximum toelaatbare aantal vermeederings. Er is geen richtlijn voor wat het ideale aantal vermeederings is. Dat moet men eerst zelf per onderzoek vaststellen (optimeren) en daarvoor een zogenaamde standard operation procedure bepalen. Voor het ene onderzoek is een ander aantal vermeederings toegelaten dan voor een ander onderzoek. Dat moet men dus eerst vastleggen. Ik kan u wel zeggen dat 35 het absolute maximum is.

Er gelden bijvoorbeeld andere regels wanneer men een virus wil detecteren dan wanneer men bijvoorbeeld een mutatie in een gen wil opsporen.

4. Negatieve controle

Een goede PCR test kent niet alleen een positieve, maar ook een negatieve controle. Wanneer men dan een positief signaal vindt, dat men toeschrijft aan Sars-Cov-2, moet men andere coronavirussen excluderen. Men moet excluderen dat er sprake kan zijn van een ander coronavirus (dit doet men bijvoorbeeld door middel van een HE-gen). Is die exclusiecontrole positief, dan weet men dat men te maken heeft met een andere coronavirus dan het Sars-Cov-2 virus.

5. De moleculair-biologische validatie

Na de vermeederings moet men controleren (valideren) of het vermeederde DNA inderdaad afkomstig is van het virus dat eerder is aangetroffen. Is het aangetroffen DNA inderdaad specifiek voor het virus? Het stukje dat daadwerkelijk is geamplificeerd, daarvan moet worden vastgesteld dat het ook inderdaad afkomstig is van het virus.

Ik heb u nu uitvoerig beschreven aan welke eisen een PCR-test voor corona (Sars-Cov-2) dient te voldoen. Ik herhaal nog maar eens: dit is extreem belangrijk, omdat de test in dit geval wordt gebruikt als diagnostische test. Ik heb me de afgelopen weken heel uitvoerig hiermee bezig gehouden en we hebben geconstateerd dat er veel mis is met de PCR-test zoals die in het artikel in januari 2020 is beschreven. Wat er allemaal mis is, ga ik u nu beschrijven.

Voor alle duidelijkheid: wat er allemaal mis is, is ook beschreven in de paper die ik u hiervoor heb genoemd en die ik heb geschreven met dhr. Malhotra en mevr. Kämmerer, maar ik wil daaraan

toevoegen dat een grote groep internationale wetenschappers is die zich met ons artikel kan verenigen en die zich bereid heeft verklaard om als medeauteur op te treden. Onder die medeauteurs bevinden zich grote namen. Een van hen is(verwijderd op verzoek van PB)

Punten van kritiek op de PCR-test voor coronavirus

1. Er wordt gebruik gemaakt van niet-specifieke primers en probes. Dat kan men vaststellen omdat de letters waarmee de primer wordt aangeduid, niet volledig worden vermeld. Dat geeft de onderzoeker de mogelijkheid om naar eigen inzicht zelf nader in te vullen welke primer hij uiteindelijk gebruikt. De onderzoeker mag namelijk zelf de opengelaten letters invullen.
2. De probes moeten specifiek zijn om het gen te detecteren. In het artikel van januari 2020 wordt gezegd dat één probe specifiek is voor het Sars-Cov-2 virus. De andere probe is algemeen voor Sars-Cov virussen. Met de groep wetenschappers met wie ik samenwerk hebben wij vastgesteld dat in werkelijkheid die probes hetzelfde zijn. Of die probes allebei specifiek zijn voor Sars-Cov-2 of dat ze allebei meer algemeen zijn voor Sars-Cov virussen, weet ik niet. Deze test is alleen al om deze reden een slecht ontwerp.
3. Ik heb hiervoor uiteengezet wat het belang is van een juiste primerconcentratie. Wij hebben geconstateerd dat deze concentraties in veel gevallen vier tot vijf keer te hoog zijn.
4. Er bestaan in totaal zes primers. Wij constateerden dat bij drie primers het GC-gehalte beduidend te laag was; het juiste GC-gehalte behoort te bedragen, zoals ik hierboven heb uiteengezet, tussen de 40 en 60 procent. Twee van de zes onderzochte primers bleken bij onderzoek een GC-gehalte te hebben van 28 procent en een 34 van procent. Ook dit betekent dus dat de PCR-test een slecht ontwerp is.
5. Op basis van het artikel uit januari 2020 heb ik onderzocht welke annealing temperatuur er wordt aangehouden bij deze PCR-test. Ik heb u uitgelegd dat binnen een primer paar het temperatuurverschil één of hooguit twee graden mag zijn. Bij deze test blijkt het temperatuurverschil bij één van de belangrijke genen in werkelijkheid ongeveer tien graden te zijn. Ik heb de indruk dat het RIVM zelf ook heeft geconstateerd dat hier iets niet klopt en dat dat voor het RIVM de reden is geweest om het protocol te wijzigen en om die reden dus één gen uit de test heeft verwijderd, namelijk dit gen.
6. Men detecteert onvoldoende delen van het virus om vast te stellen of men inderdaad te maken heeft met het Sars-Cov-2 virus (corona). Ik verwijs naar mijn beeldspraak van hiervoor met betrekking tot de auto-onderdelen. Bij het Sars-Cov-2 virus (corona) is het van belang om de gehele RNA streng te onderzoeken. Anders weet men niet of men te maken heeft met de gehele streng of slechts met wat fragmenten.
7. De coronavirus PCR-test kent geen negatieve controle. Er wordt dus niet ingezet op het uitsluiten van de mogelijkheid dat er andere coronavirussen zijn gedetecteerd.
8. In PCR test beschreven in het protocol januari 2020 wordt uitgegaan van een aantal vermeerderingen van 45. Maar er wordt niet aangegeven bij welk aantal vermeerderingen de test moet worden uitgelezen als positief of negatief. Ik wijs er op dat je bij 35 cycli al bijna geen infectueus virus meer detecteert. Dan zult u begrijpen dat vermeerderen met meer dan 35 geen zin meer heeft. De test vermeldt dus niet wanneer je moet gaan aflezen en dat is in de test een groot mankement. Het RIVM hanteerde eerst als uitgangspunt 30 vermeerderingen. Je mag dat aantal vermeerderingen niet zomaar verhogen naar 35 zoals het RIVM heeft gedaan. Dan verander je tijdens het spel de regels. Vermeerderingen tussen 30 en 35 is bovendien een grijs gebied. Nogmaals: na 35 cycli is er geen infectueus virus meer. Dat geldt voor 97 procent van de gevallen. Dit is wetenschappelijk aangetoond.

9. Uit voornoemde publicatie januari 2020 blijkt voorts dat de test ook vals positieve uitslagen geeft. Want bij her-testen was de uitkomst negatief. Dit betekent dus dat je altijd bij een positieve test een her-test zou moeten uitvoeren. Ik weet niet of dit in de praktijk ook gebeurt. Wel weet ik dat bijvoorbeeld topsporters in geval van een positieve test zich nog al eens laten her-testen en de test dan regelmatig negatief uitvalt. Als ik zelf positief getest zou worden, zou ik er op staan dat ik zou worden geher-test. Zou ook die her-test positief uitvallen, dan zou ik nog een derde test eisen. Pas als ook die derde test ook positief zou uitvallen, dan zou ik er wel willen aannemen dat ik inderdaad positief getest ben (terzijde: dat wil natuurlijk helemaal niet zeggen dat ik geïnfecteerd ben met het virus). Pas dan heb je de onzekerheid over de betrouwbaarheid van de uitslag tot minimale proporties teruggebracht.

10. Mijn laatste maar zeker niet minste punt van kritiek is dat het artikel waarin de PCR Covid-19 test wordt beschreven, niet peer reviewed is. Waarom ik dit denk, heb ik hiervoor uiteengezet. Ik vind dat enorm kwalijk omdat de test wordt gebruikt voor diagnostiek.

Overigens valt mij ook op dat twee van de auteurs van dit artikel ook deel uitmaken van de editorial board. Op zich hoeft daarmee niets mis te zijn, maar het is wel een extra reden om zorgvuldig te zijn met de plaatsing van het artikel. Juist dan zou je bij een zuivere gang van zaken verwachten dat er een peer review heeft plaatsgevonden.

Leiderdorp
21 november 2020

Vorgelezen, volhard en ondertekend,

.....

Pieter Borger

.....

Mr. F. Stadermann