

ウイルス学との訣別

(エキスパート編)

マーク・ベイリー医師

目次

prologue

概要	4
----------	---

第 1 部

SARS-CoV-2 発見されず	5
スージー・ワイルズ博士 - ウイルス学の「分離」信奉者	6
分離が重要である理由	9
ウイルス学とは何か?	14
対照実験の欠如が示すウイルス学の非科学性	20
動物虐待と「抗体」研究	22
ウイルス - 数のパラドックス	26

第 2 部

Fan Wu et al. デウス・エクス・マキナ (機械仕掛けの神)	27
タートルズ・オール・ザ・ウェイ・ダウン	34
CDC による SARS-CoV-2 に関する主張	38
驚くべき Peng Zhou et al. 論文詳細	41
武漢発、さらなる欺瞞?	43
スティーブン・バスティン教授 - PCR パンデミックの火付け役	44

第 3 部

「リトル・マウンテン・ドッグ : Winjor Xiao-Shan-Gou (小山狗)」 - 騙されてるのか、操られてるのか?	50
「研究所流出」による目くらまし	54
ウイルス学と閉鎖社会	59
メタゲノム配列決定 - ウイルス学の限界か?	62
なぜ戦争中にウイルスの存在を疑うのか?	66

あとがき

執筆者について	67
---------------	----

prologue

マーク・ベイリー医師について

A Farewell to Virology の執筆者であるマーク・ベイリー医師は、妻のサマンサ(サム)・ベイリー医師と3人の子供とともにニュージーランドで暮らす。Virus Mania(ウイルス・マニア)の共著者である妻と共に、2020年初めから、微生物学、ウイルスの存在、医学の歴史的・認識論的問題を中心に精力的に研究を続けている。

若いころ、デュアスロンの世界トップ10入りを果たし、現在もピーク時のコンディションを維持するアスリートでもあるマーク・ベイリー医師は、学部奨学金を得て1994年にカンタベリー大学に入学し、1999年にオタゴ大学で医学研修を経て、研修医として多数の専門科に従事し、臨床試験研究医としても数年活躍した。その後、2016年に現代医療システムに対する疑問から臨床現場を離れ、現在に至る。

翻訳者 コメント

2022年9月15日に、A Farewell to Virology が発表されてからおよそ1年半の間に、多くの人々がウイルス学の誤謬に気づき、いわゆるパンデミックがデータ上に築かれたフィクションであることを知った。これには、サム&マーク・ベイリー医師が果たした役割は多大であり、その勇気ある行動に感謝の意を表したい。

A Farewell to Virology 日本語版のタイトルは「ウイルス学との訣別」とした。これは反論する余地のない、そして、今後も反論されることはない優れた文書である。専門家向けであることから、医師を始めとする医療従事者には特にお勧めしたい内容であるが、より多くの人に読んで頂くため、出来る限り平易な言葉を使うよう心掛けた。

欧米始め、世界中で「コロナパンデミック」は実質上終了し、一応の平常を取り戻している。しかし、残念ながら、日本では未だ医療機関により「感染症」対策と称して厳しい規制が続いており、全ては恐怖に基づき行われている。ウイルスが同定されていない、つまりウイルスが実在するという証拠がないことが腑に落ちれば、その瞬間、目の前には全く違う景色が広がるはずだ。

「ウイルス学との訣別」の意味を理解することで、一人でも多くの人々が根拠なき恐怖から解放され、安心して暮らせるようになることを願っている。

リーシャ (New Biology ナチュラルヘルスコンサルタント/翻訳家)

ウイルス学との訣別 (エキスパート編)

概要

ウイルス学はウイルスというモデルを生み出したが、これまで一度も、ウイルス学自体が求める条件を満たすことが出来ていない。ウイルスはヒトなどの宿主間を伝播して病気を引き起こすとされているが、その科学的根拠はない。ウイルス学の最大の誤算の一つは、「ウイルス性」疾患に罹患したとされる生体組織から直接ウイルス粒子を得ることが不可能な点である。ウイルス学者らは本来の科学的方法を使わず、独自の疑似科学的手法を編み出すことで、こうした状況を曖昧にしてきた。また、言葉の定義を変えろという手段により、その反科学的なやり方を正当化しようとしてきたのである。「分離」という言葉を例にとると、ウイルス学における「分離された」分離株は、「分離された」ことにするために、粒子の存在は不要である。

ウイルス粒子の存在を証明するには、定義された物理的及び生物学的特性を満たさなければならない。その特性とは、ヒトなどの宿主に病気をもたらすことが可能で、複製能力を有する細胞内寄生体である。しかし、SARS-CoV-2などの「ウイルス」は、架空のものであり、想像やコンピューター・シミュレーション上にしか存在しない。このパラダイムでは、COVID-19のような作り出された病気は、「ウイルス性」と呼ばれる選択された遺伝子配列やタンパク質を検出したに過ぎない。この循環的推論の堂々巡りでは、ウイルスの存在は不要である。故に、試験管内の分子反応により、「パンデミック」全体がデータ上に築かれたフィクションであり、疑似的に存続し得るのである。

この評論文は3部構成となっている。第1部では、ウイルス学の歴史と、科学的方法を無視したウイルス学者の過ちについて解説する。ウイルス学者による多岐にわたる数々の主張には、次のような誤りがある：(a)直接的証拠の欠如；及び (b) 対照実験の欠如による間接的「証拠」の無効性、である。ここで取り上げた例は、ウイルス学的不正行為全ての基本的要素をカバーしており、これには、いわゆる分離、細胞変性効果、遺伝子学、抗体、動物病原性研究などが含まれる。

第2部では、COVID-19「パンデミック」を広めるために使われた不正行為について検証する。オリジナルの案出者であるFan Wu et al.(ファン・ウー ほか)によって用いられた手法の詳細は、架空のSARS-CoV-2がいかにして反科学的なやり方と言葉のごまかしによって「創作」されたかを示している。これは現在でも続く欺瞞の一端であり、過去の「ウイルス」テンプレートを使用してウイルスの存在を主張するものである。例としてSARS-CoV-2を挙げれば、「コロナウイルス」ゲノム・テンプレートは1980年代までさかのぼるが、これらの遺伝子配列がウイルス粒子から得られたものであると証明されたことは一度もない。ポリメラーゼ連鎖反応の誤用は、こうしたウイルス学の詐術を広め、パンデミックという幻想を継続させるための「症例」を作り出した。第3部では、鍵となる参画者、すなわち「保健」機関、そして主流メディアが、情報操作とウイルス学の主張をオウム返しにする語りによって、ウイルスという幻想をいかにして保ち続けているかについて分析する。奇しくも、ウイルス学による不正は、COVID-19詐欺の真っ只中に身を置くこととなった。しかし今後は、ウイルス学以外の人によって厳しく評価され、ウイルス学が自ら築き上げてきた疑似科学的パラダイムは、ついに解体され、終焉を迎えることになる。

本稿の目的は、病原性ウイルスの存在と、それが病因であるという様々な主張に対する反論を示すことである。ここでは、SARS-CoV-2を主に取り上げたが、これは全てのウイルスに当てはまるものである。下記の内容は、ウイルス学に特有の難解な文献を扱ったものであるため、若干読みづらくなっていることをお断りしておく。その一方でこの寄稿が、パンデミックと詐称される医療行為の根源をあぶり出そうとする中で、ウイルス仮説について、より専門的な洞察を求める読者のニッチを埋めるものになることを期待している。ウイルス学が人類を脅かす危険性は増す一方である。今こそ私たちは、この破壊的な疑似科学と訣別し、恐怖から解放すべきなのである。

第1部

SARS-CoV-2 発見されず

病原性ウイルス説が疑わしいことを示す最大の理由は、これまでに発表された科学論文に、病気とされる人あるいは動物の組織や体液から、ウイルスの定義を満たす粒子が直接分離・精製されたことを示す証拠がないことであろう。通常の「分離」の定義(あるものを他の全てのものから切り離す)に基づけば、ウイルス学の歴史上、分離が一度もなされたことがないというのが一般的な受け止め方である。

- Dr Thomas Cowan et al.(トーマス・カウワン医師 ほか)『Settling the Virus Debate(ウイルス論争に決着を)』 声明文 2022¹

2022年9月11日現在、Christine Massey (クリスティン・マッセイ)が中心となり、Freedom of Information (FOI: 情報公開請求)による世界的規模の調査を行った結果、35カ国以上、主に209の保健・科学機関のうち、SARS-CoV-2ウイルスの存在を示す直接的証拠を提示出来た機関は皆無であった²。各機関は「ヒトに病気を誘発するとされる“SARS-CoV-2”を、病気のヒトから直接精製(浸漬、濾過、超遠心機の使用を経て)した」ことを証明する文書の開示を求められた。ところが、多くの場合そのような証拠はないと認めた上で、例えばニュージーランド保健省などの機関は、「実験室でウイルスが分離培養された例がいくつかある」と述べている³。しかし、言及されている例はどれも組織培養のための実験であり、そこでは「分離」という言葉は本来の意味からかけ離れ、画像化されたものであれ、想像されたものであれ、いかなる粒子も病気を引き起こすウイルスの特性を持つことは示されていない。いずれの場合も、情報公開請求によって露呈した深刻な問題から目をそらすものであり、ウイルスと主張される粒子が人体から発見されることはあり得ないということである。ウイルス学は、証拠の欠如に対して弁解をしてきたが、この恥ずべき問題点を差し引いたとしても、その一貫性に欠ける方法論に対する外部からの批判が高まるにつれ、隠れる場所を失いつつある。本稿では、病原性ウイルスが存在するという幻想を保つための、ウイルス学における数々の反科学的アプローチについて明らかにする。事態は一層深刻化し、2020年初頭以来、COVID-19「パンデミック」は人類を窮地に陥れるトロイの木馬として巧みに利用されている。

¹ Thomas Cowan, et al., “The ‘Settling the Virus Debate’ Statement”, 14 Jul 2022: <https://drsambailey.com/resources/settling-the-virus-debate/>

² Christine Massey, “209 health/science institutions globally all failed to cite even 1 record of ‘SARS-COV-2’ purification, by anyone, anywhere, ever”: <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/> (accessed 11 Sep 2022.)

³ NZ Ministry of Health, “Official Information Act response Ref: H202102878”: https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3tiei_g67zTUfok92kuqqS

スージー・ワイルズ博士 - ウイルス学の「分離」信奉者

密度勾配遠心法は、ウイルスの存在を証明するために必要な科学的標準技術である。あらゆる微生物学マニュアルにこの方法が「ウイルス分離法」として記載されているにもかかわらず、病原性ウイルスの存在を証明する目的の実験に使用されたことは一度もない。

- Dr Stefan Lanka PhD(ステファン・ランカ博士) 2015⁴

ウイルス学的手法を正当化しようとする動きは、その推進者側によるものであることは言うまでもなく、ニュージーランド政府や国営メディアのお気に入りである微生物学者のDr Siouxsie Wiles PhD (スージー・ワイルズ) 博士もその一人である⁵。彼女が勤務するオークランド大学は、「Covid-19ウイルスの精製に関する研究は一切行っていない」⁶ことを認めており、SARS-CoV-2と名付けられたいわゆるウイルスは、人体からも検出されておらず、分離もされていない。この准教授は、2020年3月に「世界は火に包まれている」⁷と国に進言し、2021年には、ニュージーランド・オブ・ザ・イヤーに選ばれ、「世界の大勢の人がパンデミックの恐怖と混乱を乗り越え...我々の安全を守る手助けをした」⁸として表彰された。2020年11月の論評『Koch's postulates, COVID, and misinformation rabbit holes(コッホの原則、COVID、そして誤情報の渦)』の中で、ワイルズは「COVID-19の原因であるSARS-CoV-2ウイルスの存在証拠を求めている者は、ウイルスが存在する証拠が入手出来ないように、要求に関する文言を工夫している」と主張している⁹。ワイルズが Rivers Postulates(リバーズの仮説)¹⁰に言及しなかった理由は定かではないが、この仮説は特にウイルスを含むように考案されたものであるため、

⁴ Stefan Lanka, "The Virus Misconception", *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 06/2015: https://www.researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art

⁵ <https://unidirectory.auckland.ac.nz/profile/s-wiles>

⁶ Christine Massey, <https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/>

⁷ "Microbiologist Siouxsie Wiles gives advice on preventing coronavirus", *1News*, 16 Mar 2020: https://www.youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s

⁸ Nikki Preston, "Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year", *NZ Herald*, 1 Apr 2021: <https://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year/>; "Dr Siouxsie Wiles MNZM", New Zealander of the Year Awards (undated, accessed 22 May 21), 2: <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/>. The citation for the award reads as follows: "In the face of considerable criticism – on her authority, on her appearance, on her gender – Siouxsie's continued to respond to one of the greatest challenges of our time with empathy, innovation and courage, and her work has been seen by millions and even used by governments and organisations as part of their official pandemic communications."

⁹ Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16 Nov 2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

¹⁰ Thomas Rivers, "Viruses and Koch's Postulates", *Journal of Bacteriology*, 33/1, 1937.

おそらく彼女はこの仮説が一度も実現されたことがないことを認めざるを得なかったであろう。また、コッホの原則は、病気の原因と伝染の立証に関するものであり、人体からウイルス粒子が見つかるかどうかという具体的な問題に関係するものではないものの、彼女は単にウイルス学者が20世紀の大半を費やして、病気の人から直接ウイルスを同定しようとしてきたが成功しなかった、と説明することも出来たはずである。ワイルズは次いで、Falkow's Molecular Postulates (ファルコーの分子仮説)¹¹を誤った形で引用したが、この仮説がSARS-CoV-2の物理的な存在を証明するために、説明出来るのかについての言及は一切なかった。

ワイルズにとって厄介なことは、WHO (世界保健機関) が2003年にSARS-CoV-1に関して、「原因(病原体)を最終的に同定するには、いわゆる『コッホの原則』の基準全てを満たさなければならず、そのための追加実験がオランダの研究所で現在進められている」¹²と言及したことである。WHOの記事は2021年に突然ウェブサイトから削除されたが、現在もインターネット・アーカイブからアクセスすることが出来る¹³。2003年にFouchier et al. (フーシェ ほか) が、SARS-CoV-1でコッホの原則をクリアしたという空想的主張に対しては、すでに繰り返し反論されている¹⁴。彼らのサル実験は、対照群の欠如と不自然な暴露経路によって無効となっただけでなく、全てのウイルス学論文と同様に、ウイルスの定義を満たす粒子を証明することが出来なかった。ワイルズはまた、Na Zhu et al. (ナー・ツウー ほか: SARS-CoV-2を発見したと主張した最初の研究チームの一つ) とも対立しているようであった。それはNa Zhu et al. が「我々の分析は武漢の集団発生に2019-nCoV (後のSARS-CoV-2) が関与していることを示すものであるが、それはコッホの原則を満たすものではない」と認めたためである。Na Zhu et al. は続けて「武漢の集団発生における2019-nCoVの発生機序をさらに裏付けるエビデンスとしては... 病原性の証拠となる動物(サル)実験がある」¹⁵と述べている。

(筆者コメント) — しかし、ウイルス学者がコッホの原則の妥当性を認めたいのであろうとなかろうと、それは単なる議論のすり替えに過ぎない。コッホの原則は、微生物の物理

¹¹ Falkow's Molecular Postulates: "(1) The phenotype or property under investigation should be associated with pathogenic members of a genus or pathogenic strains of a species. (2) Specific inactivation of the gene(s) associated with the suspected virulence trait should lead to a measurable loss in pathogenicity or virulence. (3) Reversion or allelic replacement of the mutated gene should lead to restoration of pathogenicity." - Stanley Falkow, "Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity", *Reviews of Infectious Diseases*, Jul-Aug 1988: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

¹² WHO, "Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) - multi-country outbreak - Update 12", 27 Mar 2003.

¹³ https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/

¹⁴ Torsten Engelbrecht, et al., *Virus Mania*, 3rd English Edition, Books on Demand, 2021, 2: Samantha Bailey, "What Happened To SARS-1?", 27 Jan 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/>

¹⁵ Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *The New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, first published 24 Jan 2020, updated 29 Jan 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

的な分離を必要とするものである。つまり、コンピューター・シミュレーションや、生物学的機能が解明されていない小胞の画像化、あるいは動物に与えた未精製の生体サンプル（検体）に「ウイルス」が含まれていると主張するなどの方法で微生物が存在すると断言するのではなく、実際に微生物を分離することが必要なのである。

ワイルズは、ウイルス学が「分離」という言葉を公然と誤用していることを支持すべく、こうも述べている。「分離という言葉、その問題に関連した定義ではなく、日常的な意味で使うのはどうか、ですって？ それこそばかっているし、証拠開示請求が誠実に行われていない証だ」¹⁶。彼女は、科学的に使われている言葉の定義が、ウイルス学者らによって一方的に変更され、あたかも科学的に証明されたかのような表現になっている点を、他者から指摘されたことに対して、にわかに信じられないのだろう。しかし、もしウイルス学者らによる「分離」の意味が、多くの人が考えているようなものでないなら、ほとんどの人は間違った情報に踊らされていることになる。その意味で、意図的な盲目的行為かどうかは別として、ワイルズが偽情報を積極的に流布する側に加担していることになる。ワイルズは、専門家としての本領を示し、ウイルス学における分離の定義を、特にウイルスの存在を証明することに関して、一般市民に説明する責任がある。おそらく彼女は、「ウイルス学者がサンプルからウイルスを分離する際、サンプルあるいはその一部を取り出し、それをいくつかの細胞（通常、ラボで増殖し易いもの）に加え、細胞が死ぬかどうか、あるいは細胞が増殖している液体培養槽にウイルス粒子が放出されるかどうかを調べる¹⁷」と記述した時点で、説明出来たと考えたのだろう。ワイルズが次の方法：(a) サンプルを採取すること、(b) 試験管内で細胞が死滅するのを観察すること、(c) 組織培養で「ウイルス粒子」が放出されること、(d) これらの要素の全て、あるいはいくつかの組み合わせ、によって「ウイルス分離株」が確立されることを示唆しているのかどうかは不明である。しかし、彼女の説明にウイルスの存在を証明するものは何もない。それは現実かどうかにかかわらず、騙しのゲームなのである。これは単に、サンプルの中にウイルスが含まれていると断言し、試験管の中で実験的にストレスを加えた細胞の残骸をウイルスだと主張し、小胞の一部（その生物学的組成と機能は不明である）がウイルスであると宣言するというものである。この実験にはさらに致命的な欠陥がある。後述するように、この方法論によってSARS-CoV-2が存在することが証明されたという主張は、いずれも科学的に無効である。それは、全ての実験が有効な対照群を用いて行われていないからである。

こうしたことは、ワイルズがニュージーランド政府の偽情報キャンペーンや、コミナティTMと呼ばれる注射剤の殺人的拡大計画において、いかに重要な扇動者の一人として振る舞ってきたかの典型である。この問題はSARS-CoV-2にとどまらず、あらゆるウイルスが同様の疑似科学によって存在すると主張されてきた。ウイルス学の歴史を紐解くと、

¹⁶ Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16 Nov 2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

¹⁷ Ibid.

こうした実験に使われる細胞の種類は、ウィルズが論考で主張したように「実験室で比較的容易に培養出来る」ものではなく、ウィルスが誘発するCPE(細胞変性効果)を主張するために破壊されやすいものが最終的に選択されてきたことがわかる。例えば、ヴェロE6サル細胞¹⁸は、長年ウィルス学者に好まれてきた。それは多くのウィルスを宿主にする「適性」のためとされているが、同時にこの異数体¹⁹の腎臓株は、至るところに存在する腎毒性の抗生物質や抗真菌剤などの添加成分による毒性障害に対してより感受性が高いからだとも疑われている。あるグループがSARS-CoV-2の培養を行ったところ、ヒト腺がん細胞(A549)、ヒト肝細胞(HUH7.0)、ヒト胚性腎細胞(HEK-293T)、オオコウモリ腎細胞株(EFK3B)を用いても望ましい結果は得られなかったが、Vero E6細胞でCPEが観察されたことから「ウィルス分離株」を入手したと宣言した²⁰。典型的な例だが、彼らにはヒト呼吸器ウィルスと称されるものが、関連する生物種はおろか、該当する細胞種にも「感染」することが出来ないという事実は何の違和感も持っていないようである。さらに、その実験は、適切な対照培養がなかったために、またしても無効となったのである。

分離が重要である理由

言語を操る者が人心を操る。

- Saul Alinsky(ソウル・アリンスキー)²¹

ウィルス学にとってさらに不名誉なことは、精製に成功したウィルス粒子とされるものが、それ自体では複製能力や病気の原因であることが証明されていないことである。つまり、実際に分離されているものはEV(細胞外小胞)としか言いようがないということである。2020年5月、Virus(ウィルス)誌に掲載された論文によると、「現在では、作動遠心分離などの一般的な小胞分離法でEVとウィルスを分離することはほとんど不可能である。それは、両者の大きさが類似しているため、しばしば“co-pelleted”(合体)してしまうからである」と主張されている²²。ここでの「現在では」とは、過去とは異なるという意味であり、こうした目に見える技術的变化を生物学的法則とどのように調和させることが出来るのかは不明である。ウィルス学者らは、自説が否定されるのを避けるために、自分たちの手法から距離を置いている可能性が高い。差動遠心分離法でウイ

¹⁸ ATCC, “VERO C1008 [Vero 76, clone E6, Vero E6]”: <https://www.atcc.org/products/crl-1586>

¹⁹ Aneuploidy means the presence of an abnormal number of chromosomes in a cell.

²⁰ Jennifer Harcourt, et al., “Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States”, *Emerging Infectious Diseases*, June 2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

²¹ *Rules for Radicals*, Random House, 1971.

²² Flavia Giannessi, et al., “The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses”, *Viruses*, 22 May 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/>

ルスを他の小胞から分離出来ないのは、サンプル中にウイルスが存在するという主張が根拠に基づいていないことを、彼らは受け入れざるを得ないだろう。

ウイルス学者らが、分離という基本的な問題から目をそむけていることは明白である。この問題に誠実かつ科学的に取り組むどころか、用語を難解にしている。2017年、Perth Group (パース・グループ) はその大著『HIV – a virus like no other (HIV – 他とは違うウイルス)』の中で、「ウイルス学において、精製という言葉は日常的な意味を保つ一方で、『分離』は、ウイルス学者があるウイルスが存在する証拠として実験結果に使う便宜的な用語である」と指摘している²³。別の言い方をすれば、便利で実用的であっても、それによってなされる主張と、結果として実行される非人道的行為は、あるまじきものであり、非道徳的であると見なされるべきであるということだ。同じ報告書の中で、パース・グループは、ウイルス学者が自らの目的に応じて、科学用語を都合よく解釈している例を次のように紹介している：

HIVの専門家 Jay Levy (ジェイ・レヴィ) は、ウイルスの分離を「定義された発生源からウイルスを採取すること」と定義し、WhiteとFenner (ホワイトとフェナー) は「予測不可能なウイルスを識別する能力、または新たなウイルスを発見する能力」と定義している。MontagnierとWeiss (モンタニエとワイス) は、「培養細胞内でそれら(ウイルス)を繁殖させること」と定義している。2013年版の『Fields Virology (分野別ウイルス学)』第6版では、「ウイルスは、感染した宿主から分離することが出来る。それは、排泄物や分泌物、血液、組織などを採取し、同一の宿主で元の症状が誘発されるか、代用宿主で何らかの異常な病態が誘発されるか、もしくは細胞培養で誘発されるかを調べることによって可能である... 一旦ウイルスの存在が確立されると、通常は遺伝学的に純度の高いクローンの作製が望まれる」と定義されている。言うまでもなく、ウイルスの分離が「定義された発生源からウイルスのサンプルを採取すること」、あるいは「培養細胞内で繁殖させること」であるなら、まず「定義された発生源」ないし「培養細胞内」にウイルスが存在することを証明しなければならない。ウイルスの分離は、「何らかの異常な病態の誘発」でも「ウイルスの存在が確立された後」でもない²⁴。

こうした状況が成り立っていること自体がまさに茶番であり、明らかに誤解を招く行為であるため、ウイルス学による数々の分離に関する主張は、根拠がないものとしてみなされても致し方ない。しかし、ウイルス学者らは、自ら英語を繰り返し濫用することについて、何らかの説明をしているのだろうか？ 2021年、ウイルス学のベテラン研究者である Vincent Racaniello (ヴィンセント・ラカニエッロ) 教授は、「分離」のような基本的な用語の定義でさえも、「ある研究室で訓練を受け、研究者が口にする言葉を聞き、そこから意味を連想し、それを自分が実践するのだが、それは正しいかもしれない

²³ The Perth Group, “HIV - a virus like no other”, 12 Jul 2017: <http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

²⁴ Ibid.

し、正しくないかもしれない」²⁵と説明している。同じプレゼンテーションで、ラカニエッロ自身が、本来は科学用語であるべき自身の定義に問題があることに気付いていないように思われ、「分離株とは、感染宿主から分離したウイルスを培養して増殖させたものである」と続けた。皮肉なことに、2015年の論文では、正しい科学用語と「トランスフェクション」という言葉について²⁶、ラカニエッロは次のように述べている。「英語というものを、絶え間なく進化し、言葉に新たな意味を吹き込むダイナミックなコミュニケーション・ツールとして捉えているのであれば、このトランスフェクションの誤った使い方は、おそらく気にならないだろう。しかし、科学者は言葉を正確に使わなければならない、さもなければコミュニケーションに支障をきたすことになる」²⁷。ラカニエッロのウイルス分離と科学用語の誤用に関するプレゼンテーションを分析したものについては、Dr Samantha Bailey (サマンサ・ベイリー) 医師がすでにビデオ『The Truth About Virus Isolation(ウイルス分離の真実)』²⁸で取り上げている。これは、ウイルス学者が何世代にもわたり、見識の程度は違えど、意味論的堂々巡りの思考回路に陥っていることを物語っている。

ウイルス学はウイルス仮説を発明した。従って、ウイルスの存在を証明するために用いる方法がどのようなものであれ、その定義を満たすものでなければならない。問題の本質はシンプルな概念で、病気の原因とされる粒子が、元の粒子のクローンである新たな粒子を引き起こすという証拠を確認することである。検出されたタンパク質や核酸が特定のウイルスによるものであると主張することは、ウイルス粒子が正確な精製によって分離され、これらの鍵となる生物学的特徴を備えていることが認められない限り不可能である。パース・グループが『HIV – a virus like no other (HIV-他にはないウイルス)』の中で要約しているように、ウイルスの存在を証明するためには、下記の理由によって精製が必要である：

1. ウイルスの複製は生きた細胞内でのみ行われる。細胞とウイルスは同一の生化学的組成からなるため、細胞物質から粒子を分離することは、核酸とタンパク質がどのウイルス粒子に属するかを特定するために不可欠である。
2. 粒子が感染力を持つことを証明する。言い換えれば、新たな粒子の生成に起因するのは粒子であり、他の要因ではない。従って、両方の粒子を精製する必要がある。
3. 生物学的及び病理学的作用を示す必要がある。

²⁵ Vincent Racaniello, "Virus isolates, variants, strains - what are they?", *Vincent Racaniello*, 2 Mar 2021: <https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s>

²⁶ "Transfection is a process of introducing nucleic acid into eukaryotic cells using various chemical or physical methods", from *Comprehensive Biotechnology*, 2nd edition, Elsevier, 2011.

²⁷ Vincent Racaniello, "What does transfection mean?", *Virology blog*, 12 Feb 2015: <https://www.virology.ws/2015/02/12/whatdoes-transfection-mean/>

²⁸ Samantha Bailey, "The Truth About Virus Isolation", 14 Apr 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/>

4. 抗原(タンパク質)と核酸を、それぞれ抗体検査とゲノム検査に使用するために採取する必要がある²⁹。

これはあまり一般的ではないが、ウイルス学者が「精製」の意味を曖昧にすることもあ
る。2022年5月23日、ベルギーのウイルス学教授 Marc Van Ranst (マーク・ヴァン・ラ
ンス)³⁰は、SARSCoV-2について「別の論文 * では、ウイルスを超遠心分離によって β -
サイクロデキストリン中でさらに精製している」と主張している³¹。ヴァン・ランスが
引用したのは、2008年の論文『Large-scale preparation of UV-inactivated SARS
coronavirus virions... (...UV不活化SARSコロナウイルスビリオンの大量調製)』につ
いての記述であり、SARS-CoV-1ウイルスとされるものに関連している³²。しかし、この
論文は単にvirions(ビリオン)を精製すると謳っているプロトコールの概要を示しただ
けで、論文中に複製能力を持つ粒子の存在を証明した部分は一切なく、示されたのは「感
染した」Vero E6 細胞と称される複数枚の低画質画像のみである。(「細胞変性効果」
については次項を参照)。遠心分離後の「精製済みビリオンの確認」に関する画像は示
されていないが、その主張は、「精製済みビリオンの濃度は、BSA(ウシ血清アルブミン)
を標準物質とするBCA(ビシンコニン酸)測定法によって決定される」というものであ
った。これは根拠なき結論である。BCA法は単に溶液中の総タンパク質濃度を測定するも
のであり、この技術はサンプル中に「ビリオン」の存在を証明することは出来ないから
である。* (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>)

下図1は、「コウモリSARS様コロナウイルス」の精製ビリオンと称される画像で、2013
年 Nature(ネイチャー)誌に掲載されたものである。(粒子サイズに都合の良いばらつき
があるのは、「[コロナウイルスの]突起を除いた直径は通常80~120 nmだが、極端な場
合には60~220 nmの間で変化することがある」³³ためであるようだ)。同様に、ヴァン・
ランスの引用論文における「10%SDS-PAGE(SDS-PAGE=ポリアクリルアミド電気泳動)
によってビリオンの量を確認する方がよい」³⁴という主張も誤りである。つまり、これ
は単にタンパク質をその分子量から分離するためのゲル電気泳動プロセスであり、タン
パク質がウイルスに属するという証拠を提示することは出来ないからである。ヴァン・
ランスはこうも述べている。「我々はすでに臨床サンプルからウイルスRNAを検出する

²⁹ The Perth Group, "HIV - a virus like no other", 12 Jul 2017:
<http://thepertthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

³⁰ "Marc Van Ranst", Wikispooks: https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst

³¹ By email from Marc Van Ranst, "Purification of SARS-CoV-2", 23 May 2022:
<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

³² Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for
vaccine antigen", *Methods in Molecular Biology*, 1 Jan 2008: https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11

³³ Malcom MacNaughton and Heather Davies, "Coronaviridae", in *Animal Virus Structure*, Elsevier, 1987.

³⁴ Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis

ことが可能だ。ウイルスゲノムの解読も完了する。細胞培養でウイルスを増殖させ、動物モデルに接種することで病気の誘発も可能だ」³⁵。ヴァン・ランスが、この種の実験全てにおいて対照実験を行わない方法論が、いかなる「ウイルス」についても証拠とならないことを理解していたかどうかは不明である。ヴァン・ランスによる「SARS-CoV-2の存在を疑う科学者はいない」³⁶という主張は、ウイルス学者が妄信的行為を貫くために、「科学者」の定義さえ変えなければならなくなったのかとの疑問を抱かせる。

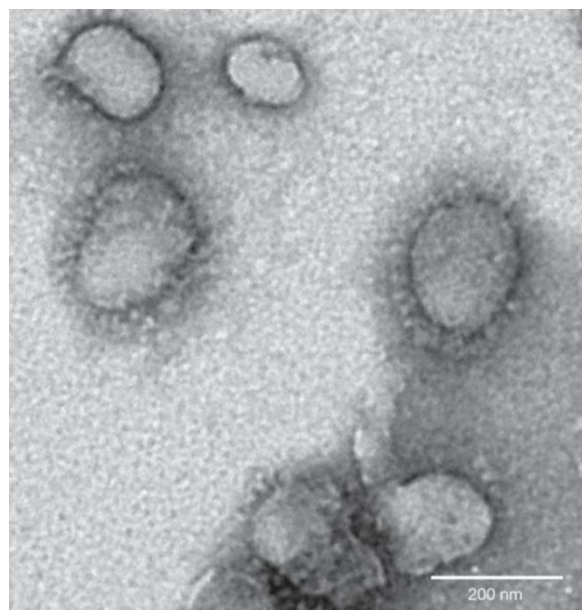


図1. この画像は「精製済みピリオンの電子顕微鏡写真」と説明されており、「Ty90ローター(ベックマン社製)の使用によって20%スクロースクッション(5ml)を介して超遠心分離(80,000g、90分間)」して撮影されたものである。画像中の小胞が生物学的特性を有しているか確立されていないことに加え、Vero E6細胞培養液中の成分が精製された形跡もなく、他の画像も提供されていない。さらに、対照培養の顕微鏡写真は記録されていない。出典：Xing-Yi Ge, et al., 『Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor, Nature, 30 Oct 2013(ACE2 レセプターを用いたコウモリSARS様コロナウイルスの分離及び特性解析)ネイチャー 2013年10月30日号』：<https://doi.org/10.1038/nature12711>(この「ウイルス」を用いてRalph Baric et al.(ラルフ・バリックほか)が新種のウイルスを作り出したという主張については、56ページも参照のこと)。

ヴァン・ランスだけがウイルスの精製について主張していたわけではない。Eメールの問い合わせに対し、ロバート・コッホ研究所のDr Marica Grossegessse (マリカ・グロッセゲッセ)博士³⁷は、「私たちは密度勾配によってSARS粒子を精製しました。しかし、ご質問にあるように、細胞培養からのウイルスだけです。患者のサンプルからSARSを精

³⁵ By email from Marc Van Ranst, "Purification of SARS-CoV-2", 23 May 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

³⁶ Ibid.

³⁷ <https://www.researchgate.net/profile/Marica-Grossegessse>

製する際の難点は、目視出来るバンドが得られないことです」³⁸と回答した。仮説上のウイルスを症候群の名前に置き換えたという不適切な用語を抜きにしても、こうした主張がいかんにして立証されたのか、それ以上の証拠は提供されなかった。おそらくグロッセゲッセは、図1にある「精製」と「ウイルス」の定義もそのまま使っているのだろう。対照実験が適切に行われたのか、さらに詳しく尋ねると、彼女は「私たちはプロトコルを一般の人と共有することは許されていません。私が紹介出来るのは、感染実験が詳細に記された私たちの出版物だけです」と答えた。「詳細」もまた異なる意味を持つようになったようだ。出版物は、求められている対照実験に関する明確な答えを示していないからである。

分離というテーマはウイルス学が完全に混迷している領域の一つであり、本稿で述べるように、SARS-CoV-2は仮説上のコンピューターによる作り物に過ぎず、証明されていない遺伝子の断片から組み立てられたものに他ならない。これまで、物理的に分離された(すなわち精製された)粒子が、同じ粒子の生成に関係していると証明されたことは一度もなく、またその粒子がヒトや実験動物モデルの病理学的影響の原因であると証明されたこともない。故に、ヴァン・ランスのようなウイルス学者が、WHOとその支持者と共に、「SARS-CoV-2」と呼称される感染性粒子が病気のパンデミックを引き起こしていると宣言することは、明白な科学的・知的詐欺である。

ウイルス学とは何か？

驚いて、鳥は飛び立った。どんどん小さくなる円を描いて飛び回り、やがて自分の背中に飛び乗ると姿を消してしまった。それがこの鳥の希少性を際立たせている。

- The mythical “oozlum bird” (神話上の「ウーズラムの鳥」)³⁹

ウイルス学を何と呼ぶべきか難しいところだが、これは科学ではない。現行の実践者らは、ある種のアルゴリズムや統計的推測に、循環的推論と確認バイアスを加えたものに従っており、本来科学的手法の根幹をなすはずの、反証というプロセスが完全に欠如しているのである。科学的手法が放棄されていることに、下層部の関係者は気付かないか、偶発的なものかもしれないが、世界のヒエラルキーの上層部においては、ほとんど間違いなく陰謀的動機が働いている。例えば、WHO、CDC (疾病管理センター)、UKHSA (英国保健安全保障庁)は、本稿で明らかにするように、ウイルス学の欺瞞的行為の当事者である。しかしながら、反科学的なやり方は、ウイルス分離の主張、臨床診断における

³⁸ By email from Marica Grossegeesse, Robert Koch Institute, “SARS-CoV-2 / questions”, 1 Apr 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegeesse-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

³⁹ Bill Wannan, *Crooked Mick of the Speewah: And Other Tall Tales*, Lansdowne, 1966.

PCR（ポリメラーゼ連鎖反応）の大規模な誤用⁴⁰、あるいは本稿の焦点である、ウイルス培養とゲノム作成に関わる対照実験という極めて重要な詳細の不開示など、世界のほとんどの国で同様のことが行われている。

どのようにして科学理論を検証するのか？ Karl Popper（カール・ポパー）は、理論や仮説に対する反証の重要性をこう語っている：

そこで私が思うに、理論を覆すことが出来るかどうか、すなわちその反証可能性こそが、理論の検証を可能にし、ひいては理論の科学的性格を構成するのである。そして、理論の検証はいずれも、理論の助けによって導き出された予測に対して反証を試みるものであり、これが科学的方法への手がかりとなるのである。科学的方法についてのこの見解は、科学の歴史からも裏付けられる。科学的理論はしばしば実験によって覆されるものであり、理論を覆すことこそが真の科学的プロセスなのである。科学は循環しているという議論は成り立ち得ないのである⁴¹。

その意味で、果たしてウイルス学が科学的な学問であり得たのか、という疑念を抱くのはもっともなことではないだろうか。科学的方法に関してウイルス学者らは、病気にせよ、検査結果にせよ、観察結果を「ウイルス」によるものとするパラダイムを構築することによって、反証不可能な仮説を作り出す。その観察結果は、循環的推論の過程でウイルスの存在を証明するものとしてすり替えられ、もはやウイルスの存在を証明する必要などなくなってしまうのである。再現性について主張しているもの、例えばPCRプロセスやウイルスゲノムと称するものは、単に同じ循環の回路を増やしているに過ぎない。

歴史的に、ウイルス学における特徴は、有効な対照実験が欠如していることであり、その根幹をなす主張のどれもが、適切な科学的手法の実施によって確立されたものではない。最初の発見とされるウイルスはタバコモザイクウイルスだが、その証拠の一つとして、Dmitri Ivanovsky（ドミトリー・イワノフスキー）が1903年に発表した論文『Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze（タバコのモザイク病について）』があるとされている⁴²。ところが、イワノフスキーの実験には有効な対照実験が一切なく、非科学的で決定的なものではないことは明白である。イワノフスキーは、「この病気は沿岸地域にのみ特有の条件を持って現れる。こうした結論は、病害の発生に湿気が及ぼす影響についての上記の見解と十分に合致するものである。モザイク病は、多湿かつ温暖な気候

⁴⁰ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

⁴¹ Karl Popper, *The Open Society and its Enemies: Volume II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Aftermath* (London: Routledge & Kegan Paul (1962, first published 1947), 260.

⁴² Dmitri Ivanovsky, "Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze", *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten*, Vol. 13, No. 1, 1903, 1-41.

に特有の病気のような⁴³」とさえ述べている。しかし、当時は病原体仮説が主流であったため、イワノフスキーはモザイク病が環境条件によって引き起こされたと考えるのではなく、目には見えないウイルスを発見したと結論付けたのである。

対照実験を伴わない非科学的方法論をとっていたとしても、それはその時代の典型的なやり方であったと、初期のパイオニアたちを許したくなるかもしれない。しかし、病原体仮説を批判したClaude Bernard(クロード・ベルナール)は、1865年、科学的方法を忠実に実行する上で、対照実験の重要性について次のような見解を示している。「ある現象にもたらされた変化や乱れによって実験の特徴を説明するのであれば、その乱れを正常な状態と比較しなければならないことを意味する場合にのみ当てはまる。実験とは一つの評価に過ぎず、実験には二つのものを比較することが不可欠である。そして、実験における意識的あるいは能動的な要素とは、実際には心が意図する比較を指すのである」⁴⁴。ベルナールは、有効な対照実験を行う必要があること、あるいは新たな実験要素のみが結果を招いていることを確認するために、何らかの適切な比較対象が必要であることを忠告していた。従って、考えられる限りの寛大な見方は、おそらく初期のウイルスハンターの一部は、科学的方法の重要性を認識することなく、目に見えない敵を夢中で傍若無人に追い求めたのだらうということである。

ウイルス発見のもう一つの初期の主張であるレトロウイルスの教科書によれば、「1911年、ニューヨークのロックフェラー研究所の Peyton Rous (ペイトン・ルース)は、ニワトリの肉腫の無細胞感染を報告した。分離されたウイルスには発見者の名前、ルース肉腫ウイルスが付けられた」⁴⁵。しかし、ルースの論文『A Sarcoma of the Fowl(家禽の肉腫)』⁴⁶を読み返すと、ウイルスの定義を満たすものはおろか、何かを分離したと主張していたわけでもないことがわかる。ルースの方法は、ニワトリの腫瘍を粉碎し、フィルターにかけ、他のニワトリに直接注射し、一部のニワトリにも腫瘍が発生するかを観察するというものであった。彼は、「対照」実験として、ニワトリにフィルターにかけられていない腫瘍物質を注射したところ、腫瘍ははるかに大きくなる傾向があったと報告している。ルースは、超微細な病原体の存在を仮定したが、「それ以外の作用も考えられなくはない」と認めた。事実、この実験では感染して複製する粒子の証拠は得られなかった。それは単に、不自然かつ侵襲的な経路を経て別の動物に導入された病的組織が、類似の疾病プロセスをもたらすことを示したに過ぎない。

⁴³ Ibid.

⁴⁴ Claude Bernard, *An Introduction to the Study of Experimental Medicine*, 1865, translated by Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

⁴⁵ *Retroviruses*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1997.

⁴⁶ Peyton Rous, "A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells", *J Exp Med*, 1 Apr 1922: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

また1925年に、病理学者 William Gye (ウィリアム・ガイ)による、ルースがウイルスを発見したことを実証したという主張も誤りである。ガイは、これらの実験でウイルスが作用していると断言し、「私は特に、目に見えないウイルスの探索における一つの側面、すなわち、接種液に生物体が存在することを最終的に証明するのは動物実験であることを強調したい」⁴⁷と明言した。この「最終的な証明」でも、接種液中に感染性生物が実際に確認されたわけではなく、単に病変組織を注射した後に腫瘍が形成されることが認められただけであった。さらに1927年には、ヒ素酸の希釈液と異物である胚パルプを注入することで、家禽の肉腫が誘発されることが判明した⁴⁸。発癌作用もまた、ルースが用いたのと同じバクテリアの濾過によって再現され、発癌は宿主組織からではなく、外来組織から起こることが明らかになった。ウイルス仮説は、本来であれば捨て去られるべきものであったが、半世紀を経てもなお、体制側はこの仮説を存続させ、「腫瘍を誘発するウイルスを発見した」として、1966年、ルースにノーベル賞を授与した⁴⁹。

1954年、John Enders (ジョン・エンダース)と Thomas Peebles (トーマス・ピーブルズ)が、麻疹ウイルスをヒトとサルの腎臓細胞で増殖させたと主張したとき⁵⁰、ウイルス学の非科学的実験に、もはや寛容の余地はなかったはずである。エンダースとピーブルズは、咽頭洗浄液と血液を細胞培養に加え、CPE、すなわち試験管内で細胞が死滅し破壊されるのを観察した結果、試験管内の現象は「麻疹のウイルスに関連している可能性がある」と結論づけた。彼らは「細胞変性効果は表面的には麻疹の原因による感染に似ているが、サルの腎臓組織に存在する他のウイルスや未知の因子によって誘発される可能性がある」とも警告しているが、「この原因物質群は麻疹の原因であるウイルス種の代表的なもので構成されている⁵¹」という誤った結論に至っている。エンダースとピーブルズは、対照実験を全く行わず、培養方法そのもの、つまり試験管内で細胞にストレスを与えることで同じCPEが生じるかどうかを確認しなかったため、彼らの結論の根拠は無効である。理想的には、複数の対照実験を行うべきだった。例えば、ヒト由来のサンプルを加えないもの、健康な被験者から採取したヒト由来のサンプルを用いたもの、そして、臨床的には麻疹にかかっていない、あるいは他の「ウイルス性」とされる状態にある被験者から採取したヒト由来のサンプルを使用した実験である。

⁴⁷ William Gye, "Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer", *BMJ*, 1 Aug 1925: <https://www.jstor.org/stable/25445900>

⁴⁸ A. W. M. White, "A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp", *The Journal of Cancer Research*, 1 Mar 1927: <https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic>

⁴⁹ "The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1966": <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/>

⁵⁰ John Enders and William Peebles, "Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles", *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (received 16 May 1954), 277-286.

⁵¹ Ibid.

しかしウイルス学者らは、エンダースによる対照実験が欠如した方法論を踏襲し、今日でも依然として、CPEは議論の余地のないウイルスの証拠であると主張している。ステファン・ランカは、こうした非科学的慣習の歴史を文書化し⁵²、2021年には、実験室のプロセスそのものにより、細胞培養でCPEを誘発出来ることを実証した⁵³。ランカの実験結果は図2に示されている。ウイルス学の出版物の多くには、対照実験や「模擬感染」実験について言及されているものの、そうした実験の詳細が記載されていないものが際立っている。イリノイ州ノースウェスタン大学のウェブサイトによると、模擬感染とは

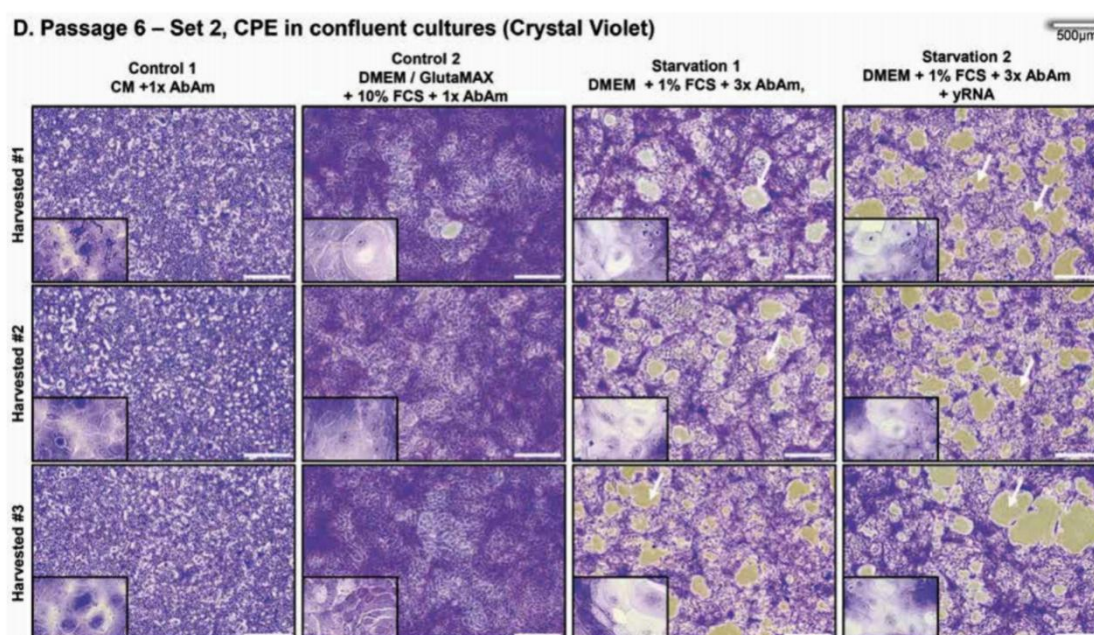


図2. ステファン・ランカ博士の実験：CPE（白矢印）は、上皮細胞に継代培養と抗生物質でストレスを与えることで誘発された。酵母RNA（4列目）を添加すると、CPEはさらに誘発された。「ウイルス」は加えず、実験は3連で行われた。出典：Stefan Lanka et al. (ステファン・ランカ ほか)、“Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die Reaktion primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikations-Bedingungen widerlegen die Existenzhypothesen aller Viren und von SARS-CoV-2”, 25 Mar 2022: <https://coldwelliantimes.com/eimeldung/kontrollexperiment>

「感染実験における対照を意味し、二つの標本を用いる。一方は目的のウイルス／ベクターに感染させ、もう一方はウイルスに感染させない以外は同様に処理する」⁵⁴とある。この定義はすでに問題がある。それは、定義が確立される前に、「ウイルス」や「感染」といった用語が導入され、その結果、存在すると推定されているからである。これから

⁵² Stefan Lanka, “The Virus Misconception”, *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 01/2020, 4.

⁵³ Dean Braus, “CPE - Control Experiment - 21 April 2021 - English version”: <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

⁵⁴ Northwestern University, Illinois, “mock-infected” definition: <https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html>

明らかになるように、ウイルス分離やゲノム作成に携わっているとされる研究者らは、模擬感染サンプルから「ウイルス」を除いたものを同様に処理していないことは確かであり、この事実を認めるよう迫られると、態度を曖昧にしたり、あからさまに妨害したりする傾向がある。

2022年6月、オタゴ大学はOIA (Official Information Act : 公的情報公開法) の要請に応え、論文『Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as a Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic (COVID-19パンデミックへの緊急対応の一環としてのニュージーランド・アオテアロアにおける初のSARS-CoV-2分離株の特徴)』⁵⁵に対して、「Quiñones-Mateu (キニョネス・マテュー) 教授らによって発表された論文は記述的なものであり ... つまり、証明する仮説も反証する仮説もなかった」⁵⁶と表明した。端的に言えば、この回答はおそらく、ウイルス学が置かれている広範な現状を、図らずも言い当ててしまったのだろう。2008年、雑誌 *Infection and Immunity* (感染と免疫) には、「記述的科学」と題するゲストコメントが掲載され、「記述的研究それ自体で結論に至ることはめったになく」、さらなる研究を促す出発点としての役割を果たすに過ぎない、とその理由を説明している⁵⁷。その中で著者らは、「微生物学と免疫学は今や実験科学であり、その結果、研究者は観察結果を記述するにとどまらず、仮説を立て、それを検証あるいは反証するための実験を行うことが出来る」と指摘している。本稿が明らかにしているように、ウイルス学の権威は、一見、自らへの反証を避けるために、必要とされるこうした実験を公表も実行もしない。それは確証バイアスに基づく場当たり的で漁夫の利を得る手段に過ぎず、ポPPERが説いた仮説主導型及び反証可能なアプローチとは矛盾しており、科学的方法論から完全に逸脱しているのである。

筆者は以前、A. F. Chalmers (A.F. チャルマース) の著書『What is this thing called Science? (科学とは何か)』から引用したあとがきに、ウイルス学の本質的な問題の一つは、ウイルスが実在するかどうかを確定する前に、科学分野としてのウイルス学を発明してしまったことである、と記した。ウイルス学は発足以来、常に自らを正当化しようとしてきたのである：

つまり、ウイルス粒子が先に観察されたわけではなく、それをきっかけにウイルスに関する理論や病理学が開発されたのである。19世紀後期の科学者らは、想像上の伝染性病原体

⁵⁵ Rhodri Harfoot, et al., "Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic", *Viruses*, 10 Feb 2022: <https://doi.org/10.3390/v14020366>

⁵⁶ Letter from Kelsey Kennard, University of Otago, "Official information request for information regarding the paper 'Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic'", 22 Jun 2022.

⁵⁷ Arturo Casadevall and Ferric Fang, "Descriptive Science", *Infection and Immunity*, 14 Jul 2008: <https://doi.org/10.1128/iai.00743-08>

の同定に躍起になっていた。未熟な帰納主義者による研究では、最初にウイルスを特定し、次にその特性や特徴を調べる、ということは行われなかった。当時の前提として、伝染を説明出来るような極めて小さな細菌粒子が存在すると考えられていた。それから先は、その前提を満たすために登場したものである⁵⁸。

科学的理論には、科学的手法に則って繰り返し検証され、それを証明することが必要であるため、「ウイルス」が理論の段階にさえ達していないことは明白である⁵⁹。つまり、科学によれば、「ウイルス」は単なる憶測に過ぎないということだ。

対照実験の欠如が示すウイルス学の非科学性

OIA(公的情報公開法)の調査依頼により、SARS-CoV-2粒子の分離とゲノム配列決定を実施したと主張するニュージーランドのESR(環境科学研究所)もまた、有効な対照実験を行っていないことが判明した⁶⁰。エンダーズと同じやり方で、彼らは自分らが目の当たりにしたCPEや、コンピューター・シミュレーションで組み立てたゲノムが、実際の対照実験でも作成可能かどうかを確認しようとしなかった。つまり、他のヒト由来のサンプルを用いた実験を行うことで、健康な被験者と、いわゆるCOVID-19を発症していないとされる健康でない被験者の両方から得られたサンプルによる実験を行うことを意味する。ところが、ESRはその代わりに、不十分な「陰性対照」について、「フラスコは、ウイルス培養に使うフラスコと同じ条件で培養するが、我々は感染培地だけを使う」と説明した。

こうした反科学的行為の主導者はWHOである。その94ページに及ぶ『Genomic sequencing of SARS-CoV-2(SARS-CoV-2のゲノム配列決定)』文書の中で対照サンプルについての記述がわずか4文しかないことは、事実を物語っている：

6.4.2 対照サンプル

陰性対照サンプル(バッファや水など)は、複数のサンプルを含む配列決定実行時には必ず組み込むこと。また、これらは可能な限り早い段階で導入し、配列決定パイプラインの全段階においてサンプルと同時進行させるべきである。これは、実験室内またはバイオインフォマティクス処理中に発生する配列決定実行中のコンタミネーションを除外するために極めて重要である。また遺伝子配列が既知の陽性対照サンプルは、コンセンサスコー

⁵⁸ Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25 Jul 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

⁵⁹ Ibid.

⁶⁰ Mark Bailey, "Fact-check: New Zealand can't find the 'SARS-CoV-2 virus'", 12 Feb 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/factcheck-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

ルのために新たに採用または適応されたバイオインフォマティックパイプラインの検証に役立つことがあるが、全ての配列決定実行に組み込む必要はない⁶¹。

しかし、いずれの対照実験も、パイプラインの調整を行うだけであり、ウイルス学者がこうした技術で作りに出した「ゲノム」を検証するには不十分である。現在明らかになっているように、WHOは有効な陽性対照実験を一つも挙げられないにもかかわらず、2020年2月11日、自らが発明した新たな病気を「COVID-19」と命名し、新型コロナウイルスが原因であると主張したのである⁶²。要するにWHOは、世界中の誰もがSARS-CoV-2を自宅の庭で「発見」出来る許可を、有効な対照実験なしに与えたということである。しかし、対照実験の必要性は明白である。つまり、ウイルスがないとされる同様の患者サンプルを同じ方法で処理し、一つの変数だけを調べるのである。ウイルスが含まれるとされるサンプルを、上記のWHOの文書に記載されている陰性対照の一つと比較しても、後者のサンプルには前者のサンプルの一部であるゲノムの構成要素は含まれていないため、そのプロセスの妥当性を確認することは出来ない。いずれの場合でも、ニュージーランド ESRの意味するところの陰性対照でさえも、WHOが述べているように、それは単なるコンタミネーションの予防的チェックに過ぎず、ウイルスゲノムを作成するために使用している方法論の妥当性を証明することにはならないのである。

存在すると仮定されたウイルスの培養に失敗してきた現代ウイルス学では、粗製標本を直接メタゲノミクスによって⁶³解析し、しばしばショットガンシーケンス⁶⁴を用い、その後これらの遺伝子断片を人工的に組み立てることで、無から新たな*in silico* (インシリコ)⁶⁵「ウイルス」を作り出すことが推奨されるようになっている。この発明は、あら

⁶¹ World Health Organization, “Genomic sequencing of SARS-CoV-2 - A guide to implementation for maximum impact on public health”, 8 Jan 2021.

⁶² “WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020”, WHO, 11 Feb 2020:
<https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>

⁶³ “Metagenomics is the study of the structure and function of entire nucleotide sequences isolated and analyzed from all the organisms (typically microbes) in a bulk sample. Metagenomics is often used to study a specific community of microorganisms, such as those residing on human skin, in the soil or in a water sample.” - NIH National Human Genome Research Institute, “Metagenomics”:
<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics> (accessed 27 Apr 2022). It is an illegitimate methodology when used by virologists as none of the sequences that are obtained and declared to be “viral” have been shown to come from a virus at any time as this essay will detail.

⁶⁴ Shotgun sequencing is a method that randomly fragments the DNA in a sample into short segments, for example 150 base pairs in length. These short fragments are sequenced to obtain “reads”. From this point the process relies on sequence assembly software to arrange overlapping reads into “contigs”.

⁶⁵ “In or on a computer: done or produced by using computer software or simulation.”:
<https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico>

はじめ設計されたPCRプライマーパネル⁶⁶を、ウイルスハンターに提供することで、同じ配列を発見し、同じウイルスであると主張することが可能になる。ESRは、この方法論によって9人の被験者からSARS-CoV-2を発見したと発表した出版物に関与している⁶⁷。ESRは筆者の同僚から、「配列決定の結果を比較する際に使用された対照群の全ての詳細」を示すよう求められたが、その質問に回答する代わりに、「新たなデータ作成」には関与しないと弁明し、SARS-CoV-2の配列決定プロトコルのリンクをいくつか提示しただけであった⁶⁸。仮にESRがprotocols.ioのサイトに詳述されているようなプロトコルを使用しているとすれば、「ヌクレアーゼを除いた水を陰性対照とし、オプションとして合成RNAコンストラクトや希釈可能な臨床用高力価サンプルを陽性対照とすることも出来る」⁶⁹と説明されているような対照として不適切なものを推奨していることがわかる。繰り返しになるが、この種の対照物質は、パイプラインの調整技術としての役割を果たすだけで、「ゲノム」を組み立てる際の検証や臨床的重要性を示すものではない。

ESRは利用可能な資源があるにもかかわらず、SARS-CoV-2が存在するかどうかを自ら確認する必要性について考えていないようである。2022年7月19日、OIAの要請に対し、ESRは「ESRはSARS-CoV-2ウイルスの存在を科学的に証明する実験を行っていないため、いかなる記録も提供出来ない」と回答した⁷⁰。2022年8月17日、ESRは別の要求に対して、「ESRはSARS-CoV-2ウイルスの存在を科学的に証明する実験を行っていないため、いかなる記録も提供出来ない」と認めた⁷¹。他のどの研究機関も、必須とされる科学的実験を行っていない。

動物虐待と「抗体」研究

ウイルスの定義に合致する病因となる粒子の物理的分離を証明出来ないことから、ウイルス学者らは動物実験を行うことで、素人にそうした病原性粒子が存在することを納得

⁶⁶ Example for SARS-CoV-2: “xGen™ SARS-CoV-2 Amplicon Panels”:
<https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel>

⁶⁷ Nick Eichler, et al., “Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 during border quarantine and air travel, New Zealand (Aotearoa)”, *Emerg Infect Dis.*, May 2021:
<https://doi.org/10.3201/eid2705.210514>

⁶⁸ (Letter from ESR, ‘Official Information Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514’, 25 Mar 2022.)

⁶⁹ protocols.io, “nCoV-2019 sequencing protocol v3 (LoCost) V.3”:
<https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocolv3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1>
(accessed 28 Mar 2022).

⁷⁰ (Letter from ESR, ‘Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence’, 19 Jul 2022.)

⁷¹ Letter from ESR, ‘Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation’, 17 Aug 2022:
<https://mega.nz/file>

させることに力を注いできた。動物実験に関する論文の特徴は、有効な対照実験が欠如していることである。そのため、「ウイルス」を扱っているという未確立の前提であっても、ウイルス学のもう一つの反科学的側面を露呈しているのである。その実例となるのが、Christian Drosten (クリスチャン・ドロステン) と Ron Fouchier (ロン・フーチエ) を含むチームが2020年5月に発表した論文『Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model (霊長類モデルにおけるCOVID-19、MERS、SARSの病理学的観点からの比較)』である⁷²。Science(サイエンス)誌に投稿されたこのナンセンスな論文内容の要約は下記の通りである:

1. 実験に使われた8匹のカニクイザルは、「麻酔下でSARS-CoV-2を気管内(4.5ml)と鼻腔内(1鼻孔あたり0.25ml)の併用経路で接種された...」⁷³
(筆者コメント) — これは自然な暴露経路ではない上、4.5mlを小型(3.5~5.0kg)のサルの肺に流し込むことは、人間の肺に約80ml(⅓カップ)の生体異物を、睡眠中に注入することに相当する。この量だけでも、肺組織に損傷と炎症を引き起こすのに充分である。
2. カニクイザルの肺に注入されたのは、ドイツの臨床例から入手したSARS-CoV-2(分離株BetaCoV/Munich/BavPat1/2020)であり、「ウイルスは、ペニシリン(10,000 IU/mL)とストレプトマイシン(10,000 IU/mL)を加えたOpti-MEM I(1X)+GlutaMAX(Gibco)中でVero E6細胞を継代3まで増殖させた」。
— 研究者チームも供給者⁷⁴もサンプル中にウイルスが存在することを証明していないにもかかわらず、研究者らはウイルスの「分離株」を保有していると主張している。唯一言えることは、サンプルにはヒト由来の臨床標本とサルの腎臓細胞からの生体異物に加え、死滅した組織の残骸と2種類の抗生物質が含まれているということである。
3. 「いずれの感染動物にも顕著な臨床徴候は観察されなかったが、1匹の老齢動物に接種後14日目に漿液性の鼻汁が認められた。実験期間中、いずれの動物にも著しい体重減少は見られなかった。」
— 言い換えれば、研究者らが主張するSARS-CoV-2ウイルスが肺に直接注入されたにもかかわらず、いずれのサルにも顕著な病気は引き起こされなかったということである。
4. 「接種後14日目までに、残った全ての動物は血清転換し、血清中にウイルスS1ドメイン及びヌクレオカプシドタンパク質に対するSARS-CoV-2特異的抗体が存在することが明らかになった。」
— S1ドメインとヌクレオカプシドタンパク質は、宿主の「抗体」と称される他のタンパク質の(試験管内測定による)検出を誘導するかどうかにかかわらず、ウイルスに由来するものであることは示されていない。ウイルス学者らは、再び循環的推論を展開し、抗体の検出がウイルスの存在を証明すると主張している。

⁷² Barry Rockx, et al., “Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model”, Science, 29 May 2020: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

⁷³ Ibid, supplementary material.

⁷⁴ European Virus Archive Global, “Human 2019-nCoV Isolate”: <https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncovisolate>

5. 「virus shedding(ウイルスのシェディング/排出)を確認するために鼻、喉、直腸のぬぐい液をRT-qPCR (逆転写-定量的ポリメラーゼ連鎖反応)でウイルスを測定した。

— いわゆる「virus shedding(ウイルスのシェディング)」というものは存在しない。最近サル気道の気道に注入されたものと同じ配列が検出されただけである。こうした外部からの核酸配列は、当然のことながら、その後数日間で、自然の自浄作用によってサルの体内から消滅した。

6. 「SARS-CoV-2は、接種後14日目に1頭の直腸ぬぐい液から検出されたのみで、実験期間中いずれの時期においても全血からウイルスRNAは検出されなかった。

— 今回もまた、遺伝物質が導入された場所でしか検出されなかったことがわかる。(直腸ぬぐい液が唯一陽性であったのは偽陽性であったか、あるいは導入された生体物質の一部をサルが飲み込んでしまった可能性がある)。「ウイルス」だと仮定されたものが侵襲的な特徴を持つことを証明出来たケースは皆無であった。

7. サルのうち4匹は、生体異物入りの液を接種した4日後に死んで剖検された。この4匹のうち2匹は肺に小さい硬化巣があったとされ、著者らは「幼若動物、老齢動物いずれも、肺の硬化組織における主な組織病変は肺泡と細気管支に及んでおり、急性またはより進行したDAD (diffuse alveolar damage:びまん性肺泡損傷)が起きている部分から成っていた」と述べている。組織学的特徴は、「SARS-CoV-2」の典型であると主張された。

— この主張が全く根拠がない理由については、以下の図3を参照のこと。

8. 「SARS-CoV-2抗原の発現は中程度の数のⅠ型肺細胞とDAD病巣内の若干のⅡ型肺細胞において検出された」。

— これは「SARS-CoV-核タンパク質に対するウサギポリクローナル抗体(40143-T62、米国ペンシルベニア州チェスターブルックのSino Biological-シノバイオロジカル社製)」に基づくIHC(免疫組織化学)染色技術によって主張されたものである。研究者にとって都合なことに、この製品のサプライヤーによれば、「IHC、FCM、IF、IPその他の用途については検証されていない」ということである。(抗体の用途については、対応するウイルス陽性サンプルでの検証はなされていない⁷⁵)。いずれの場合でも、この例は、抗体がウイルスの「証拠」であるという、広範囲に及ぶ誤謬をさらけ出すために用いることが出来る。シノバイオロジカル社によれば、この抗体は同社の「SARS-CoVヌクレオカプシド・タンパク質(Hisタグ)」製品⁷⁶をウサギに注射した結果として得られたものであるという。また、このヌクレオカプシドタンパク質は、「SARSCoV(分離株: Tor2)のヌクレオタンパク質をコード化したDNA配列」から産生されたとしている。この「Tor2」配列は、Fan Wu et al.によってSARS-CoV-2 (別のin silicoモデル)を発明する目的で使用された二つのin silicoテンプレートのうちの一つであることは、30ページを参照されたい。結

⁷⁵ “SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid Antibody, Rabbit PAb, Antigen Affinity Purified”, Sino Biological:
<https://www.sinobiological.com/antibodies/cov-nucleocapsid-40143-t62>

⁷⁶ “SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)”, Sino Biological:
<https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-covnucleocapsid-40143-v08b>

論から言えば、この論文ではさらに循環的推論がなされている。つまり、今回のヌクレオカプシドタンパク質も含め、いずれのタンパク質もウイルス由来であることが示されていないのである。研究チームが「ウイルス性」タンパク質を動物に注射し、それに反応して動物が「抗体」と主張される他のタンパク質を産生したと主張したに過ぎない。しかし、ウイルスの存在は証明されておらず、またこの種の実験にウイルスが必要なわけでもない。（別の例として付け加えると、クイーンズランド大学が開発したCOVID-19候補ワクチンの接種を受けた健康なボランティアの100%で「HIV抗体」が認められたことについては、HIV産業と抗体産業双方の推進者にとって極めて恥ずべき行為である⁷⁷⁾）。

だが、動物実験における決定的な欠陥は、対照実験の欠如であり、科学的手法に則っていなかったことである。つまり、比較対象となるサルのグループには、「ウイルス」とされるものを取り除いた同じ組成と量の生体サンプルを直接肺に流し込むという内部侵襲が行われなかったのである。ここで明確にしておくが、筆者はこのような実験は残酷な処置であり、自然な接触経路とは無関係であるため、推奨しているわけではなく、単に適切な対照実験の必要性について指摘したいだけである。残念ながら、このような非科学的方法論は、検証済みの全ての動物実験で繰り返されている。そのいずれもが、(a) ウイルスを含むとされるサンプルを用いた自然な暴露方法、(b) 適切な「模擬感染」（例えば、リン酸緩衝生理食塩水のみでの不誠実な方法）、(c) 動物間における病気の伝播、などといったことを実証しているものは皆無である。もちろんこれは基礎的な問題に加えて、いずれの研究も、検査すると称している感染性粒子が実際に存在することを示していないということである。

さらに、それほど「ウイルス」に感染力があるのなら、単にサンプルをエアロゾル化してケージに設置し、それを動物が吸い込むようにすればよいのではないのか？ここでもまた、こうした実験を避けるのは、ウイルス学者らが、想像上の粒子が伝染性を持つという主張に対して反論出来ないようにするためである。

⁷⁷ Dr Sam Bailey, "Covid-19 Shots, Cancer and HIV", 14 Jul 2021:
<https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/>

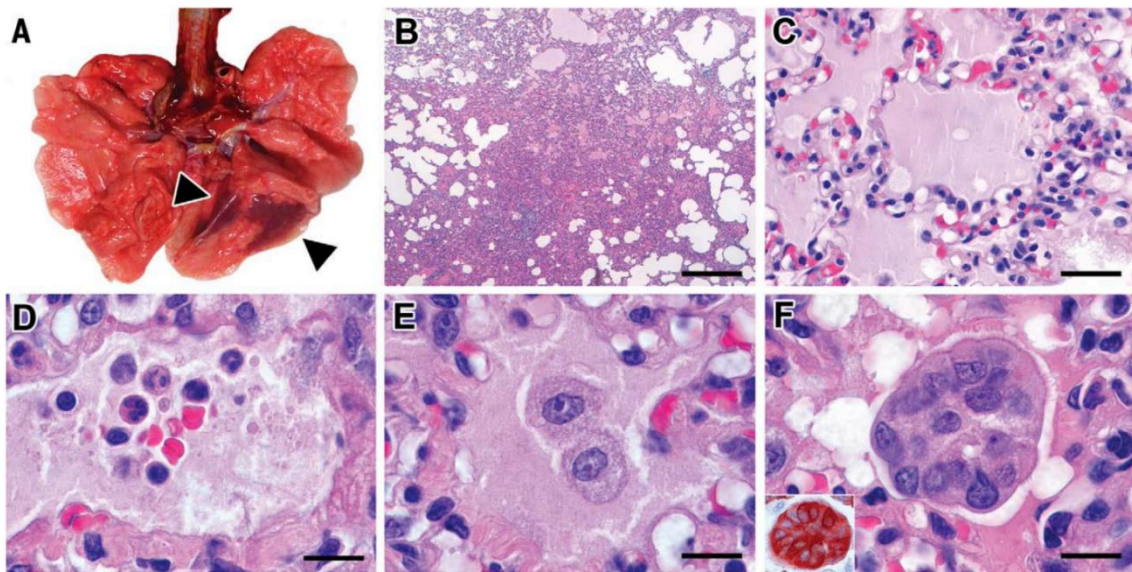


図3. 論文『Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model (霊長類モデルにおけるCOVID-19、MERS、SARSの病理学的観点からの比較)』中に掲載され、SARS-CoV-2の「特徴的な病理学的変化」であるとされている画像の一部。(A)～(C)の肺の変化は、麻酔をかけたサルに気管に、異物である生体物質を含む液体を直接流し込んだことによる肺炎と一致する。また、(D)～(F)の組織学的変化は、こうした肺炎で起こりうるマクロファージや好中球のような炎症細胞を単に示したものである。対照実験は行われていない。

ウイルス - 数のパラドックス

これまで私たちは、ヒトなどの宿主の内部で、ウイルス粒子が大量に増殖し、細胞を破裂させることが出来ると信じ込まされてきたが、その一方で、ウイルス学者によれば、ウイルス粒子は患者のサンプルには見られないほど微量にしか存在しないという。SARS-CoV-2と主張されている粒子に関しては、「COVID-19患者のくしゃみ1回に2億個のウイルスが含まれている」と計算されている⁷⁸。しかし、仮に被験者の鼻や肺から直接(物理的に大量の)サンプルを採取しても、ウイルスは全く検出されない。この不都合な問題を覆い隠すために、ウイルス学者らは組織培養による間接的な「証拠」を提示し、存在しないウイルスを絞り出そうとしているのである。John Bevan-Smith (ジョン・ベヴァン・スミス) 博士との共著『The COVID-19 Fraud & War on Humanity (COVID-19 詐欺と人類に対する戦い)』で概説したように、これはウイルス学のもう一つの二重の欺瞞である。すなわち、「偽の病原体と病気の因果関係を立証するために、in vivo(生体内)で健康な宿主あるいは病気でない宿主に感染させるという手段から、in vitro(試験管内)で典型的な異常細胞株を接種してCPE(細胞変性効果)を誘発させるという偽の

⁷⁸ "Number of the day: one sneeze of a COVID-19 patient contains 200 million viruses", *Новые известия*, 22 May 2020: <https://en.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-patient-of-covid-19>

代用手段に置き換えること」そのものを指している⁷⁹。つまり、完全な宿主細胞でできているとされるヒトの呼吸器管では、目に見えるほどのウイルスは生成されないが、別の種や細胞型の組織を使った試験管実験ではそれが確認されるとでもいうのだろうか？

ウイルス学における定義によれば、仮説上の粒子は受動的であり、老廃物は一切生成しないため、いかにして宿主に健康被害をもたらすかは謎である。ファイザー社は一般向けに、「免疫系は、こうした細胞への損傷に反応し、活性化する」と説明しているが、この想像上の主張に対して科学的根拠は挙げていない⁸⁰。『Medical Microbiology(医学微生物学)』第4版では、さらに掘り下げて次のように述べている：

ウイルス感染による直接的細胞損傷と細胞死は、(1)細胞のエネルギー転換、(2)細胞の高分子合成の停止、(3)細胞のリボゾームに対するウイルスのmRNAの競合、(4)RNAポリメラーゼなどの細胞転写因子に対するウイルスプロモーターや転写エンハンサーの競合、インターフェロン防御機構の阻害によってもたらされる可能性がある。また、ウイルスゲノムの統合、宿主ゲノムの変異誘導、炎症、宿主免疫反応によって間接的な細胞障害が生じることもある⁸¹。

要するに、ウイルス学者らは、ヒトなどの生物に存在すると仮定される粒子について、複数の仮説的病原メカニズムを持ち出しているのである。そして繰り返すが、たとえこうした仮説的メカニズムが機能していたとしても、症状を引き起こすには莫大な数の細胞が被害を受ける必要がある。しかし、その莫大な数の細胞から、桁外れの量のウイルス粒子が発生することになるわけだが、なぜウイルス粒子は発見されないのだろうか？ウイルス学は、その幻のモデルが疑問視されるような場面から視線をそらす習性がある。

第2部

Fan Wu et al. デウス・エクス・マキナ(機械仕掛けの神)

彼らは、この男の病因としてウイルスを必ず見つけ出すと決めたのだろう。メタ・トランスクリプトミクスと呼ばれる技術を使って、この男のRNA、膨大な数の微小なRNAを徹底的に調べ上げた。

⁷⁹ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

⁸⁰ "How do Viruses Make us Sick?", *Pfizer.com*: https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick (accessed 20 May 2022).

⁸¹ Samuel Baron, et al., "Viral Pathogenesis" in *Medical Microbiology*, 4th edition, 1996: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/>

それは遺伝子に関係することで、RNAとDNAを洗い出し、塩基配列を決定し、増幅する... それは科学主導とは呼ばない、技術主導だ... 彼らは、ある塩基配列にたどり着くと、「ウイルス」を発見したと決めつけた。ウイルスにはこれっぽっちも触れてもいないのに。それで、それがこの男の肺炎の原因だと言ったというわけだ。

- Dr David Rasnick PhD (デイビッド・ラスニック)博士、Fan Wu et al.によるSARS-CoV-2の「発見」についての談話⁸²。

『The COVID-19 Fraud & War on Humanity (COVID-19詐欺と人類に対する戦い)』⁸³では、Fan WuのチームによるSARS-CoV-2の発明について記した。このチームは、ただの「症例」の粗製肺洗浄液から検出された、出所不明の遺伝子断片からinsilico「ゲノム」を構築し、それを『A new coronavirus associated with human respiratory disease in China (中国におけるヒト呼吸器疾患に伴う新型コロナウイルス)』⁸⁴に記載した。この論文を詳しく分析すると、COVID-19パンデミックがいかにして作り出されたのかがわかるだろう。それは「ゲノム」の発見を、メタ・トランスクリプトミクスの手法による徹底的な解析を通じて、単に粗製標本に含まれる全RNAを検出しようとしたものであり、存在しない病原体を作り上げるためにいかに悪用されたかを示している。肺炎と診断された、たった一人のヒトから、「コロナウイルス科の新たなRNAウイルス株を同定し、これを“WH-Human 1”コロナウイルスと命名した」⁸⁵と誰もが宣言出来るというのはそれ自体が茶番である。この論文著者らは、「ウイルスの分離はたった一人の患者からのものであり、それが呼吸器症状を引き起こしたと結論づけるには足りないが、我々の所見は、より多くの患者を対象とした他の研究でも個別に確認されている」と述べ、これを正当化しようとした。まず第一に、ウイルスが物理的に分離されていない点については、後ほど詳述する。第二に、「個別に確認されている」という彼らの主張は、Peng Zhou et al. (ペン・ツォウ ほか)の2020年2月の論文に照らしたものであり、この論文は何の裏付けにもなっておらず、その欠陥については41ページで詳述している。ここで唯一言えるのは、仮に循環的推論が成り立つとすれば、似たような遺伝子配列が複数回見つかったと、それがウイルスの確認とみなされるということだ。GISAID (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data) データベースはこのようなウイルス学的ナンセンスの巣窟であり、2022年8月29日までに1,280万件以上のSARS-CoV-2を「発見」と主張している⁸⁶。しかし、そのどれもが実際のウイルスを示すことは出来ず、Fan Wu et al.の論文や、過去に組み立てた配列と一致する類似の配列を突き合わせて「当たり！」と呼んでいるだけで、実際のウイルスは不要なのだ。

⁸² “Episode One: The Tragic Pseudoscience of SARS-CoV-2”, *The Viral Delusion*, Paradigm Shift, 2022: <https://paradigmshift.uscreen.io/>

⁸³ Mark Bailey & John Bevan-Smith, “The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

⁸⁴ Fan Wu, et al., “A new coronavirus associated with human respiratory disease in China”, *Nature*, 579, 265–269, 3 Feb 2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

⁸⁵ Ibid.

⁸⁶ GISAID: <https://www.gisaid.org/> (accessed 29 Aug 2022).

また注目すべきは、この著者は肺炎あるいは発熱を伴う急性呼吸器症候群のいずれの症例についても、その原因を断定していないが、医学界一般では、約半数の症例で「病原体」が同定されていないことを認めていることである^{87, 88}。それではなぜ、Fan Wu et al. は患者が新種のウイルスを保有していると推測したのだろうか？その理由は、「武漢疾病予防管理センターによる疫学調査で、患者が地元の屋内海鮮市場で働いていたことが判明したから」⁸⁹と思われる。しかし、この説明は明らかに根拠薄弱である。中国ではこうした水上市場はありふれたものであり、コウモリ由来説があるにもかかわらず、Fan Wu et al. は「コウモリは一切販売されていなかった」と報告しているのである。

いずれにせよ、彼らは患者からBALF(気管支肺胞洗浄液)を採取し、この粗製標本を使用し、「200 μ lのBALFから全RNAを回収した」と発表している。その方法の項目によれば、これは「RNeasy Plus Universal Mini kit (Qiagen社製)を用いて」、すなわちスピニング遠心分離によって達成されたとのことである。彼らの主張によれば、「リボゾームRNAの除去はライブラリー構築中に行われた」とのことだが、既知のヒトRNA配列と一致率が依然として高い点は疑問に思われる。その理由については43ページを参照されたい。次に、彼らはショットガンシーケンスを行い、まずランダムに遺伝物質を平均150ヌクレオチドの長さに断片化し、逆転写酵素を使ってRNAをDNAに変換した⁹⁰。その結果、56,565,928本のショートリードが得られ、この情報は、de novoアルゴリズムに基づく配列構築のためのソフトウェアプラットフォームであるMegahitとTrinityに入力された。その後Megahitによって、384,096個のコンティグ、つまり重複する仮想配列が生み出され、最も長いもの(30,474ヌクレオチド)は、コウモリSL-CoVZC45と「89.1%のヌクレオチド同一性」を持つことが発表されたのだが、これが後述する別の架空の構築物である。(Trinityは130万以上のコンティグを生成したが、最長のものは11,760塩基に過ぎなかった。言い換えれば、このソフトウェア・プラットフォームだけでは「ゲノム」は見つからなかったということである)。「ウイルス」という言葉が突然登場したのは、「このウイルスのゲノム配列とその末端は、逆転写PCR法によって決定され、確認された」と記述されてからである。PCR法は事前に選択された塩基配列を単に増幅するもので、未知のゲノムを特定する機能はなく、まさに手品のようなものである。PCRの専門家である Stephen Bustin (スティーブン・バスティン)はこう説明している:「PCRでは、ターゲットとなる塩基配列が何であるかを把握しておく必要がある.....そして、ひ

⁸⁷ Catia Cilloniz, et al., "Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns", *Int. J. Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 16 Dec 2016.

⁸⁸ Gao Liu, et al., "Viral and Bacterial Etiology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among Patients in Qinghai, China", *Biomed Environ Sci*, Jun 2019: <https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058>

⁸⁹ Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature*, 579, 265–269, 3 Feb 2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

⁹⁰ Illumina, "RNA Sequencing Methods Collection", 2017: https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf

とたびサンプルの中に何かがあることがわかれば、それを分離することになる。一旦それを分離したら、再びそれを配列決定するか、もしくはPCRを行うのです⁹¹」。言い換えれば、PCR法そのものでは配列の出所を特定することは出来ない。また、Fan Wu et al. の手法でも、彼らが記述した配列の出所を確定することは出来なかった。しかし、彼らはその次の文章で「このウイルス株はWH-ヒト1型コロナウイルス (WHCV) と命名された」と世界に向けて宣言している。

— この時点で、私たちは立ち止まる必要がある。それは、SARS-CoV-2とやがて改名されることになる、このいわゆるウイルスは、無から創造された虚像であることを知るべきだからである。WHOが主張するこのウイルスは、いかなる証拠も裏付けもないままに、COVID-19の原因物質とされているのである。

つまり、この「ゲノム」こそが2020年1月5日にGenBankに提出され⁹²、ドロステンらによって偽りのPCRプロトコルの検査配列を作成するために利用されたのである⁹³。その後、WHOは不適切にも急遽WHHHuman 1を公表し、世界中で利用出来るようにした。その結果、WHHHuman 1は病原体とされる世界の標準ゲノムとなったのである。この発明こそが、2020年3月11日のWHOによるパンデミックの宣言後、全世界に課された破壊的トリックの全ての元凶である⁹⁴。

しかし、注意深く読めば、Fan Wu et al. の論文にはウイルスの存在が一切証明されていないことが誰にでもわかる。ウイルスとは、微小な複製能力を持つ偏性細胞内寄生体であり、タンパク質で覆われたゲノムで構成されており、宿主に病気を引き起こす感染性粒子であると主張されている。Fan Wu et al. による唯一の手がかりは、41歳の肺炎の男性と、その男性の肺洗浄液から得た、起源が未確定の塩基配列からソフトウェアで組み立てた「ゲノム」モデルであった。正当であることを示すために、彼らは「WHCVのウイルスゲノム構成の決定には、代表的なベータコロナウイルス属2種（ヒトに関連するコロナウイルス (SARS-CoV Tor2、GenBankアクセッション番号AY274119) 及びコウモリに関連するコロナウイルス (コウモリ SL-CoVZC45、GenBankアクセッション番号MG772933)）との配列比較を行った」と報告している。こうしたいわゆるゲノムもまた、

⁹¹ Planet Waves FM with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>, transcript by Joshua Halinen: <https://cormandrostentreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf>

⁹² Zhang, et al., "Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1", submitted 5 Jan 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1>

⁹³ Victor Corman and Christian Drosten, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Jan 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. In addition to GenBank: MN908947.1, that was first made publicly available at virological.org (<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>), Drosten et al. also employed "four other genomes deposited on 12 January in the viral sequence database curated by the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)," in designing their PCR protocols.

⁹⁴ WHO, "WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020", 11 Mar 2020.

単にin silicoの構築物であり、自然界に存在していることが証明されたことは一度もなく、それどころかウイルス内部に由来することが示されたこともない。例えば、コウモリのSL-CoVZC45は、2018年に「19組の縮退PCRプライマー... GenBankに登録されている既存のSARS-CoVとコウモリのSL-CoVの配列をマルチプルアラインメントして設計した」⁹⁵というプロセスによって発明された。

ウイルスゲノムは、ウイルス学における最大の幻想であり、その幻想により、ウイルスの存在が証明されたという誤った認識が広まっている。ウイルス学者らは、その方法論に致命的な欠陥があることに気付いていないようである：

ウイルス全ゲノム配列決定には現在、HTS [ハイスループットシーケンス] に基づく3つの主な手法：メタゲノム解析、ターゲットエンリッチメント解析、PCRアンプリコン解析が用いられており、それぞれに長所と短所がある(Houldcroft et al., 2017)。メタゲノム解析では、DNA (及び/またはRNA)を、宿主だけでなく細菌、ウイルス、真菌を含むサンプルから抽出し、配列決定する。シンプルかつ経済的な方法で、参照配列が不要な唯一のアプローチとなっている。一方、他の二つのHTSアプローチであるターゲットエンリッチメントとアンプリコン解析法は、いずれもベイトやプライマーを設計するための参照情報が必要である。メタゲノム解析における限界は、十分な数のウイルスゲノムを得るためには、非常に高いシーケンス深度が要求されることである⁹⁶。

この限界についてさらに強調すべき点は、「ウイルス」配列決定では、そのプロセス自体が遺伝子断片の出所を特定出来ないことである。それでは、どのようにして未知のゲノムの配列を確定することが出来るのだろうか？誤解のないように付け加えておくと、ここでは、例えば物理的に分離された細菌細胞のように、配列の出所が個々に検証出来るような状況について話しているのではない。さらに、遺伝子データバンク上で以前は矛盾する配列がなかったということを理由に、消去法で配列がウイルス性であると恣意的に断定するのはナンセンスである。どのウイルス学者も、最初のテンプレートを組み立て、病原性ウイルスを発見したと宣言したところで、その配列がウイルス性であることを証明したことにはならないのである。また、その誰一人として、ウイルスとされる粒子を精製して、その配列との関係を証明しようとする者はいない。それでもなお、最初に発明されたde novoゲノムは、ウイルスハンターが自らのin silicoゲノムとすり合わせたり、「確認用」のPCRプロトコルを設計したりする際の試金石となるのだ。

⁹⁵ Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

⁹⁶ Florence Maurier, et al., "A complete protocol for whole-genome sequencing of virus from clinical samples: Application to coronavirus OC43", *Virology*, 531, May 2019: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

筆者の知る限り、ウイルス学者らは、サンプル中に30キロベースの完全なRNA鎖が存在するかを直接確認出来る実験技術を持っていない。既存のパルスフィールドゲル電気泳動技術で確実に識別出来るのは、せいぜいこのサイズのDNA鎖だけである⁹⁷。いずれにしても、こうしたシミュレーションは気晴らしの域を出ない。仮に、in silicoによるSARS-CoV-2ゲノムの物理的存在、つまり完全な30キロベースのRNA配列が自然界に存在することが証明されたとしても、ウイルス学者がなすべき課題は依然として山積しているからである。何よりも優先すべきは、単に病気を引き起こすと主張するのではなく、この配列が病気の原因となる複製能力を持つ粒子に由来するものであることを証明することである。

それに関して、筆者はウェルカム・サンガー研究所の進化生物学者とEメールのやりとりをしたことがあるが、彼は(ショットガン配列決定だけでなく)ロングリードRNA配列決定が「SARS-CoV-2」の存在の必要な証拠になることを示唆していた⁹⁸。彼は、2022年4月に発表されたOxford Nanopore Technologies(オクスフォード・ナノポア・テクノロジーズ:ONT)のロングリードによるRNA配列決定について言及し⁹⁹、ショットガン配列決定によって構築された「ウイルス」ゲノムの有効性が確定したと主張した。提出された研究は、様々な「SARS-CoV-2感染」細胞株と「模擬感染」細胞株の反応を比較した実験について記載されている。実験細胞は「SARS-CoV-2オーストラリア・ウイルス(Australia/VIC01/2020, NCBI: MT007544.1)に感染している」とされ、著者の Leon Caly et al. は「分離株」とであると主張している¹⁰⁰。ウイルスの分離が証明されたことは一度もないことは、以下の図4で説明している通りであり、『The COVID-19 Fraud & War on Humanity (COVID-19詐欺と人類に対する戦い)』で概説している¹⁰¹。従って、進化生物学者の議論は、不正な実験による不正な産物を「模擬感染」と比較することを根拠としており、前者は「ウイルスの分離」という誤解を招く宣言によって無効となり、後者はウイルス学者が定義を変更して他の変数を変えられるようにしたため、それ自体が無効となる。ロングリードが得られたからといって、こうした基本的な問題が解決されるわけではない。進化生物学者の主張は、時間経過に伴うモニター配列とタンパク質の変異が、

⁹⁷ David Schwartz and Charles Cantor, "Separation of Yeast Chromosome-Sized DNAs by Pulsed Field Gradient Gel Electrophoresis", *Cell*, Vol. 37, May 1984: [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)

⁹⁸ By email from Zachary Arden: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Arden-emails-redacted.pdf>

⁹⁹ Jessie Chang, et al., "Long-Read RNA Sequencing Identifies Polyadenylation Elongation and Differential Transcript Usage of Host Transcripts During SARS-CoV-2 In Vitro Infection", *Front. Immunol.*, 6 April 2022: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223>

¹⁰⁰ Leon Caly, et al., "Isolation and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first patient diagnosed with COVID-19 in Australia", *Med. J. Aust.*, 1 Apr 2020: <https://doi.org/10.5694/mja2.50569>

¹⁰¹ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

進化するウイルスの証拠であるというものであった¹⁰²。彼もまた、「ウイルス」という見せかけの看板を掲げたウイルス学の欺瞞の犠牲者である。こうした配列やタンパク質が組織培養実験で最初に検出されたとき、それが病原性ウイルスのものであることは示されなかったが、「ウイルス性」だとする主張は今日に至ってもなお続いている。

これと同じ内容で、数ヵ月後、病理学者／ウイルス学者であるDr Sin Hang Lee PhD（シンハン・リー）博士は、自身のプレプリント論文¹⁰³が「ウイルス (SARS-CoV-2) が存在し、変異し続けていることを示す、サンガーシーケンスによる反論の余地のない証拠」そのものであると主張し、自身の研究に対し公開の場で反論するよう呼びかけた¹⁰⁴。ここでも筆者は、ウイルス学が科学用語の誤用を繰り返していること、また、解析された遺伝子配列の出所が確立されていないという根本的な問題について詳述し、反論を行った：

ウイルス学の問題点をあぶり出すには、全ての研究論文の方法論のセクションを精査することが重要であり、この場合においても違いはない... ウイルス説に異論を唱える私たちが指摘するのは、いかなるRNA（あるいはDNA）配列も、ウイルスの定義を満たす特定可能な粒子内部に由来すると示されたことは一度もない、ということである。従って、全てのRNAは、既知の生物によって発現されるか、人為的に導入されるか（合成mRNA注射など）、あるいは起源不明であるか、としか言いようがない。「突然変異」はin silicoモデル内のみ現われるものであり、自然界に実在するとは証明されていない。また、RNAの配列がダイナミックな生物学的システムにおいて変化しうる理由には他にもあり、この事実にはウイルス学者が異論を唱えるとは想像出来ない。単純にRNAを検知するだけで、その出所について結論付けることは不十分である。この判断には他の実験が必要である¹⁰⁵。

実際、ゲノムやプロテオミクス技術をいかに駆使しようとも、そうしたデータがウイルスの証拠とされることについては、“turtles all the way down”（無限後退の問題）から逃れることは出来ない（訳者注：「タートルズ・オール・ザ・ウェイ・ダウン」は、亀をモチーフにした神話に基づく比喩的表現で、一つの説明や弁明が延々と続き、終着点がないことを指す）。

¹⁰² By email from Zachary Arden:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Arden-emails-redacted.pdf>

¹⁰³ Sin Lee, “Implementation of the eCDC/WHO Recommendation for Molecular Diagnosis of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants and Its Challenges”, *preprints.org*, 14 Jun 2022: <https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

¹⁰⁴ Mark Bailey, “Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again”, 25 Jul 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

¹⁰⁵ Ibid.

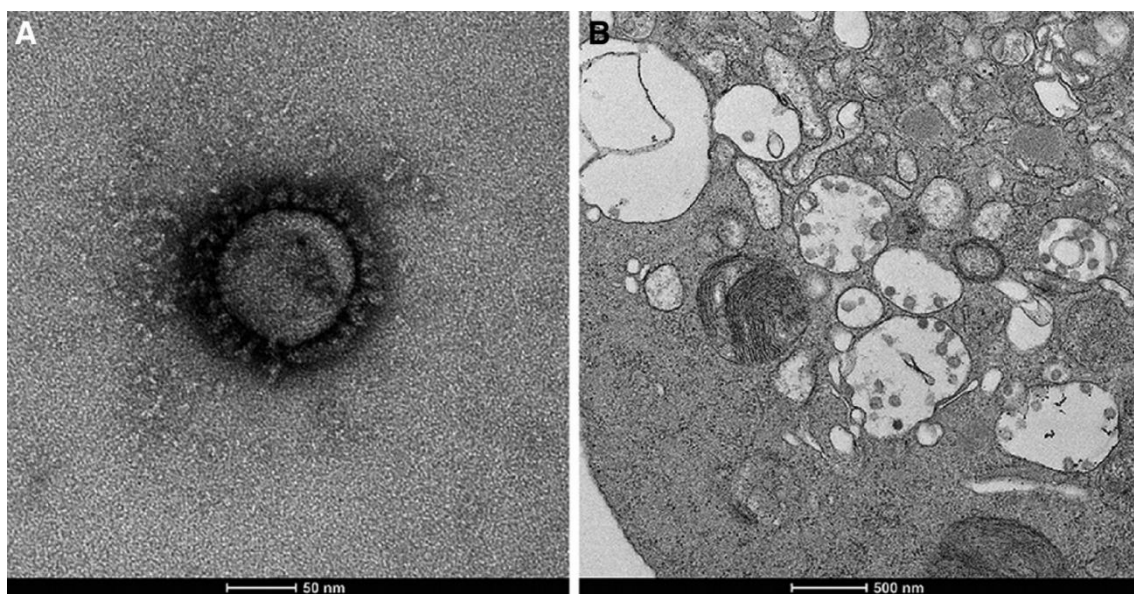


図4. Caly et al.によるSARS-CoV-2の「分離」。電子顕微鏡写真はVero/hSLAM細胞培養液の上清である：(A)は「ビリオン」と公表されたが、これは起源不明の単なる粒子である。さらに、莢膜の「スパイク」は、目的とする外観を作り出すために、トリプシン酵素が外側のタンパク質を消化した後に生じたものである。(B)は、単に組織の混合物に含まれる粒子の大きさを示すものである。類似のヒト由来サンプルを用いた有効な対照実験は行われていない。

タートルズ・オール・ザ・ウェイ・ダウン

前述の通り、「コウモリSL-CoVZC45」は2018年に発明されたin silicoゲノムで、長さ29,802ヌクレオチド¹⁰⁶であり、Fan Wu et al.によってSARS-CoV-2ゲノムを発明するためのテンプレートゲノムとして用いられた。これは、中国浙江省で捕獲されたコウモリの腸組織から得られたと主張されている。この研究で著者らは、「全てのコウモリは健康で、捕獲時に顕著な臨床症状は認められなかった」と報告したが、334匹のコウモリのうち89匹からウイルスが検出されたことを、「汎コロナウイルス逆転写 (RT)-PCR 測定法」を基に発表した。いかなるウイルスであれ、CPEを誘導することで「分離」を主張することの愚行についてはすでに述べた通りであるが、この場合、彼らはVero E6細胞培養でこの現象を観察することさえ出来なかった。代わりに別の方法を試みたのは、「ZC45の病原性をテストするため」であった。これは、コウモリの腸組織を20 μ l 粉碎し、生後3日のBALB/cラット (訳者注: BALB/cはマウスの近交系であるが、原著106においてBALB/cラットと表記されているので、そのまま表記する) の脳に直接注射するというものであった。(重量に換算すると、人間の脳に数百ミリリットルの物質を注射するこ

¹⁰⁶ Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

とに匹敵する¹⁰⁷⁾。こうした生体組織のようなものを、近親交配で弱体化した新生動物の脳に直接注射することのナンセンスさは、今さら説明するまでもないだろう。ウイルス学実験の典型であるように、ウイルスを含んでいないとされる同様の生物由来物質を他の新生ラットの脳にも直接注入するという対照実験は、一切行われなかったのである。彼らは、「ウイルスと思われる粒子」がラットの脳の一部に見られたと報告したが、実際に観察された「ウイルスと思われる粒子」の組成や生物学的機能をスライドで示すことはなかった。加えて、「感染」はRT-PCR検査が陽性であることを根拠に表明されたが、犠牲となった新生ラットからは、直近で注入されたものと同じRNA配列が検出された。もちろん、ウイルスの存在を必要とするものではないことは明らかである。

つまり、物理的にウイルスと主張される粒子を分離することなしに、腸内サンプルの均質化、遠心分離、濾過を行った後、「ウイルスRNAはウイルスRNAミニキット(ドイツ、ヒルデンのQiagen社製)を用いて、製造元の推奨に従って抽出した」と公表したのである。(このタイプのキットが、ウイルスの有無にかかわらず、その出所に基づいてRNAを選択的に抽出することが出来ない理由については、49ページを参照のこと)。続いて、逆転写のステップを経て、PCR増幅が行われた。彼らの主張によれば、[SL-CoV]ZC45の全ゲノム配列は、「GenBankに登録されているSARS-CoVとコウモリSL-CoVの配列をマルチプルアラインメントして設計した」19組の縮退PCRプライマーによって決定された。言い換えれば、ウイルスゲノムを発見したという彼らの主張は、ウイルスの直接的証拠からではなく、なおも架空の「ウイルス」というテンプレートに沿った、出所不明の配列の検出に基づくものであった。この段階でのPCR増幅率は明らかにされていないが、「RT-PCRスクリーニング」段階では、第1ラウンド40サイクル、第2ラウンド30サイクルが行われた。こうした馬鹿げた増幅は、標的配列が必ずしもサンプル中に物理的に含まれているのではなく、単にそのプロセス自体の結果として「発見」されることを意味し、アーティファクトをもたらすことになる。

ここで特筆すべきは、コウモリ・ウイルスの話は2003年のSARSの「大流行」以来ずっと続いていることで、数千年の時を経た今、人類は中国のコウモリに巣食うウイルスによる脅威に常にさらされているらしいのだ。2005年、EcoHealth Alliance (エコヘルス・アライアンス)の会長である Dr Peter Daszak PhD (ピーター・ダザック)博士は、Science (サイエンス)誌に掲載された共著論文『Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses(コウモリは SARS様コロナウイルスの自然な貯蔵庫である)』¹⁰⁸を発表した。この研究では、ダザックと共同研究者は、「コロナウイルス」をコウモリの中から発見することは出来なかった。通常の詐欺的な手法である試験管内CPEの観察では、「Vero E6細胞を用いたPCR陽性サンプルの糞便スワブからはウイルスは分離されていない」と記述している。しかし彼らは、コウモリの粗製標本から得た無意味な高サイク

¹⁰⁷ Western Australian Government - Animal Resource Centre, "Rat and Mice Weights": https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125

¹⁰⁸ Wendong Li, et al., "Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses", *Science*, 29 Sep 2005: <https://doi.org/10.1126/science.1118391>

ル(35-45)のPCR産物から、ウイルスの証拠を手にしたと喜び勇んで宣言した。これらは「ウイルス配列」であると主張された。その理由は、ウイルス学の循環的推論の中で、彼らのPCRプロトコルが検出するために設計された通りの「ウイルス」配列を「発見」したからである。彼らは、「コウモリの人獣共通感染症ウイルスには遺伝的多様性が存在し、変異種が生物種の壁を越えて、ヒトの集団で病気の大流行を引き起こす可能性を高めている」と世界に警告した。そして残念ながらこの人獣共通感染症の俗説は、ウイルス学の権威から一般市民の記憶の中へと広がってしまった。ダスザックはコウモリ・ウイルスの話の熱心な推進者かつ後援者であり、2015年には同僚に、収益を上げ続けるためには、「汎インフルエンザワクチンや汎コロナウイルスワクチンのようなMCM（医療対策）の重要性に対する一般の理解を高める」必要があると助言している¹⁰⁹。

いずれにせよ、想像上のコロナウイルスのテンプレートから枝分かれしたものが、最初のSARS「アウトブレイク」の原因とされる、SARS-CoVゲノムに関するオリジナルの主張の一つにつながっているわけである。2003年4月、Yi jun Ruan et al. (イーチュイン・ルアン ほか)は「SARSコロナウイルスSin2500完全ゲノム」をGenBankに提出し、それがアクセッション番号AY283794.1.¹¹⁰となった。しかし、このゲノムは、言うまでもなく、ウイルス粒子とされるものを直接配列決定したのではなく、vero細胞培養実験において、「ショットガンと特異的プライミング法の両方」によってRNAを配列決定し、「マウス肝炎ウイルスゲノム配列 (NC_001846) を母体として」¹¹¹構築されたものである。NC_001846.1ゲノムはその後1997年に発明され、「元はDr Lawrence Sturman M. D, PhD (ローレンス・スターマン) 博士から入手した」ウイルスに由来すると主張され、「テンプレートとして、野生型MHV-A59、C12、C3、C5、C8、B11、またはB12に感染したL2細胞単層から抽出した細胞質RNAを用いて」配列決定された¹¹²。ウイルスから(研究が)始まったという主張は、スターマンが提供したサンプルに、そうしたものが含まれていたという彼の断言による保証に基づくようだ。

この時点で明白なことは、いずれのコロナウイルスゲノムも、その配列がウイルス由来であることをウイルス学者が証明することなしに、他のいわゆるゲノムと照らし合わせ

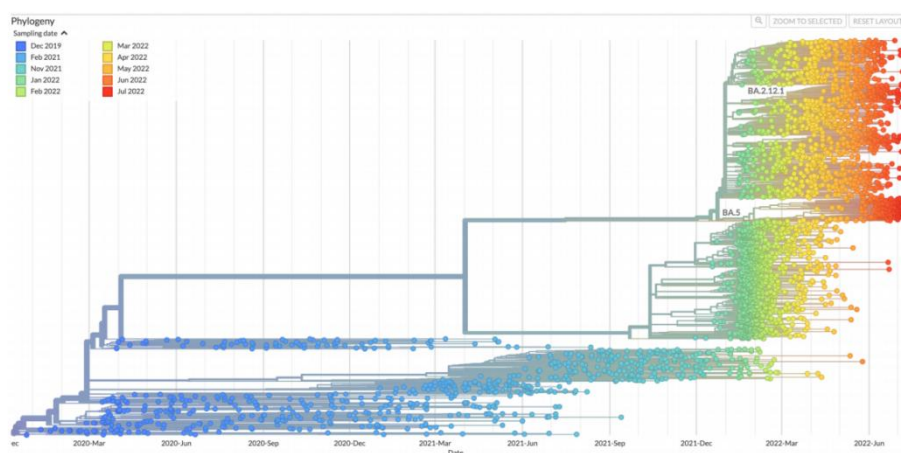
¹⁰⁹ “Developing MCMs for Coronaviruses”, in Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Enabling Sustainable Capabilities Through Ongoing Public- and Private-Sector Partnerships: Workshop Summary, Washington DC: National Academies Press, 12 Feb 2016: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

¹¹⁰ GenBank, “SARS coronavirus Sin2500, complete genome - AY283794.1”, 27 Apr 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

¹¹¹ Yijun Ruan, et al., “Comparative full-length genome sequence analysis of 14 SARS coronavirus isolates and common mutations associated with putative origins of infection”, *Lancet*, 24 May 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

¹¹² Isabelle Leparac-Goffart, et al., “Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MHV-A59 Is Associated with a Q159L Amino Acid Substitution in the Spike Protein”, *Virology*, 8 Dec 1997: <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

てテンプレート化されてきたということである。このため、史上初の完全なコロナウイルスゲノムと称され、後にオリジナルテンプレートの一つとして他の研究者によって使用された「Avian Infectious Bronchitis Virus (IBV: 鳥伝染性気管支炎ウイルス)¹¹³」までさかのぼることは重要な意味を持つ。彼らは仮定されたウイルス粒子の配列を直接決定したわけではなく、「ゲノムの3'から27,569kbまでをカバーしている17個のcDNAクローン」を使用し、そのクローンは「ボーデット株 (Baudette & Hudson, 1937; Brown & Boursnell, 1984) の勾配精製ウイルスから分離されたRNAに由来する」と注釈した。引用されたBrown & Boursnellの論文には、「cDNAクローンの調製は以前に記述されている (Brown and Boursnell, 1984)」¹¹⁴と記されている。これに続く引用は、『Avian infectious bronchitis virus genomic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries (鳥伝染性気管支炎ウイルスゲノムRNAは遺伝子間境界に配列相同性を含む)』と題された彼らの論文である¹¹⁵。その中で彼らは、「IBV Beaudette株を生後11日の胚化卵で増殖させた」と主張している。ビリオンはアラント液から分離され、スクロース勾配を用いたアイソピクニック¹¹⁶遠心分離によって精製された。



しかし、いずれの論文においても、以下のような: (a) 「ビリオン」は言うまでもなく、何かを精製したことを確認する電子顕微鏡写真や、(b) 有効な対照実験を行ったという証拠は、いずれの論文にも示されていない。この論文から見えてくるのは、培養液中にウイルスが存在するものと仮定し、遠心分離後に検出されたRNA配列が、これら仮定されたウイルスによるものであると主張したことだけである。

最初にウイルス (IBV) を扱っていると主張したのは1930年代までさかのぼり、それは1911年のルース肉腫「ウイルス」実験(16ページ参照)で採用された方法論から導き出されたのと同じ欠陥を持つ結論に基づくものであった。IBVの場合、病気のニワトリから採取した物質をベルケフェルド細菌フィルターに通し、他のニワトリの気道に注入した¹¹⁷。これによって投与された鳥も病気になる可能性があるとして、「これらの結果は、この病気が濾過可能なウイルスによって引き起こされることを示している」と発表された。しかし、いかなる実験でも、感染性粒子が毒性作用の原因であることは証明されていない。つまり、1980年代以降に作成された「コロナウイルス」の系統樹は、「進化するウイルス」の証明ではなく、物理的な商品が存在しないマルチ商法の証なのである。

人類にとっての脅威とは、ウイルス学の最新発明品が本物であると信じ込まされ、ウイルス学者の憶測からテンプレート化された仮定上のコロナウイルスゲノムが、注射のために使われることである。つまり、ウイルス学が発明した架空のゲノムは、完全に不要な医療や政治的介入を行うために利用されてきたのである。この危険で実験的といしか言いようのないmRNAとナノ脂質のバイオテクノロジーは、過去30年間で、他の全てのワクチンを合わせたよりも多くの命を奪ってきた。しかし、それはまだ数え始めたばかりである¹¹⁸。

CDCによるSARS-CoV-2に関する主張

対応が後手に回るのは今や周知の事実だが、CDCは2020年6月発行の『Emerging Infectious Diseases』(Jennifer Harcourt et al.による「Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States」)において、「SARS-CoV-2を分離した」とする情報公開請求に対し、8カ月を要している¹¹⁹。筆者の同僚がCDCに提出した質問はシンプルなもので、以下の内容であった: 「この論文

¹¹⁷ J. R. Beach & O. W. Schalm, "A Filterable Virus, Distinct from that of Laryngotracheitis, the Cause of a Respiratory Disease of Chicks", *Poultry Science*, May 1936: <https://doi.org/10.3382/ps.0150199>

¹¹⁸ <https://vaersanalysis.info/> (accessed 25 June 2022).

¹¹⁹ Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infectious Diseases*, June 2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

の科学者は対照実験を行ったのか？もしそうであれば、対照群は実験群と同じ配合の細胞培養液を使用したか、ウイルスと主張されるものを含むサンプルは使用しなかったのか？... 結論として、仮に対照群が使用されたのであれば、対照群の詳細を列挙してください¹²⁰。このシンプルな質問に対し、CDCは Jennifer Harcourt（ジェニファー・ハーコート）、あるいは彼女のチームメンバーに回答するよう求める代わりに、2022年3月29日に、要求された資料を基にしたとされる「37ページに及ぶ回答にあたる記録と、一つのExcelスプレッドシートを突き止めた」と返信してきた¹²¹。要約すると、CDCの「回答にあたる記録」には以下のものが含まれていた¹²²：

1. 図6のような「米国で最初の症例から得られた2019年N-CoVの可能性のあるスコープ写真」を示すと称する画像を共有するCDCの内部メール。CDCの研究微生物学者 Azaibi Tamin（アザビ・タミン）は、「この7つの溶解物の一部は2019年N-CoVによるCPEを示している」と期待し、Stephen Lindstrom（スティーブン・リンドストロム）は、「非常によく出来た不健康な細胞である」とコメントした。呼吸器ウイルス免疫学チームのリーダーであるNatalie Thornburg（ナタリー・ソーンバーク）は、「あなたのCPE画像のオリジナルのJPEGまたはTIFFファイルを送っていただけますか？論文に使えるような質の高い図に仕上げたいのです」と依頼した。

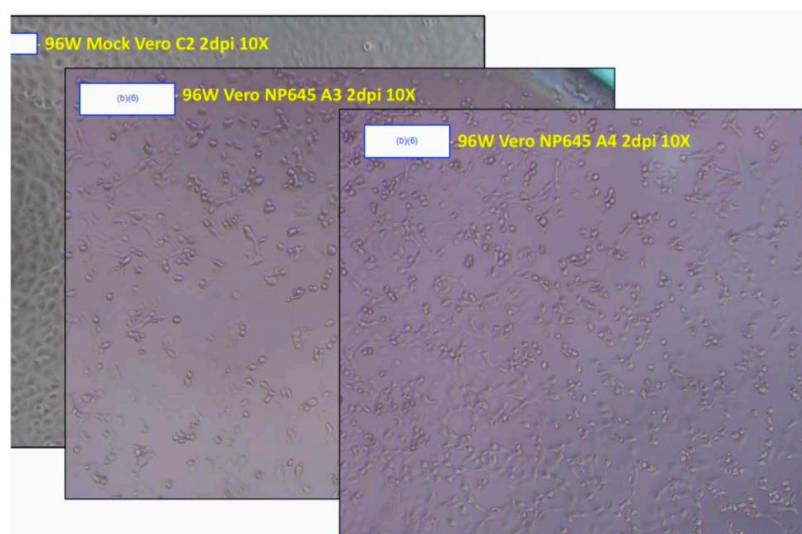


図6. CDCは2022年3月29日の情報公開請求に対する回答で、具体的に請求されたにもかかわらず、「模擬」実験スライドの詳細を提供しなかった。他のスライドは SARS-CoV-2の細胞変性効果（故にそれが存在すること）の証拠とされている。

¹²⁰ By email to FOIA Requests (CDC), “FOIA: Control Group Information requested for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States”, 1 Aug 2021.

¹²¹ Letter from Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, “#21-01704-FOIA”, 29 Mar 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

¹²² Ibid: 37-page PDF document from Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, “USA CDC - Controls - Responsive Records.pdf”, 29 Mar 2022.

2. 一般公開済みの、Harcourt et al./CDCの出版物に記載されているGenBankアクセス番号MT020880とMT020881。
3. New England Journal of Medicine (ニューイングランド・ジャーナル・オブ・メディシン)誌に発表されたNa Zhu et al.の論文『A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019 (2019年、中国における肺炎患者からの新型コロナウイルス)』¹²³。CDCの電子顕微鏡医Cynthia Goldsmith (シンシア・ゴールドスミス)によると、この論文には「図3に非常に素晴らしいEM画像が2枚あり、1枚は『ヒト気道上皮』からのものである」とのことである。この論文の愚行については、『The COVID-19 Fraud & War on Humanity (COVID-19詐欺と人類に対する戦い)』で取り上げたが、Na Zhu et al.もまた、組成や生物学的機能が証明されていないEV(細胞外小胞)の電子顕微鏡写真を「2019-nCoV」と命名し、対照実験とは無縁の、組織を用いた破壊実験という罪を犯している¹²⁴。(論文の共著者の一人であるWenjie Tan (ウェンチェ・タン)は2020年3月18日にTorsten Engelbrecht (トルステン・エンゲルブレヒト)に対して、「沈殿したウイルス粒子の画像であり、精製されたものではない」と述べている)¹²⁵。このように、画像化された小胞の組成や生物学的機能を示した部分が論文にはないため、「ウイルス粒子」であるという主張は単なる主張である)。
4. CDCの呼吸器ウイルス診断研究所に提出された「4つのウイルス」の参考にはならないPCRサイクル閾値の結果が記載されたスプレッドシート。
5. 「運営上の都合及び、ご要望に充分お答えするために、プログラムスタッフは以下の情報を、対応するウェblinkとともに提供しました」と始まるウェブページ。このページには、CDCの「ウイルス分離」実験が、適切な対照実験に基づいて実施されたのかに関する情報は一切掲載されていない。

2021年12月23日、Christine Massey (クリスティーン・マッセイ)もまた、CDCに対し、Harcourt et al.による「模擬感染」実験の全詳細を求める要望書を提出し、これには「細胞培養対照群に加えられた非感染鼻咽頭及び口腔咽頭ぬぐい液サンプルの量」¹²⁶

¹²³ Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, first published 24 Jan 20, updated 29 Jan 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

¹²⁴ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

¹²⁵ Torsten Engelbrecht & Konstantin Demeter, "COVID19 PCR Tests are Scientifically Meaningless", *off-Guardian*, 27 Jun 2020: <https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>

¹²⁶ Christine Massey, by email to CDC, "FOIA request to CDC: Harcourt et al. 'SARS-COV2 isolation' paper - unpublished details", 23 Dec 2021: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted-d.pdf>

も含まれていた。CDCは結局、2022年5月10日にマッセイの要求に対し、36ページに及ぶ同様に役に立たない情報と、下記のような言い訳をもって回答した：

あなたの請求の一部に関して、私たちの記録を調査しましたが、関連文書を見つけることが出来ませんでした。該当部分には特に「...細胞培養 - 実験群の詳細：」、「細胞培養 - 『模擬感染』」/対照群の詳細：」、及び「『全ゲノム』配列決定 - 精製度及び 対照群の詳細：」に対するご要望に関するものです。あなたの請求は、調査のためにNational Center for Immunization and Respiratory Diseases (NCIRD：国立予防接種・呼吸器疾患センター) に送られました。NCIRDは、CDCが管理または保管している記録として、あなたの請求に含まれる内容の一部は公開出来ないと回答しました¹²⁷。

別の言い方をすれば、CDCは自らが科学的方法に従っていないという事実に関心がない、あるいは、追いつめられたことに気づき、姑息な手段に出たのかもしれない。いずれにせよ、信頼性のある科学的情報源としてまともに受け止めることは出来ない。もし彼らがまた、対照なしの実験をウイルスの証明として推進するのであればなおさらのことである。

驚くべきPeng Zhou et al. 論文詳細

これまでに、自身の方法論に関して回答した研究者の中には、意図的であるか否かにはかわらず、自らの非科学的な実験について驚くほど率直に語っている者がいる。2020年2月3日、Peng Zhou et al. は論文『A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin(コウモリ由来と推定される新型コロナウイルスに関連した肺炎集団発生)』をネイチャー誌に発表し、「新型コロナウイルス(2019-nCoV)を同定し、その特徴を明らかにした」と主張した¹²⁸。著者らによる「分離」実験では、「2019-nCoVに感染した」とされるVero E6細胞に明らかなCPEを示す画像が得られたが、「対照群」と称される「模擬感染細胞」にはCPEは見られなかった¹²⁹。しかし、彼らが主張する対照実験とはどのようなものだったのだろうか？その詳細は発表された論文には記載されていなかったため、2021年8月に筆者の同僚が連絡を取り、論文の共著者の一人であるXing-Lou Yang(シンロウ・ヤン)から驚くべき事実を聞き出した。第一に、

¹²⁷ Letter from Emerique Magyar, CDC/ATSDR FOIA Officer to Christine Massey, “#22-00578-FOIA”, 10 May 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

¹²⁸ Peng Zhou, et al., “A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin”, *Nature*, 579, 12 Mar 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

¹²⁹ Ibid. “Extended Data Fig. 6: Isolation and antigenic characterization of 2019-nCoV”: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9>

陽性対照実験(つまり、ウイルスとみなされるものを除外した同様のヒトのサンプルを用いた実験)が行われなかったという事実はもちろんのこと、ヤンは実験群ではペニシリンとストレプトマイシンの投与量を2倍にしたと述べている¹³⁰。この投与量を変えた理由を尋ねると、「Anti-Anti (2種類の抗生物質)の目的は、ウイルス分離の際に細菌や真菌による汚染を防ぐことなので、1%や2%の濃度は細胞増殖に影響しない。第1世代での2%は、サンプルからの汚染を防ぐためである」¹³¹と回答した。

同僚は、「対照」実験をより高用量の抗生物質で再度実施し、これが腎臓細胞株にCPEを誘発する要因の一つではないことを確認すべきだと指摘した。ヤンはその後、「細菌や真菌による汚染を確実に防げるのであれば、抗抗菌剤を使う必要はない」¹³²と言い逃れするような回答をしたが、細胞に有害なのは抗生物質そのものである可能性がある(特にストレプトマイシンは腎毒性があることが知られている)という決定的なポイントは無視したようである。少なくとも、彼らは対照群と比べて他の変数を変えていたため、結果をさらに無効なものにしてしまったのである。

著者らが打ち明けたさらに啞然とするような事実は、実験グループにおいて、ベロE6腎臓細胞培養液を含む24ウェル(くぼみ・穴)中わずか1ウェルしかCPEの証拠を示さなかったということである¹³³。つまり、本来であれば実験的な誤差とみなされるべきものが、致命的な新種の病原体だと主張するベースとなっており、そのことは、2022年7月現在、134万回のアクセスがあり、1万回以上引用されている論文に記載されているのである¹³⁴。果たしてこの論文を引用している他の著者らは、COVID-19と呼ばれるこの「ハウス・オブ・カード」が、いかに根拠薄弱なものであるかを自覚しているのだろうか？しかしおそらく、彼らはこうした事実が露呈したところで動じることはないだろう。それは、生物学的実験が急速に放棄されていく一方で、in silicoによる「ゲノム」がウイルスの存在を証明するのに十分な証拠になると不条理にも主張されているためだ。Zhou et al. の論文では、コンピュータ・シミュレーションは「コウモリのコロナウイルスと全ゲノムレベルで96%一致する」と高らかに宣言されている。彼らは「これまでの研究で、一部のコウモリSARSr-CoVはヒトに感染する可能性があることがわかっている」というナンセンスな根拠に基づいて、この配列に対して新たなウイルスの発明をテンプレート化することにした¹³⁵。彼らのソフトウェアはGenBankのアクセッション番号

¹³⁰ (Personal correspondence by email from Xing-Lou Yang, 5 Aug 2021.)

¹³¹ Ibid.

¹³² Ibid.

¹³³ Ibid.

¹³⁴ Article metrics, "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> (accessed 1 Apr 2022).

¹³⁵ Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12 Mar 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

MN996527-MN996532を構築し、有効な対照が欠落しているこの偽の「証拠」については、本稿で詳述した通りである。

Control Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5 ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 1%
- Trypsin: None

Experimental Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 2%(1st gen), 1% (next gen)
- Trypsin: None

図7. Peng Zhou et al. の研究とその未公開の方法論：実験群では抗生物質を2倍にしたところ、24ウェル中1ウェルでしかCPEを認められなかった。これが新たなウイルス病原体‘2019-nCoV’の証拠であると宣言され、後にSARS-CoV-2と改名される。

武漢発、さらなる欺瞞？

2022年初め、ステファン・ランカの共同研究者である数学者が、Fan Wu et al.による一連の配列データに関する分析を発表した¹³⁶。その結果、驚くべきことが判明した：

Megahit (v.1.2.9)を使って、de novoアセンブリーを繰り返したところ、論文で発表された配列データは再現出来なかった。私たちは、[Fan Wu et al.による] 報告とは逆に、ヒト由来の(リボゾーム)リボ核酸を検出した可能性がある..... 報告されているSARS-CoV-2のウイルスゲノムを構築するのにウイルス核酸だけが使われたという証拠はない。さらに、このウイルスゲノムの構築については、対照実験となりうるものは発表されていない。このことは、現在の研究で検討されている他の全ての参照配列についても同じである。SARS-CoV-2の場合、ウイルスゲノムと主張されているものが、ヒト由来、あるいはそれ以外のRNA源から構築されたものである可能性がないことは明らかである。

現行のウイルス学によるウイルス発見の方法論は却下されるべきだという事実は言うまでもなく、ウイルス学の実験に再現性がない以上、SARS-CoV-2の最初の発明者が、世界に向けて新型ウイルスを発表した状況にも、即座に疑問を抱かせるものである。実際、この数学者による独自の分析では、コンティグは28,459本しか得られておらず、Fan Wu et al. が記載した数(384,096本)よりかなり少ない。加えて、この分析で得られた最長のコンティグは29,802ヌクレオチドであり、Fan Wuのコンティグより672ヌクレオチド短く、つまり「発表された配列データは、アセンブリーに使われたオリジナルのリードではあり得ない」ということである。数学者の分析では、こうも結論付けている：

¹³⁶ “Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie · tabellen und Abbildungen”, WiSeNSCHAFFtPLUS magazin, Jan 2022. English version: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc>

2021年12月05日、スクレオチドデータベースとのアライメントは、「Homo sapiens RNA, 45S preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA」(GenBank: NR_146117.1, 04/07/2020)と高い一致率(98.85%)を見せた。この観察では、[1]でリボゾームRNAの除去が確認され、ヒト配列リードはヒト参照ゲノム(ヒトリリース32、GRCh38.p13)を使って濾過されたとする主張と食い違っている。極めて興味深いのは、配列NR_146117.1が、今回ここで取り上げたSRR10971381配列ライブラリーの発表後まで公開されなかったという事実である。この観察結果は、ウイルスゲノム配列の構築に使われた個々の核酸断片の出所を前もって特定することの難しさを物語っている。

しかし問題はこれだけでは済まなかった。一部コンティグのカバレッジ分布は極めて不均質で、エラー率が高いことから、配列の一部は、単にPCRの増幅条件そのものから発生したものなのではないかという疑問が生じた。繰り返しになるが、こうした可能性を検証するための適切な対照実験が(類似のヒト由来サンプルで)実施されていないため、これは反科学的な手法である。この独自の分析から判明したのは、COVID-19の最初の症例として肺炎を呈した武漢出身の41歳の男性について、Fan Wu et al. は「新型コロナウイルス」よりも「HIV」や「D型肝炎ウイルス」の方が、in silicoによる一致度が高いということである。ウイルス学者がウイルスを見つけるには、プロトコルをいかに設計し、コンピューターに何を探そうと指示するかにかかっている。果たしてこの占い師たちは、何を探すべきかをいかにして知るのだろうか？

スティーブン・バスティン教授 - PCRパンデミックの火付け役

科学者は、専門外は全て真実で、それを鵜呑みにする傾向にある。

- デビッド・クロウ、2020年4月のスティーブン・バスティンへのインタビューを語る¹³⁷

COVID-19「パンデミック」という幻想を保ち続けるには、症例が必要であった。世界中で配布された数十億のPCRキットを含む、史上最大規模の人体「検査」プログラムによって症例がもたらされた。スティーブン・バスティンは「定量PCRの世界的第一人者であり、その研究は分子技術を臨床・診断用として実用的で確実かつ信頼性の高いツールへと変換することに注力している」¹³⁸が、なぜPCRプロセスの不適切な使用を断固として指摘しなかったのか、その理由は依然として不明である。バスティンは2009年出版の『The MIQE Guidelines : Minimum Information for Publication of Quantitative

¹³⁷ *The Infectious Myth* with David Crowe - "Simplifying RT-PCR", 21 Apr 2020: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-simplifying-rt-pcr/>

¹³⁸ <https://aru.ac.uk/people/stephen-bustin>

Real-Time PCR Experiments (MIQE ガイドライン)』の筆頭著者であり、その中でリアルタイムPCR実験の鍵となるコンセプトについて以下のように説明している¹³⁹：

- 1.2.1 分析感度とは、アッセイを用いて正確に測定出来るサンプル中の最少コピー数のことで、臨床感度とは、アッセイによって陽性と判定された、ある疾患を持つ人の割合のことである。
- 2.2.2 分析特異性とは、qPCR アッセイが、サンプル中に含まれる他の非特異的な標的ではなく、適切な標的配列を検出することをいう。診断特異性とは、特定の病態を持たない人のうち、アッセイによってその病態が陰性であると判定された人の割合のことをいう。

しかし、バスティンが科学に対して真実を貫いていたのであれば、Corman-Drosten (コーマン・ドロステン) PCRプロトコルが発表された2020年1月にPCRパンデミックの停止を求めるべきだったのである¹⁴⁰。「特異性」という単語がコーマン・ドロステン論文で使われているのはただの一度であり、それはウイルス感染については無論、臨床症状の診断とは一切関係がなかった。論文に謳われているような「2019-nCoVの検出」は存在せず、確立されたのは特定の標的配列を検出するアッセイの分析特異性だけであった。それは、ウイルスを必要としない合成核酸技術によるin vitro分子反応実験である。さらに、PCRの結果が臨床症状とどう関係するのかについては立証されていない。言い換えれば、COVID-19 PCRキットがヒト被験者の何かを診断することが示されたことは一度もなく、これは架空のウイルスによって作り出された病気である。

特異性の問題とは別に、PCRの世界的第一人者が2020年4月、デイビッド・クロウに、世界中で起きていた36~37サイクルでコロナウイルスPCRの結果を「陽性」と呼ぶのは(たとえウイルス学的見解であっても)「全くナンセンス、完全に無意味である」¹⁴¹と述べていたことはあまり知られていない。しかし、PCRの不正は、2021年2月にEric Coppelino (エリック・コッポリーノ) がPlanet Waves FMでバスティンにインタビューしたことで、さらに露わになった¹⁴²。コッポリーノの意図としては、RT-PCRのプロセスのうち問題のあるRT(逆転写)の手順について詳細を知ることだった。しかし、インタビュー後、時に精度を欠く検査だと思っていたものが、完全に不正であったことに気付き、彼は啞然とした¹⁴³。バスティンは、コッポリーノから、全てのPCR陽性結果が、たとえ症状がなく

¹³⁹ Stephen Bustin, et al., "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments", *Clinical Chemistry*, 1 Apr 2009: <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>

¹⁴⁰ Victor Corman, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Jan 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>.

¹⁴¹ *The Infectious Myth* with David Crowe, "Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR", 14 Apr 2020: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>

¹⁴² *Planet Waves FM* with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

¹⁴³ (Personal correspondence from Eric Coppelino.)

ても「感染確定症例」と呼ばれている点を指摘されると、居心地が悪そうな様子を見せたという¹⁴⁴。PCRキットの診断特異性が一度も確立されていないことを認める代わりに、バスティンは「現在ICUは患者であふれかえっている」と言い訳するなど、辻褄の合わない説明をした。

バスティンはさらに、「この肺炎はこのウイルスによって引き起こされたのです。そしてこのウイルスがどんどん現れ始め、同じ症状で倒れる人が増えていった。それで、そのウイルスをこれらのプライマーが検出していたのです」と反論した。コッポリーノが、ウイルスが分離されていないのに、こうした主張が出来るのはなぜか、と詰め寄ると、バスティンは、「最初の患者からサンプルを採取し、何かを培養し、それから塩基配列を決定し、その塩基配列を分解して出てきたものがSARSウイルスだったのです」と答えた。残念なことに、バスティンはウイルス学が「分離」という言葉を誤用し、「ウイルス」を検出する際の用語が曖昧であることを支持したのである。決定的な問題は、プライマーがいかに優れた設計であっても、PCRで増幅される遺伝子配列の出所やその重要性が判明しなければ、単にそれが存在するだけで、それ以上のことは何も結論づけられないということである。バスティンはPCRプロトコルの持つ潜在的に非常に高い分析性能について誇示することが出来ても、診断性能の確立がなければ、それは仮説に過ぎない。たとえSARS-CoV-2が実在することが証明され、PCRが有効な診断ツールとして認められたとしても、バスティンは、いかなるPCR法も、自身が提唱するMIQEガイドライン通りに開発されたものではなく、臨床的に有効だと確認されたわけではないことを受け入れざるを得ないだろう。

同じインタビューで、2006年にニューハンプシャー州のダートマスヒッチコックで、PCRキットが100%の偽陽性を示した百日咳の集団発生について、彼が事前に知っていたことを否定したことは驚きであった¹⁴⁵。バスティンは、この件について初めて知ったのはインタビューの数日前、つまりそれから約15年後のことで、インタビューのために渡されたコッポリーノのウェブサイトでその記事を読んで知ったのだと主張した。しかし、この出来事は広く世間に知れ渡っており、ニューヨーク・タイムズ紙でも報道され、公衆衛生や診断テストの専門家によるコメントも多数掲載された¹⁴⁶。2006年の時点で、バスティンは分子生物学教授であり、この出来事が起こった2006年当時、PCR専門家が医療関係者から問い合わせを受けていなかったのは意外なことである。実際、当時はPCRの専門家がほとんどおらず、臨床診断ツールとしてPCRがいかに破滅的に誤用され得るかを早期に示すものであった。もしもその出来事が最悪の事態でなかったとすれば、原

¹⁴⁴ Planet Waves FM with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

¹⁴⁵ CDC, "Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Attributed to Pertussis - New Hampshire, Massachusetts, and Tennessee, 2004-2006", *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 24 Aug 2007: <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm>

¹⁴⁶ Gina Kolata, "Faith in Quick Test Leads to Epidemic That Wasn't", *The New York Times*, 22 Jan 2007: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>

因とされている微生物(百日咳菌)が物理的に分離され、PCRの校正のためにその遺伝子配列が確認され得るものであったということである。ところがそれとは対照的に、SARS-CoV-2のPCRプロトコールは、単に起源不明の遺伝子断片に対して校正されているだけであった。コッポリーノがこの点について質問すると、バスティンは、「まあ、これは標準的なやり方なので、これ以上コメントは出来ませんが、私にとっては完全に容認出来るやり方です」¹⁴⁷と答えた。

バスティンはコッポリーノからインタビューを受けた時点で、すでに共著者として『COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies (RT-qPCRによるSARS-CoV-2のCOVID-19と診断試験—事実と誤謬)』と題する論文を提出しており、その後2021年2月に発表された¹⁴⁸。この論文でバスティンと共著者は、「(コマンードロステン)のアッセイは効果的かつ特異的であり、関係科学者の驚異的な洞察力と無欲さを示しただけでなく、PCRによる検査が極めて迅速に開発され、実用化されることも実証した」と述べている。賞賛の言葉を差し引いても、明らかに疑問が残る。つまり、何に対して特異的なのか、ということだ。バスティンらは、PCRテストが (a) 短い標的RNA配列、(b) SARS-CoV-2として知られるコロナウイルス、もしくは (c) COVID-19として知られる、WHOが作り出した病気に対して特異的であるとでも言いたいのだろうか？ コマンードロステン論文は、一部の選択されたRNA配列を増幅するための分析特異性を確立しただけであり、ウイルスの確立や病気の診断とは一切関係がない。MIQEガイドラインの作成者〔であるバスティン〕は、この3つのうち科学的に確立されたのは最初の一つのみで、臨床応用のために有効性が認められたものは何もないことを知っているはずである。それにもかかわらず、彼の論文は、「PCR法は大規模検査に極めて適しており、今日まで実施された膨大な数のテストによって日々実証されている」と、荒唐無稽の論理を展開しているのである。バスティンは、この「検査」が単なる分子増幅ツールであることを忘れてしまったのだろうか？ PCRの発明者、Dr Kary Mullis PhD (キャリー・マリリス)博士は1993年にこう警告している。「私は、PCRを悪用することは出来ないと思う。いや、その結果、つまりその解釈が(悪用されるのだ)」¹⁴⁹。

PCRは単に選択された遺伝子配列を増幅するものであり、分子反応そのものは、その出所や存在の関連性を決定する能力を持たない。仮に特定のPCRプロトコールが正確に実施され、分析感度と特異性が100%であることが判明している場合、陽性という結果が得られたとしても、それは単に標的配列の存在を確認したに過ぎないと言える。しかし、もしPCRが診断ツールであると主張されるのであれば、臨床への導入前に臨床的検証試験を実施する必要があることは議論の余地はないはずである。コマンードロステン論

¹⁴⁷ Planet Waves FM with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

¹⁴⁸ Stephen Bustin, et al., "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies", *Int. J. Mol. Sci.*, 28 Feb 2021: <https://doi.org/10.3390/ijms22052459>

¹⁴⁹ David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick'", *off-Guardian*, 5 Oct 2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

文はこのステップを省略し、WHOは不正を黙認し、論文が発表される前の2020年1月13日と17日にPCRプロトコルのバージョンを公式ウェブサイトに掲載したのである¹⁵⁰。その後、PCRは、単に人の「感染症」を診断するという主張のために、循環的推論によって利用されるようになった。

いわゆるパンデミック初期の次の段階では「専門家」らが登場することになり、例えばオーストラリアの感染症専門医である Sanjaya Senanayake (サンジャヤ・セナナヤケ) 准教授は、検査の精度について根拠のない主張を一般大衆に広めた。2020年4月26日のインタビューで、彼はCOVID-19検査について、「これに匹敵する真の意味での標準的な検査はありません。COVID-19については標準的な検査がないため、現在使用している検査、PCR検査が標準的な検査です。しかし、私たちはこの検査でおそらく70%程度の症例を検出出来ると考えています」¹⁵¹と述べた。セナナヤケは、仮に標準検査がない場合には、その新たなPCR検査がそれ自身を検証出来ると考えてもよい、とほのめかした。しかし、これは検査の検証に関わるあらゆる学識に反するものである。検証についての従来の基本的な考え方から逸脱しているため、彼がいかにして「約70%」の確率でうまくいったと計算したのかは不明であり、70%の確率でしか検出されないような「ゴールド・スタンダード」にどのような意味があるのかは言うまでもない。彼のうかつな発言は、COVID-19検査に「真のゴールド・スタンダードは存在しない」と同意したことになる。真のゴールド・スタンダードとは存在しないもの、すなわちウイルス粒子の物理的分離と証明に他ならないからである。

WHOは、検査基準が欠如していることやウイルスを証明する証拠が存在しないことを問題視せず、COVID-19症例とは「臨床的徴候や症状に関係なく、検査結果(2020年、概してPCR)でCOVID-19感染が確認された人」¹⁵²とすることで、PCRによる不正をより強固なものにしたのである。たったこの一文で、臨床的に未検証のPCR法は診断における特異性が100%であると宣言し、徴候や症状のない人を含めるために「感染」という言葉の意味を無理やり捻じ曲げたのである。“infection”の語源はラテン語の *inficere* で、「染みる」という意味である。Mosby's Medical Dictionary 2009(モスビー医学辞書2009年版)には、感染は「(1)病原性微生物が体内に侵入して繁殖・増殖し、宿主の局所的な細胞傷害、毒素の分泌、抗原抗体反応によって病気を引き起こすこと、(2)病原微生物が体内に侵入することによって引き起こされる病気」と定義されている¹⁵³。この著者は、あらゆる微生物が病原性であるとは明言していないが、「感染」とは疾病状態に

¹⁵⁰ Victor Corman, et al., “Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR”, WHO, 17 Jan 2020: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

¹⁵¹ Sanjaya Senanayake being interviewed by Jeremy Fernandez on *The Virus*, ABC News, 26 Apr 2020: <https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

¹⁵² WHO, “WHO COVID-19: Case Definitions”, 7 Aug 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1

¹⁵³ Mosby's Medical Dictionary - 8th edition, 2009, Elsevier.

関連するものであり、そうでない場合は「commensalism (コメンサリズム／片利共生)」¹⁵⁴のような表現を用いるべきである。WHOは、不条理な「パンデミック」の定義¹⁵⁵を新たに考案し、今や感染症の定義を覆そうとしているのである。それは、PCRの結果のみを用いることで、感染症を疾病の概念から断ち切るものである。キャリー・マリスは、PCRを「単に何かから何かを大量に作るためのプロセスである」¹⁵⁶と語ったが、これ以上端的な表現はないだろう。残念ながら、このCOVID-19の時代になって、バスティンやセナナヤケのような影響力のある人物は、分子製造ツールによるウイルス学者らの根拠なき主張を支持してきた経緯があり、その中には、承認されていない新たな感染症の診断能力や、いわゆるウイルスの検出なども含まれている。

ここで重要なことは、PCRの誤った解釈は、増幅プロセス以前の段階から始まっているということである。例えば、PCR用サンプルの調製に使われるRoche(ロシュ)社の「High Pure Viral RNA Kit(ハイピュア ウイルスRNAキット)」には、「哺乳類の血漿、血清、体液、細胞培養上清からウイルスRNAを迅速に分離する」¹⁵⁷と記載されている。製品情報からは、このキットがいかんしていわゆる ウイルスRNAと、サンプル中に含まれる他のRNAを区別するのは不明である¹⁵⁸。このプロセスには「ポリ(A)キャリアRNA」結合添加ステップがあるが、ポリアデニル化配列は非特異的であるため¹⁵⁹、次の緩衝化ステップと遠心分離ステップも同様に、RNAの出所を区別することは不可能であろう。こうした状況にもかかわらず、「プロトコール」の項では、最終生成物は「精製済みウイルスRNA」¹⁶⁰だと謳っているため、この根拠なき主張を信じる人は、その後のRT-PCRの結果が陽性となれば、それがウイルスの証拠だと思い込むことになる。これと同じことがロシュ社の「High Pure Viral Nucleic Acid Kit(ハイピュア ウイルス核酸キット)」にも当てはまる。このキットは、Na ZhuやPeng Zhouのチームが患者サンプルや細胞培養実験からSARS-CoV-2を発見したと主張する際に使用されたものである。ロシュ社もま

¹⁵⁴ The Merriam-Webster Dictionary defines commensalism as “a relation between two kinds of organisms in which one obtains food or other benefits from the other without damaging or benefiting it”: <https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (accessed 14 May 2022).

¹⁵⁵ Ron Law, “WHO and the pandemic flu ‘conspiracies’”, Rapid response, 6 Jun 2010: <https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic>

¹⁵⁶ David James, “PCR Inventor: ‘It doesn’t tell you that you are sick’”, *off-Guardian*, 5 Oct 2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>.

¹⁵⁷ Roche, “High Pure Viral RNA Kit - Product No. 11858882001”: https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html

¹⁵⁸ Roche, “‘High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001’ Instructions for Use”, Oct 2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

¹⁵⁹ Mary Edmonds, “A history of poly A sequences: from formation to factors to function”, *Prog Nucleic Acid Res Mol Biol*, Vol 71, 2002: [https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(02\)71046-5](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5)

¹⁶⁰ Roche, “‘High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001’ Instructions for Use”, Oct 2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

た、「プロトコール」に記載された手順を踏むことで、「精製されたウイルス核酸」¹⁶¹が得られるという誤った情報を提示している。

ところで、バスティンはロシュ社の主張について特に次のように質問されている：「このキットはウイルスNA(核酸)を他のものと区別出来なければならないのでしょうか。ウイルスNAには化学的に特異な性質があるのでしょうか？」この質問に対してバスティンは、「抽出のプロセスは特定の核酸に特化したものではありませんが、核酸の種類に合わせることは出来ます。キットによってはDNAやRNA[筆者による強調]の微分抽出が可能ですが、これは抽出されたサンプルにあらゆるDNAやRNAが存在することを示します。抽出された少量の物質は、次にPCR反応にかけられます。これこそが特異性をもたらすものなのです」¹⁶²。つまり、バスティンはロシュ社の詐欺的な主張について説明しようとはせず、核酸の出所の特異性を、PCR用に使われた配列の特異性に置き換えることで、論点を曖昧にしたのである。これは、「ウイルス」が何もないところから作り出されることを可能にする、いわば言葉による手品のようなものである。

第3部

「リトル・マウンテン・ドッグ：Winjor Xiao-Shan-Gou(小山狗)」 - 騙されてるのか、操られてるのか？

信じていなければ、決して見ることはなかっただろう。

- アシュリー・ブリリアント¹⁶³

私たちがよく耳にするのは、ウイルス学の非科学的な手法によるCOVID-19の不正行為に、医学界や科学界の大多数が意図的に加担することはあり得ないという議論である。筆者はそうした考えを示していないが、しかし無知が抗弁として使われることがあるのか、そしていつまで使われるのかは疑問である。実際、本稿の序盤(ウイルス学とは何か?)で、「科学的手法が放棄されていることに、下層部の関係者は気付かないか、もしくは偶発的であるかもしれない」と指摘したのはそのためである。駆け出しのウイルス学者には、先輩の手法に従うように教育されており、自分の研究室のやり方について異を唱えれば、キャリアはもちろん、資金面でも大きな前進は望めないだろう。

¹⁶¹ Roche, “High Pure Viral Nucleic Acid Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 874 001’ Instructions for Use”, Oct 2020:
<https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d>

¹⁶² (Personal correspondence from Stephen Bustin to my colleague, 15 Oct 2021.)

¹⁶³ <https://www.ashleighbrilliant.com/>

2020年1月29日、「Winjor Little Mountain Dog (Winjor Xiao-Shan-Gou: 小山狗)」と名乗る中国のウイルス学者だと思われる人物が、「新型コロナウイルス発見の初体験を記録する」と題した文章を投稿した¹⁶⁴。そこには、前の月に武漢で何が起こったのか、そして後に「SARS-CoV-2」と改名されたWH-Human 1、別名「WH-01/2019」を実際に「発見」したのは誰だったのか、真相を解明しようと決意した内部関係者の強い思いが綴られていた。COVID-19 の欺瞞に気付いている者にとっては、この文章がガスライティングの一端を担っていると疑わざるを得ない。その他にも、この話がどの研究所からのものかを比較的容易に推測出来ることから、投稿者は共産党中国に住む人物としては極めてナイーブに感じられる。しかし、この文書は描写の通り、すなわち語り手がウイルスを発見したと思いついでいるものとして、以下の抜粋箇所で紹介される：

2019年12月26日、仕事場へ行ってきた。いつも通り、まずはこの日分のmNGS病原性微生物の自動解析結果をざっと見てみる。

投稿者はここで、本稿の前半で解説したように、未処理の患者サンプルを用いてメタゲノムNGSを実施している自身の研究室について述べている。この文章は、投稿者自身のテーマを設定したものであり、環境中で検出され、コンピューターソフトウェアによって構築される遺伝子配列という意味での「ウイルス」を説明している。

しかし、予想に反して、あるサンプルはSARSコロナウイルスという感受性の高い病原体と数十の塩基配列が見つかっており、このサンプルにはそのような意味を持つ病原体しかないことが判明した。

これは、粗製標本から検出された様々な配列から、一気に「病原体」が発見されるという信じがたい飛躍であり、明らかにコンピューター・プログラムによって立証出来るという前提にたったの話である。そればかりか、コンピューターは「SARSコロナウイルス」を発見し、臨床症状である「重症急性呼吸器症候群」にどういうわけか関連していることがわかったというのである。

...この病原体はコウモリSARS様コロナウイルスに最も近く、全体の類似度は約87%、SARS [SARS-CoV-1] との類似度は約81%である。アラインメントにおける配列数は数十から500以上に増加している。さらに、5つのコンティグが組み立てられ、その合計は1200bpを超えた。この時点で、基本的にコロナウイルスであることが確認出来る...こうした緊急の状況では、文献を調べる時間もなく、手元にデータもあまりない...なので数千のコロナウイルスゲノムを徹底的に解析し、類似性、カバレッジ、あるいはゲノム分布の面

¹⁶⁴ “记录一下首次发现新型冠状病毒的经历”, 29 Jan 2020:

<https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101>. One of the English translations: “Documenting the first experience of discovering a novel coronavirus”:

https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md

から総合的に評価し、最終的に最も類似性の高い二つのゲノム、コウモリ-SL-CoVZC45とコウモリ-SL-CoVZXC21を特定した。

こうしてまるで魔法の様に、ウイルスの存在が「確認」されるのである。それは、一部の新たなin silicoアセンブリーを、すでに遺伝子データベースに提出された他のin silicoアセンブリーと比較することを根拠にしたものである。この投稿者は次に、系統樹分析と、ウイルス学の架空の系図に新たに加わったウイルスの進化経路の構築について述べている。そこには、ウイルスが実際に物理的に存在し、宿主に感染して病気を引き起こす能力など、具体的な生物学的特徴を持った粒子でなければならないという認識が全くない。投稿者は単に、「分析によって、この患者のサンプルに確かにウイルスが存在することが確認された」と断言した。文章後半で、投稿者は、臨床的な病原性について多少なりとも慎重を期しているが、「肺炎がこのウイルスによって引き起こされたかどうか、我々は分析しなかったし、分析することも出来なかった。ウイルスが検出されたからといって、肺炎がウイルスによって引き起こされたということにはならない」とコメントし、ウイルスの存在には依然として確信を抱いているようである。

...12月30日には、似た症状の患者がかなりいることを聞いた...私がまた本当に不安になったのは、友人とビジネスマンが、解析のために塩基配列を提供してくれたことだった。それを分析した結果、確かに同じウイルスだった！「このウイルスは伝染する」という考えが脳裏をよぎった。

投稿者自身が、武漢で報告された患者の「似た症状」がいずれも非特異的な呼吸器症状であることを知っていたかどうかは定かではない。今日に至るまで、COVID-19は合法的に定義された臨床症状ではない。「確認された」症例は、単なる分子検出プロセスの結果を示しているに過ぎないからである¹⁶⁵。さらに、循環的推論や自己言及的プロセスについては、すでに述べた通りだが、ウイルス学の方法論によって「ウイルスゲノム」を発見し、その後、他の場所でほぼ同じ集合体が検出されたことが「同じウイルス」が発見されたことの確認であると主張しているのである¹⁶⁶。

この未知のウイルスがSARSと同じくらい恐ろしいかもしれないという不安と、mNGS技術によってこの病原体を早期発見・確認し、患者を隔離したことで、ウイルスが広く蔓延する前に、予防・制御することが可能かも知れないという興奮！そして、この新型コロナウイルスによる出来事を経験したことで、国の公衆衛生上の重大事態への対処能力が格段

¹⁶⁵ “WHO COVID-19 Case definitions: Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case investigation and epidemiological protocol”, 16 Dec 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020_2
(The small footnote does state: “Surveillance case definitions should not be used as the sole basis for guiding clinical management.”)

¹⁶⁶ Mark Bailey & John Bevan-Smith, “The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

に進歩したことを期待したい...私の知る限り、このウイルスを最初に発見したのは我々のはずである。なぜなら、我々が結果を報告した後、疾病管理体制が介入し始めたからだ。

この投稿者が本気でSARS-CoV-2を最初に発見したのは自分たちであり、公衆衛生の専門家にはそうした能力があると信じているのか、それともこの文章はCOVID-19のプロパガンダの別の役割として作為的に「リーク」されたのか、読者が判断するところである。そもそも蔓延するウイルスなど何もなかったのだ。恐怖を除けば、世界中に広がっていたのは、架空のWH-Human 1の「ゲノム」と、その配列に合わせて調節されたPCR検査だけであった。「パンデミック」は一連の検査を拒否することで食い止めることが出来たはずである。しかし、無知な公衆衛生の「専門家」はウイルス学が掲げる反科学を鵜呑みにし、その結果COVID-19の詐欺に加担することになったのである。

リトル・マウンテン・ドッグは、自分たちが「ウイルスを発見した最初の研究所」であることを知らしめるため、2019年12月24日に武漢のサンプルを採取し、その後2020年1月11日にGISAIDデータベースにアクセッションID「EPI_ISL_402123」として提出した。Fan Wu et al. のin silico配列と共に、EPI_ISL_402123は、Christian Drosten (クリスチャン・ドロステン)のチームによるPCRプロトコルの設計に使われた(下図8)。しかし、デイビッド・ラスニックが指摘したように、「彼らは全くウイルスに触れていない」のである。これは皮肉なことに、「研究所流出説」を覆す要素となっている。この説は、2020年2月初めには主流メディアに登場していた¹⁶⁷。この「ウイルス」は確かに研究室で発明されたが、それはコンピューター研究室であり、唯一、意図的に流出させた実体はコンピューターのシミュレーションであった。シミュレーションの結果は、世界を駆け巡るデジタルコードとしてインターネットを通じて送信され、得られたPCRプライマーが大量にキットに配備されたことで、COVID-19詐欺の「症例」が作り出されたのである。

リトル・マウンテン・ドッグの話題は、社説『As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent (パンデミックが爆発的に広がる中、危険を感じたある研究者。中国の指導者らは沈黙を守る)』と題して、2022年4月22日付のワシントン・ポスト紙に掲載された¹⁶⁸。同紙は、リトル・マウンテン・ドッグは中国南部の広州にある民間研究所『Vision Medicals (ヴィジョン・メディカルズ)』を拠点にしており、「彼女の話は、歴史的規模の悲劇的結末をもたらす隠蔽工作を示唆している。重大な危険が、手遅れになるまで隠されていたのだ」と報じた。社説は、ウイルス学的主張は全て額面通りに紹介し、皮肉にも「このエピソードは、パンデミックの始まりについて徹底的な真相究明が必要であることを改めて強調するものである」と述べて

¹⁶⁷ "Chronology for Covid & SARS-CoV-2 PCR and Metagenomics": <https://chironreturn.org/>

¹⁶⁸ Editorial Board, "As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent", *The Washington Post*, 22 Apr 2022: <https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>

いる。つまり、この「パンデミック」の根底には、ウイルス学者が捏造し、ワシントン・ポスト紙などの媒体が広めたデタラメしかないということである。

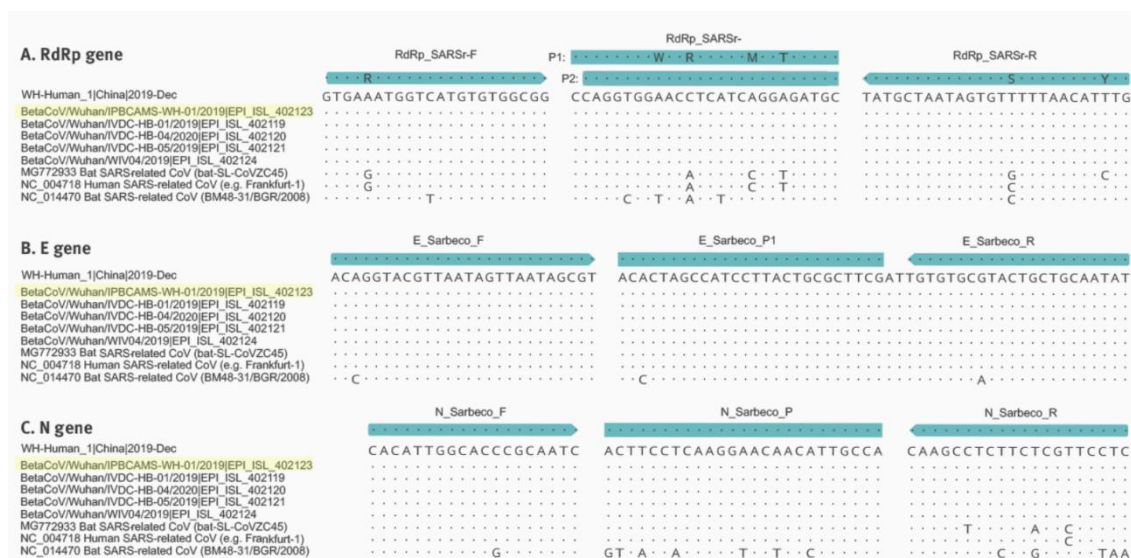


図8. リトル・マウンテン・ドッグのGISAIDデポジット「EPI_ISL_402123」。Fan Wu et al.によるコーマン・ドロステン RT-PCRプロトコルのデポジット「WH-Human_1|China|2019-Dec」と併せて掲載されており、「アライメント[WH-Human_1|China|2019-Dec]は、GISAID上で別途公開された追加配列によって補完された」と記載されている。出典：『Detection of 2019 new coronon (2019-nCoV) by real-time RT-PCR(リアルタイムRT-PCRによる2019年新型コロナウイルス (2019-nCoV) の検出 (図2) 参照)』

「研究所流出」による目くらまし

天然痘を実在するものだと思い込んでいる人がほとんどだろう。これは、ほぼ全てのいわゆる「正統派」に通ずることであり、天然痘も他のいかなる病気も実体ではなく、あくまでも「状態」であると言われると、目から鱗が落ちる思いであろう。

- モンタギュー・R・レヴァーソン博士、1909¹⁶⁹

2022年5月19日、ランセット(査読制の医学雑誌)COVID-19委員会のJeffrey Sachs (ジェフリー・サックス)委員長は、Neil Harrison (ニール・ハリソン)との共著で『A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus (SARS-CoV-2ウイルスの起源に対する独立調査への呼びかけ)』と題する論文を発表した¹⁷⁰。論文の冒頭で、COVID-19の状況を次のように説明している：

¹⁶⁹ “English City of Leicester as Example of Benefits of Abolition of Vaccination”, *Bridgeport Evening Farmer*, 21 Aug 1909.

¹⁷⁰ Neil Harrison and Jeffrey Sachs, “A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 19 May 2022: www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119

2020年1月に中国の武漢でSARS-CoV-2が確認されて以来、ウイルスの起源については激しい科学的論争と社会的憶測が巻き起こっている。二つの主要な仮説は、ヒトが感染動物に接触すること(いわゆる「人獣共通感染症」)によりウイルスが出現した、あるいは研究関連の事故によりウイルスが出現したというものである。

しかし、「二つの主要な仮説」の存在を主張するためには、「SARS-CoV-2が同定された」ということ、つまり、この粒子が物理的な存在であること、また、ウイルスの定義を満たすために必要な特異的生体特性を持つことを認めるのが前提となる。それは、「COVID-19」という新種の病気を引き起こす、伝染性の細胞内寄生虫であることを意味する。『The COVID-19 Fraud & War on Humanity (COVID-19詐欺と人類に対する戦い)』で述べたように、粒子の存在も新型の病気とされるものの存在も証明されていない¹⁷¹。さらに本稿では、Fan Wu et al. の論文と、2020年初頭に武漢でウイルスを「同定」したとする彼らの虚偽の主張について、詳細に論じている。一方、研究所流出説の推進者であるサックスやハリソンは、ウイルス学の未だ立証されていない仮説を鵜呑みにし、自らの分析を始めている。

彼らの論文では、「野外からSARS様コウモリCoVを収集し... (中略)... こうしたウイルスの解析と操作を実施したこと」などを挙げて、「野外で収集したウイルスの全種類や、その後の配列決定や操作など、実施された実験がどのようなものであったかは、依然として不明である」と不満を述べている。彼らは明らかに、「SARS様コウモリCoV」がコウモリの腸を粉碎したものに過ぎず、その粉碎物を新生児ラットの脳に直接注射することにより「病原性がある」と主張していることを認識していない。こうしたサンプルの操作は、研究費の調達や初心者への影響力を高める手段にはなるかもしれないが、生物の本質を変えることは不可能である。このような実験では、サンプルにウイルスが存在することも、自然界に病原性があることも証明できない。彼らが公に推進する実験において、ウイルスの存在さえ証明出来ないのであれば、さほど心配することはない。そもそもウイルスが存在しないのだから、密室で行われていることは無意味なのである。

ウイルス学者が提唱する「SARS-CoV-2ゲノム」に関して、サックスとハリソンは、「FCS (furin¹⁷²切断部位) の挿入は、自然進化(おそらく中間哺乳類またはヒトにおける組み換え現象)の結果なのか、あるいは研究室での実験のために意図的にSARS様ウイルスにFCSを導入した結果なのかわからない」としている。それよりも、分析対象の配列やタンパク質が、病原性ウイルスのものであることが証明された経緯を調べる方が賢明だろ

¹⁷¹ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

¹⁷² Furin is a protein-splitting enzyme that is present in humans and other animals. Virologists claim that when SARS-CoV-2 is being produced in a cell, furin cuts the spike protein at the 'furin cleavage site' before it exits the cell.

う。ここ数年におけるFCSの複雑なメカニズムに関する議論は、「ウイルス性」ゲノミクスとプロテオミクスという、欠陥だらけのパラダイムの縮図に過ぎない。

同様に、ノースカロライナ大学(UNC)における、いわゆるウイルス研究や、DARPA(米国防高等研究計画局)へ提出された「DEFUSE」のような「リークされた」助成金申請書に関してもウイルスの証拠ではない¹⁷³。明確にしておくが、UNCなどの研究機関が数十年にわたり、スパイクタンパク質のような物質を実験してきたことに争点を置いているわけではない。こうした配列の一部は特許を取得し、注射用生体薬剤の開発に使用されており、最近ではCOVID-19ワクチンという名目で多くの人に強制的に投与されている¹⁷⁴。しかし、いずれも実際にウイルスと呼べるような粒子を必要とするものではない。

残念なことに、ウイルス学の一連の主張があまりに錯綜しているため、ほとんどの人はその大部分がナンセンスであることに気付いていない。サックスとハリソンが論文を発表した数日後、The Intercept (米国インターネットメディア)は、両者もまた「ウイルス工学の不可思議な理論」¹⁷⁵の調査に乗り出したと考えた。同社は、2016 UNC Chapel HillのRalph Baric (ラルフ・バリック)の研究¹⁷⁶について、「科学者らは、武漢ウイルス学研究所(WIV)によって分離され、特徴付けられたコウモリコロナウイルスのスパイクを使用して、新たなウイルスを作成した」と報じた。この執筆者は、ウイルス学者がいかに欺瞞的に「分離された」という表現を使っているかを理解していないと推測出来る。さらに、13ページの図1は、WIVが「精製されたビリオン」を保有しており、その後バリックらがそれを用いて「新たなウイルスを作り出した」と主張するという不条理さを露呈している。両研究室とも、異常なサル腎臓細胞培養液以上のものを持っていたという証拠はない。

研究所流出説は、COVID-19という時代における単なるシナリオの一つであり、SARS-CoV-2だけでなく、病原性ウイルスや微生物に関連した伝染病全体が実際に存在するという錯覚を一般大衆のイメージの中で生かし続けているのである。ここ数ヶ月、サル痘の流行宣言、ロンドンでのポリオ「ウイルス」検出説、そしてCOVID-19研究所流出説は、自身が命名した架空の病気とパンデミックを後押しするWHO事務局長からの支持

¹⁷³ Samantha Bailey, "Gain of Function Garbage", 18 Jan 2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/>

¹⁷⁴ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

¹⁷⁵ Sharon Lerner, "Jeffrey Sachs presents evidence of possible lab origin of COVID-19", *The Intercept*, 20 May 2022: <https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/>

¹⁷⁶ Vineet Menachery, et al., "SARS-like WIV1-CoV poised for human emergence", *PNAS*, 14 Mar 2016: <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113>

まで得ている¹⁷⁷。これほど効果的に関心を集め続けるのであれば、今後も「研究所流出」ネタは増える可能性があるようだ。

「リトル・マウンテン・ドッグ」の話のように、この研究所流出話も、ウイルスの科学的実証に基づいたものではなく、単にウイルスが存在するという信念に支えられ、見かけ上の科学的裏付けに助けられているに過ぎない。これと似たような内容として、2020年11月、オーストラリアの「国際政策シンクタンク」を謳うローウィー研究所は、下記のような紹介記事を発表した：

2020年4月、武漢市中心医院の救急部門責任者であるAi Fen(艾芬)医師は、中国誌Renwuのインタビューに答えた。彼女は、2019年12月下旬、救急外来にインフルエンザ様の症状を訴える患者が多数受診するようになり、通常の治療が効かなくなったことを詳細に説明した。彼女は、ある患者のウイルスに関する最初の報告が届いたとき、「冷や汗が出た」と振り返った。彼女は急いで「SARSコロナウイルス」の文字を丸で囲み、報告書をスクリーンショットして同僚に送った。彼女の報告書はあっという間に武漢の医学界を駆け巡った。しかし、Ai医師の行為は病院や政府関係者を動かす代わりに、「噂を広めた」「安定を脅かした」として病院の懲戒委員会から叱責を受けた。病院側は職員や一般市民に警告するよりも、職員に個人防護具の着用を控えさせ、パニックを避けるため、医師はウイルスに関するメッセージや報告をやり取りすることを禁止するよう、地元の健康保護委員会から指示が出された¹⁷⁸。

疑うことをしない人にとっては、「ウイルス性パンデミック」の発端を隠蔽しようとする当局の企てのように思えるかもしれないが、ウイルス学のデタラメに気付いている人なら、誤りを見破ることが出来るはずである。こうした構図には実際のウイルスは一切不要なのである。「ウイルス報告書」の「SARSコロナウイルス」を丸で囲む行為は、Fan Wuのチームや他の研究チームがドライ・ラボで行ったシミュレーション以外の何物でもない。

もう一人の医師、Li Wenliang(李文亮)もまた、BBCにより「内部告発者」として称えられたが¹⁷⁹、Ai医師の報告を共有した後、中国当局の検閲を受けることになったと報じられた。この報道では、33歳のLi医師は武漢市中心医院で勤務中にウイルスに感染し、その後COVID-19で死亡したとされている。コーポレートメディ(訳者注：公共の利益に貢献

¹⁷⁷ Mark Bailey, "Lab Leaks and other Legends", 28 Jun 2022:
<https://drsambailey.com/covid-19/lab-leaks-and-other-legends/>

¹⁷⁸ Lydia Khalil, "Digital Authoritarianism, China and COVID", *Lowy Institute*, 2 Nov 2020:
<https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid>

¹⁷⁹ "Li Wenliang: Coronavirus kills Chinese whistleblower doctor", *BBC*, 7 Feb 2020:
<https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795>

しないメディア・システム)やウィキペディア¹⁸⁰が、こうした「隠蔽工作」を盛んに宣伝するのも、それが人類に対する戦いの一部でなかったら、むしろ滑稽なものだっただろう。これら一連の話は全て、伝染性の「致命的なウイルス」にまつわる同じ恐怖の物語へと繋がっていく。それが、この詐欺を広めることを可能にし、将来、同様の詐欺が行われる道を開くのである。筆者が驚かされるのは、「健康を守ることは私たちの自由」を掲げるコミュニティの多くが、コーポレートメディアが訴えるCOVID-19に関する情報を一切信用しない一方で、最大の嘘である「致命的なウイルスが存在する」という主張だけは信じていることである。

なお、「コロナウイルス」の特許出願がウイルス存在の証拠になるという主張があるが、これに対しては即座に反論することが可能である。2021年、M-CAM®インターナショナルのDr David Martin PhD (デイビッド・マーティン)博士は、同社の活動の一部として『The Fauci/COVID-19 Dossier (ファウチi/COVID-19に関する調査報告書)』¹⁸¹を発表した:

1925年の「窒息性ガス、毒ガス、その他のガスの戦時における使用及び生物兵器の使用禁止に関する議定書(ジュネーブ議定書)」と1972年の「生物兵器及び化学兵器の開発、製造及び備蓄の禁止並びにそれらの破壊に関する条約(BTWC)」に対する違反の可能性を監視する。

しかし、「組み換えコロナウイルス製造法」に関する無数の特許や、UNCチャペル・ヒルの「機能獲得研究第一人者」であるラルフ・バリックと、彼のチームに対する連邦政府からの助成金があるにもかかわらず、こうした文書にはウイルス存在についての科学的証拠は何一つない。特許事務所の職員や研究助成金を承認する側は、生物学上の信憑性について判断する立場にはなく、単にウイルス学者の主張を受け入れているに過ぎない。この調査報告書は、病原性ウイルスが関係する「機能獲得」行為の決定的証拠ではなかった。おそらく、この調査報告書をを決定的証拠だと思った人は、マーティンが冒頭で述べた「この文書全体を通して、医学的・科学的文献で一般的に受け入れられている用語の使用は、それら用語が象徴する独断的見解に対する受諾や拒絶を意味するものではありません」という免責事項を聞き流してしまったのだろう。

¹⁸⁰ “Li Wenliang”, Wikipedia: https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang

¹⁸¹ David Martin, “The Fauci/COVID-19 Dossier” Apr 2021: https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

ウイルス学と閉鎖社会

私は科学者ではないが、科学者の発言を見聞きし、自分自身で考え、理にかなった結論を導き出すことは、あらゆる市民の権利と義務である。私たちは皆、その能力を充分備えており、問題が科学に関係しているからといって、自分たちの自由を科学者に委ねなければならない理由など一つもない。

- サンプション卿、2020年¹⁸²

「SARS-CoV-2の分離と配列決定実験」と主張されるもので、対照実験の本質を隠蔽することに対して、これまでで、最も奇妙な対応を見せたのは、UKHSA(英国保健安全保障庁)であった。2021年10月27日、ウイルス分離に関する情報公開請求に応じ、UKHSAは以下の図9の画像がSARS-CoV-2ウイルスの「証拠」であるとの見解を示した¹⁸³。情報公開を請求した筆者の同僚は、コンピューターで作成された画像の出所や作成方法について一切説明のない画像に全く騙されることはなかった。しかし、UKHSAはその後も科学的根拠をあやふやにしたまま、ウイルスは「複製するには宿主細胞の基質が必要である。そのため、培地なしでウイルスを分離することは不可能である... こうした培地や添加物は全て無菌であり、追加的遺伝物質は含まれていない」¹⁸⁴と続けている。追加的遺伝物質が含まれていないのであれば、UKHSAは宿主細胞に何が含まれていると考えているのか？それについては推測するしかないだろう！CDCと同様、この対応チームもまた、Na Zhu et al. の論文『A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019 (2019年、中国における肺炎患者からの新型コロナウイルス)』が、この想像上のSARS-CoV-2ウイルス粒子が物理的に存在することを再確認させるものであることをほめかしているようであった。

筆者の同僚はUKHSAに対し、彼らがウイルスの証拠を何も持っておらず、「恐怖心を植え付けることで皆を傷つけ、その権利を一方的に剥奪し、不要かつ有害な処置を強要しており、これは道徳的に非難されるべき行為である」とEメール¹⁸⁵で指摘した。同僚はその数ヵ月後、UKHSAに手紙を書き、イングランド公衆衛生局の論文『Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020 (COVID-19 症例における感染期間とRT-PCR

¹⁸² Jonny Dymond interview of Lord Sumption, BBC Radio 4's *The World at One*, 30 Mar 2020. Transcript: <https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/>

¹⁸³ (By email from Information Rights Team, UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 Oct 2022.)

¹⁸⁴ Ibid.

¹⁸⁵ By email to UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 Oct 2022.

サイクル閾値との相関、イングランド、2020年1月～5月)』¹⁸⁶における細胞培養実験の方法論の全容と比較対照の開示を求めた。UKHSAからの2022年3月25日付回答文書には、COVID-19詐欺の根幹をなす「ウイルス培養」の偽装について詳細を公表しないというWHOと主権国家の陰謀を示唆するもの、あるいはSARS-CoV-2を「ハイ・ハザード・ウイルス(危険性の高いウイルス)¹⁸⁷」と形容するUKHSAの深刻な無知を象徴する文面が盛り込まれていた:

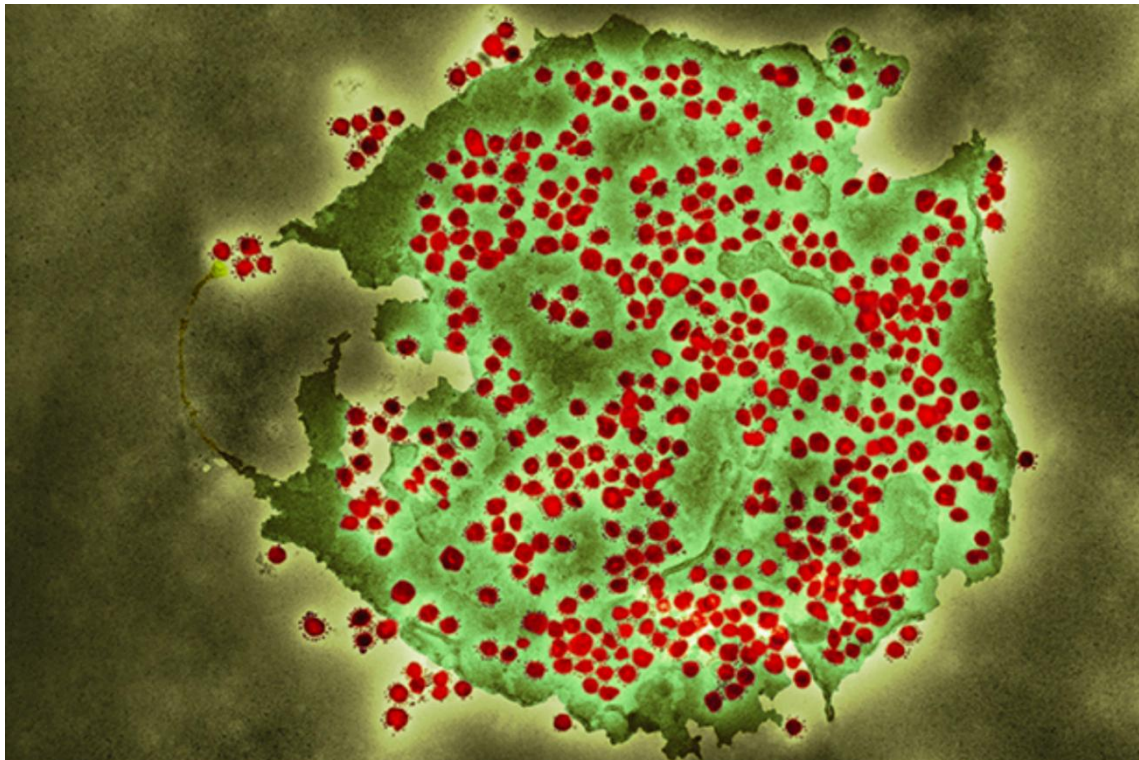


図9. UKHSAが2021年10月27日にSARS-CoV-2の「証拠」として発表した際、使用したイラスト

本法令第1条(1)(a)に従い、UKHSAは上記の質問に関連して要求された情報を有していることを確認しています。しかしながら、要求された情報は、第24条(1)-国家安全保障の適用除外に基づき、開示が免除されています。第24条(1)は、第1条(1)(b)に基づく免除が国家安全保障の目的上必要な場合、情報は免除されると規定しています。ここでの必要とは、免除の行使が合理的に必要であることを意味しています...

¹⁸⁶ Anika Singanayagam, et al., "Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020", *Euro Surveill*, 25(32), 13 Aug 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

¹⁸⁷ The UKHSA themselves had declared that "as of 19 March 2020, COVID-19 is no longer considered to be a high consequence infectious disease (HCID) in the UK.": <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

免除が適用される理由は以下の通りです：

- ・情報の開示は、極めて詳細な技術情報、ノウハウの移転にあたり、2020年にWHOがPHE（イングランド公衆衛生局）現UKHSAに行った、培養増幅法によるSARSCoV-2の詳細を公表しない、または一般に入手可能にしないという明確な要請に自ら反することになる；
- ・この情報の開示は、封じ込めレベル3を必要とする、危険性の高いウイルスに対して、ウイルス増幅に用いられた正確な手法の詳細であり、身元不明または身元未確認の一般市民や悪意のある関係者に提供された場合、国家及び世界のバイオセキュリティに脅威となる可能性がある；
- ・この情報の開示は、極めて重要な「ノウハウ」を提供することになり、状況によってはバイオセキュリティ上の脅威となりうる¹⁸⁸。

この回答文書の内容に対して筆者の同僚が再審査を求めたが、UKHSAは2022年5月3日付でこの決定を承認した。その理由は、細胞培養実験の詳細を提供することは、「情報開示がもたらす国家安全保障上の脅威を上回るものである」¹⁸⁹というものであった。UKHSAが、自らの実験方法の詳細を伏せることが、なぜ「国家安全保障のため」に必要なのかは不明である。ウイルス学者らは有効な対照実験を行っておらず、「ウイルスを分離した」と主張する彼らの実験は科学文献上、立証されていないことが露呈している。権威は、仮にこの事実を公式に認めた場合、ウイルス学上の虚偽の実験を根拠に実行された犯罪を一般市民が知ることになり、反乱が起きることを恐れているのだろうか？「バイオセキュリティ」を名目に、この情報の開示を妨害する当局の公式見解は「ハイ・ハザード・ウイルス」の存在を示すことが出来ないことを考えると、何とも逆説的である。

UKHSAの馬鹿げた対応は、おそらくワクチン・公衆衛生担当国務次官の Maggie Throup（マギー・スループ）が群を抜いていただろう。2022年6月27日、スループは同僚の Rachael Maskell（レイチェル・マスケル）議員宛てのEメールで、次のように述べている：

「UKHSAがCOVID-19でコッホの原則を使用しないのは、その原則が余りにも限定的で、原因よりも関連性を重視しているためである。コッホは、無症状保菌者の発見と同時に原則を削除しています。Bradford-Hill（ブラッドフォード・ヒル）判定基準がより一般的に使用されているのは、ウイルスと疾患を関連付ける場合です。しかし、SARS-CoV-2がコッホの原則を満たしている点は、動物モデルを用いた下記の論文で証明されています」¹⁹⁰。

¹⁸⁸ Letter from UKHSA, “25/01/2022/ag/2334, Re: FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ Controls”, 25 Mar 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PAC-KAGE-redacted.pdf>

¹⁸⁹ Letter from UKHSA, “01/0422/ag/005, Re: Case ref 2334 - FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ Controls”, 3 May 2022.

¹⁹⁰ By email from Maggie Throup MP to Rachael Maskell MP, Ref: ZA50772, 27 June 2022: <https://www.parliament.co.uk/question/315/coronavirus>

この章で前述した通り、仮説による微生物の存在が確立されていないのに、仮説が満たされると主張するのは筋違いである。また、スループが言及している2020年の論文とは、『The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice (hACE2 遺伝子改変マウスにおけるSARS-CoV-2の病原性)』である¹⁹¹。この論文は、研究者のサンプルにウイルスが存在することを立証しておらず、有効な対照もなく、コッホの原則に従っていないなど、不正行為の他の側面を示している¹⁹²。しかし、スループはその後ウイルス学的に無意味なことを繰り返し、別の研究¹⁹³は「人が初めてSARS-CoV-2に接触した瞬間から、感染を経て、ウイルスが完全に排除されるまでの、COVID-19の経過を示している」と主張している。再度述べるが、この論文は単にサンプルにウイルスが含まれていると主張するだけで、有効な対照実験は行なわれておらず、他の非科学的な点については言及するまでもなく、プレプリントの段階でViroLIEgyがこの論文に対して包括的な反論を行なっている¹⁹⁴。つまり、スループのような政治家は、ウイルス学の戯言をオウム返しにしているのであり、それによって有権者を不必要な、場合によっては致命的な結果をもたらす由々しき事態に晒しているのである。

メタゲノム配列決定 - ウイルス学の限界か？

果たして分子生物学の還元主義的野望は、それが生み出すデータの量、あるいはその収集の魅力にさえ阻まれる危険性があるのだろうか？

- ジョン・マドックス卿¹⁹⁵

配列決定の費用は、2001年に1メガベース (Mb) あたり5000米ドルを超えて以来、2007年には1Mbあたり約500米ドルにまで劇的に低下し、その後、2021年半ばには1Mbあたり0.005米ドルにまで急落した¹⁹⁶。さらに、2005年頃にNGS (次世代シーケンサー) が登場し、ゲノム配列決定の所要時間が飛躍的に短縮された。2017年のBiology and Medicine (生物学と医学) 誌の記事に次のような記述がある：

¹⁹¹ Linlin Bao, et al., "The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice", *Nature*, 7 May 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

¹⁹² Samantha Bailey, "Koch's Postulates: Germ School Dropout", 8 Sep 2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/>

¹⁹³ Ben Killingley, et al., "Safety, tolerability and viral kinetics during SARS-CoV-2 human challenge in young adults", *Nat Med*, 31 Mar 2022: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/>

¹⁹⁴ Mike Stone, "Challenging 'SARS-COV-2'", 11 Feb 2022: <https://viroliegy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

¹⁹⁵ "Finding wood among the trees", *Nature*, 5 May 1988: <https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf>

¹⁹⁶ National Human Genome Research Institute, "DNA Sequencing Costs: Data": <https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> (accessed 23 Apr 2022).

例えば、ヒトゲノムは30億塩基対から構成されている...サンガーシーケンサーを用いたヒトゲノムの解読には15年近くかかり、世界中の多くの研究室が協力し、約1億米ドルの費用がかかったのに対し、454ゲノムシーケンサーFLXを使用したNGSシーケンサーによる解読はわずか2ヶ月、費用はおよそ100分の1で完了した¹⁹⁷。

この記事は続けて、「残念なことに、NGSは完全なゲノムのDNA配列を読み取ることが出来ず、DNAの小さな断片を配列し、数百万のリードを生成するのが限界である。この限界は、特にゲノムアセンブリ・プロジェクトにとっては、高度な計算資源を必要とするため、マイナス要素となっている」とも記している。

ここで指摘されているのは、ウイルス学において、「計算資源」以上に懸念されることは、出所のわかっている遺伝物質(例えば、ヒト、細菌、真菌の細胞)の配列決定に用いられるプロセスが、出所不明の遺伝子断片のアルゴリズムによる組み立てへと変容していることである。これが、ウイルスハンターの主張するウイルス同定の基本である。ウイルス学者にとって計算資源はもはや問題ではなく、彼らは粗製標本を含む完全に反科学的な「ウェット・ラボ・パイプライン」の手法を用いて情報を得て、フィルタリングせずに生成されたリードを自らの理論である「ドライ・ラボ・パイプライン」とin silicoモデルへと送り込むのである。

配列決定費用の大幅な削減と時間の短縮が同時に起こったことで、ウイルス学は反科学の道を一層突き進んでいるようだ。人類は、存在しないウイルスが独断で作り出され、偽りの介入や奴隷化の口実として利用され、多大な代償を払っているのである。2019年10月発表のCritical Reviews in Microbiology(微生物学クリティカル・レビュー)誌では、「mNGSメタゲノムNGSは、臨床サンプルから希少かつ新種の、検出が困難な病原体や重複感染病原体を直接同定する上で優れた性能を発揮する」と謳っている¹⁹⁸。しかし、「新種のウイルス病原体」を同定することに関して「優れた性能を発揮する」というのは無意味である。それもまた、ウイルス学の循環的推論の渦に陥っているからである。同誌に挙げられた「新種の病原体」のほとんどは、「培養に頼らない」現代的な技術であるmNGSから得られたウイルスである。しかし、この場合も同様であるが、誰もウイルスを培養したり、物理的に分離したりすることが出来ないのであれば、環境中のサンプルに含まれる様々な遺伝子配列は、いかにしてウイルスに由来するものであると主張出来るのだろうか？すでに説明してきたように、Fan Wu et al. による武漢での「新型コロナウイルス」の宣言は、全てこうした遺伝子配列によるものであった。この手法

¹⁹⁷ Mehdi Kchouk, et al., "Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation", *Biology and Medicine*, 6 Mar 2017: <https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generations-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generation-24326.html>

¹⁹⁸ Donsheng Han, et al., "mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity", *Critical Reviews in Microbiology*, 6 Nov 2019: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933>

をウイルス粒子の証明として押し通そうとするウイルス学の姿勢は、科学的方法と矛盾する反証不可能な仮説を打ち立てようとしていることに他ならない。



図10. イルミナMiniSeqシステム - Fan Wuのチームなどが、計算アルゴリズムにより、21世紀の*in silico*「ウイルス」を発見する方法。これは、ドライラボのパイプラインで行われ、実際の感染症を引き起こす粒子の存在は証明されない。

ゲノミクス・プロセスの専門化(及び自動化の加速化)は、患者を臨床的に評価することから、コンピューター画面上で生成される塩基配列までの全体像を見極めることが出来る人がほとんどいないという事態を招いている。ウイルス学者らは、ウイルスの定義を満たす粒子が存在することを決して立証しようとしない。そのことが、「ウイルスゲノム」プロセスを第1段階から無効にしているのである。ウイルス学者らが「ウイルス性」と主張する配列が、想像上の粒子の内部に由来すると証明することはあり得ない。その代わりに彼らの主張は、その配列が「ヒト由来でない」か「新種であるか」、また遺伝子データバンクに登録されている「既知のウイルス」配列とどの程度一致するかというコンセンサスによって、そのような宣言がなされるというものである。しかし、自然は人工的に創り出されたストーリーには従わないのである。

メタゲノミクスのプロセスは、*de novo*によるこうしたウイルス配列の発明を可能にし、その結果、メリーゴーランドのように、21世紀に入ってもウイルス学が回り続けることを可能にしたのである。しかし、過去1世紀にわたってウイルス学が自らの仮説を満たすことが出来なかったため、その未来はメタゲノミクスの悪用、いや少なくとも誤用によってのみ成り立っていくことはほぼ間違いない。最近、複数の機関が対照実験の有効性を証明できなかったことは、ウイルス・パンデミックが科学的にもはや限界であることを物語っている。パンデミックの存続は、この最後の悪事が世間から隠されている間

だけである。ウイルス学の最後のあがきとして、メタゲノミクスは「技術の進歩」として欺瞞的に売られ続け、正当な科学的証明はすでに時代遅れだと都合よく主張されることが予想される。

これまで述べてきたように、こうした「技術の進歩」とされているものは、科学的手法に則って行われているかを確認するために、たった一つの単純な質問をするだけで、その誤りが露呈してしまうものである。例えば、2020年、カナダのチームが、COVID-19に感染したとされる2人の鼻腔ぬぐい液を採取し、「SARS-CoV-2の全ゲノム配列決定」について、様々な技術を比較していると主張した¹⁹⁹。これについての研究者の一人は、Dr Andrew McArthur PhD (アンドリュー・マッカーサー) 博士で、カナダ、マクマスタ大学の生化学・生物医学准教授である。マッカーサーは、「SARS-CoV-2ゲノム」を構築可能かどうかを確認するために、「健康な対照者(健康な人、またはPCR陰性サンプル)、あるいは非感染上清からRNAを抽出しようとしたか」と質問された。それに対し彼は、「健康な対照者からのスワブはなかったが、この研究にはアプリケーション/ライブラリーのための陰性対照があった、つまりサンプルRNAは含まれていなかった」と答えている²⁰⁰。事実、彼の論文では「対照」についての言及は一つしかなく、「SARS-CoV-2 RNA抽出物を含まない陰性対照ライブラリーをARTIC増幅法を用いて作成した」と記載されているだけである。繰り返しになるが、ここでも同様のことが行われており、有効な対照実験を欠いている点、すなわち、「ウイルス」と主張されているものを除いたヒト由来のサンプルである点で、この論文はウイルス学の壮大なメタゲノミック・ナンセンスの歴史に残るものである。皮肉なことに、彼らの論文はまた、「COVID-19は、重症急性呼吸器症候群コロナウイルス2 (SARSCoV-2) によるもので、2019年12月に出現した新種のコロナウイルスである」と主張しており、引用文献は、本稿で先述したPeng Zhou et al. による論文である。

¹⁹⁹ Jalees Nasir, et al., "A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture", *Viruses*, 15 Aug 2020: <https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895>

²⁰⁰ By email from Andrew McArthur, 31 May 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-valid-controls-PA CKAGE-redacted.pdf>

なぜ戦争中にウイルスの存在を疑うのか？

筆者はこれまで、数多くの「健康を守ることは私たちの自由」を掲げる運動に携わる人々を観察し、接触してきたが、その多くは、SARS-CoV-2やその他の病原性ウイルスの存在が証明されたかどうかの議論は無意味であると主張した。論拠としては、人道に背いた犯罪から目を逸らさせる、分裂を拡大させる戦略的ミスである、ウイルス仮説（あるいは広義の病原菌「仮説」）に異論があるのであれば、代替理論を提示すべき、などがある。そうした主張を展開する個人を列挙する必要はないが、一例を挙げると、イギリスの学者Dr Roger Watson（ロジャー・ワトソン）医師は2022年3月に、サマンサ・ベイリー医師がいかにして彼女の見解に至ったかは理解しがたく、パンデミックへの対処法について非常に批判的であることは、ウイルス否定論者である必要はない」と述べている²⁰¹。ワトソンのこうした批判は、ウイルス学の主張を鵜呑みにした、情報不足による偏った意見を示すものである。ウイルス学の歴史、その反科学的手法、そして2020年の「新型コロナウイルス」宣言をはじめとするウイルス学者による一連の発表について深く掘り下げ、その不正行為をわかりやすい言葉で周囲に伝える努力をしてきた人であれば、私たちの見解を理解するのは難しくないはずだ。

こうした批評家の中には、SARS-CoV-2が病原性粒子として物理的に存在するとするウイルス学者（及びWHO）の主張を除けば、パンデミックに関するあらゆることが詐欺であると述べる者もいる。つまり、詐欺の根底にあるものもまた詐欺だということがわからないのである。自由運動に携わる者にとってさえ、ウイルスの存在を否定すること自体が、自らの人生における取り組みの多くに疑問を投げかけることになるからだ。しかし、真実を追求する過程で、自己都合や現在の知識レベルでは限界があるなどの理由により、立ち止まってはならない。むしろ、基盤となる「事実」がウイルス学の権威によって独裁的に決められるのは重大な誤りである。COVID-19という詐欺の本質は、ウイルス学の主張に基づいている。エネルギーがウイルス学の誤謬を暴くことに向けられるのは、決して戦略的な間違いではない。ウイルス学的ナンセンスを放置したままCOVID-19対策だけを打ち破ることは、将来いくつもの「ウイルス性パンデミック」への門戸を開くことになるためである。詐欺全体を見抜くことこそが、感染という根拠のない恐れから解放され、自由への道をより確かなものにするのである。

²⁰¹ Samantha Bailey, "The COVID 'Sceptics' Who Spread Viral Dogma", 17 Mar 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/>

あとがき

このトピックを扱った評論がどれほど長くなろうとも、「しかし、それはどうなんだ？」と質問する人は必ず出てくる。観察結果をウイルスモデルに当てはめたいと思う心理は、実に多方面で強固にプログラムされているのである。ヒトのような生体の周辺で観察される現象や、様々な病気の原因を説明することは、本稿の意図するところではない。これまで詳細に述べてきたように、ウイルス仮説に反証の余地はないことが証明されればよいのである。ウイルス学者らは、病原ウイルスの直接的な証拠を一切示さず、代わりに間接的な観察結果を提示しているが、それは対照実験が行われていないため無効である。さらに、私たちは科学的手法に忠実であるため、こうした現象に対して代替的な説明を行う義務はない。仮説がたとえ一度でも反証されれば、その時点で終わりなのである。「しかし、それはどうなんだ？」という質問には、すでに答えが出されているにもかかわらず、「ウイルス」の虜にされ、周囲の利権に振り回されることで、多くの人に人為的な知識の障壁が形成されてしまっている。これを踏まえ、筆者は知りうる最高の目的を果たすべく尽力するとともに、人類が虚構のウイルスという足かせをきっぱりと外すために少しでも貢献出来ればと願っている。

進歩とは、真実を大きくすることではなく、それを覆っているものから解き放つことにあ
る。そして、真実は金塊と似ている。それを大きくするのではなく、それ以外のもの全て
をそぎ落とすことによって得られるのだ。

- レオ・トルストイ²⁰²

執筆者について

マーク・ベイリー医師 (MB ChB, PGDipMSM, MHealSc)

ニュージーランド・オタゴ

臨床試験を含む医療現場で20年の経験を持つ

現在は微生物学、医療産業、健康分野における研究者として活躍

²⁰² Tolstoy's *Diaries*, edited and translated by R. F. Christian, Flamingo, 1994.