

# A FAREWELL TO VIROLOGY

ウイルス学との別れ

(エキスパート・エディション)

Dr. マーク・ベイリー

Published 15 September 2022

Copyright © 2022 Mark Bailey

[drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/](https://drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/)

# 目次

要旨	3
----	---

## 第1部

見つからない SARS-CoV-2	5
スージー・ワイルズ博士 —— ウイルス学の‘分離’アコライト	6
分離が重要な理由	10
ウイルス学とは何か？	15
コントロールのないウイルス学は、科学的な探究ではない	22
動物虐待と“抗体”研究	25
ウイルス量のパラドックス	29

## 第2部

ファン・ウーらによる「デウス・エクス・マキナ」	30
果てしなく続く破綻した理論の正当化	38
SARS-COV-2 に関する CDC の主張	43
ペン・ジョウらによる暴露情報	46
武漢からの、さらなる偽装工作か？	48
スティーブン・バスティン教授による PCR パンデミックのお膳立て	49

## 第3部

“小山狗” —— うぶの極みか？ それとも巧妙な心理操作か？	57
“研究所からの流出”という情報攪乱	61
ウイルス学と閉鎖的な社会	66
メタゲノムシーケンシング —— ウイルス学の最後のあがきか？	70
なぜ戦争中にウイルスの存在について問題提起するのか？	74

## あとがき

著者紹介	75
------	----

# A FAREWELL TO VIROLOGY

## ～ウイルス学との別れ～

(エキスパート・エディション)

### 要旨

ウイルス学は、ウイルスモデルを創作したものの、一貫してその必要条件を満たすことに失敗してきた。ウイルスは、ヒトのような宿主間を伝染した上で病気を引き起こすと主張されているにもかかわらず、こうした主張の科学的根拠は欠落している。ウイルス学における最大の失敗の一つは、“ウイルス性”疾患にかかっているとされる生物の組織から直接ウイルス粒子を採取できないことである。この現状をぼやかすために、ウイルス学者たちは従来の科学的方法に取って代わる独自の疑似科学的方法を作り出し、さらに自分たちの反科学的なやり方を支持するために言葉の辞書的意味まで変えるという手段に及んできた。例えば、“分離された”分離株は、“分離”という条件を満たすために、その粒子の物理的存在を必要としないのだ。

ウイルス粒子は、ヒトなどの宿主に病気を引き起す能力を持った、複製可能な細胞内の寄生体であるということを含めて、定義された通りの物理的特性と生物学的特性を満たさなければならない。しかし、SARS-CoV-2のような“ウイルス”は実体のない構成概念に過ぎず、空想とコンピューター・シミュレーションの中にのみ存在するものだ。このパラダイムにおいて、新型コロナウイルス感染症のように創作された病気の実情は“ウイルス性”と称して選ばれた遺伝子配列とタンパク質の検出にすぎない。この循環論法のループにはウイルスの存在が必要ないため、“パンデミック”全体がデジタル上の創造物に基づいて構築することができ、インビトロ（“試験管内”）での分子反応を用いて不当に持続させることができるのである。

この論文は、3部構成になっている。第1部では、いくつかのウイルス学の歴史と、科学的方法に則ることを怠ったウイルス学者たちについてのあらましを述べる。ウイルス学者たちの広範囲に渡る数多くの主張は、次のような理由ですべて欠陥があることが判明している。(a) 直接的なエビデンスがない (b) コントロールが機能していない実験の性質上、間接的な“エビデンス”が無効である。実例として挙げたのは、分離という主張、細胞変性効果、ゲノミクス、抗体、動物の病原性研究など、ウイルス学的な不正行為の主要な側面をすべて取り上げている。

第2部では、新型コロナウイルス感染症の“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考察する。最初の考案者であるファン・ウーらが拠り所とした方法論を分析することで、反科学的な方法と言語的に巧妙なごまかしを通じて、架空の SARS-CoV-2 がどのように“創作”されたのかを明らかにする。これは今現在も続いている偽装行為の一部であり、それまでの“ウイルス”の鑄型に当てはめてウイルスの存在を主張するというものである。SARS-CoV-2 を例にすると、1980年代まで遡る“コロナウイルス”ゲノムの鑄型の歴史から明らかになっていることは、これら遺伝子配列はどれ一つとしてウイルス粒子の内部に由来するものだと証明されたことがないということだ——系統樹は、幻想なのである。ポリメラーゼ連鎖反応の悪用が、こうしたウイルス学の不正行為を拡大させ、パンデミックかのような錯覚を維持するための“症例”を作り出したのだ。

第3部では、主な関係者、“健康”保健機関、大手メディアが、情報統制と共にウイルス学の主張をオウムのように繰り返す話術を通して、いかにウイルスの幻想を維持しているかについて分析する。奇しくも、今や新型コロナ詐欺の最前線かつ中心部に、ウイルス学的な詐欺そのものが見取れる。しかしながら、ここから先はウイルス学の外にいる人々によって批判的に評価され、ウイルス学を軸として築き上げられた疑似科学的パラダイムがついに解体され、葬り去られることになる。

**この論文の目的**は、病原性ウイルスが存在し病気を引き起こすという、さまざまな主張に対して反証を提示することである。主な例として SARS-CoV-2 を取り上げたが、この原則は主張されているすべてのウイルスに当てはまる。これから取り上げていくものは、難解になりがちなウイルス学独自の流儀に則る文献であり、言うなればそれがこの論文をやや難易度の高い読み物にしている部分があるかもしれない。しかし、詐欺的な医療行為やパンデミックと称するものの根底を暴こうとする過程で、本稿がウイルスの仮説についてより専門的な理解を追い求める読者のニーズに応えることができれば幸いである。人類に向けたウイルス学の脅威が高まっている今だからこそ、私たちはこうした破壊的かつ疑似科学的な慣習に別れを告げて、不要な恐怖から解放される時に来ているのだ。

# 第1部

## 見つからない SARS-COV-2

病原性ウイルス説が問題であることの確たる証拠は、いかなる病人・動物のどんな組織や体液からも、ウイルスの定義を満たす粒子が直接分離・精製されたことを記す科学論文が発表されたことが、これまで一度もないということでしょう。あるものを他のすべてから分離するという通常認められている“分離”の定義からすれば、ウイルス学の歴史上、このようなことが行われたことは一度もないというのが一般的な見解なのです。

— Dr. トーマス・コーワン ほか 2022年「ウイルス論争に終止符を打つ」提言書<sup>(1)</sup>

2022年9月11日現在、クリスティーン・マッシーが行った情報公開請求による大規模な調査の結果、35カ国以上の209におよぶ主要な保健・科学機関のうち、SARS-CoV-2ウイルスとされるものの直接的な根拠を提供できた機関はひとつもなかった<sup>(2)</sup>。各機関に対しては、「ヒトに病気を引き起こしたとされる‘SARSCoV-2’を、病気の人から直接精製したこと(マセレーション、ろ過、超遠心機を用いたもので、ある界限では度々‘分離’であると見なされているもの)」を実証している文書の提示が求められた。多くのケースが、そのようなエビデンスは存在しないと認めた後、ニュージーランド保健省のような機関であれば「研究所内ではウイルスが分離・培養された例がいくつかある」とほのめかす<sup>(3)</sup>。しかし、参考事例はいずれも組織培養を使った代替実験で、‘分離’という言葉が本来の意味から切り離されており、画像化したものであれ推測したものであれ、いかなる粒子にも病気を引き起こすウイルスの性質があることは立証されていない。いずれにしても、ウイルスだと主張されていた粒子がヒトの被験者から一切見つからないという情報公開請求で明らかになった幅広い問題から意識をそらすものだ。ウイルス学は、これらの証拠の欠如について言い訳をしてきたが、この見苦しい不備を考慮に入れたとしても、様々な方法論が外部の人々によって次第に精査されるにつれて、もはや隠しようがなくなっている。本稿では、病原性ウイルスが存在するという幻想を維持するために利用されてきたウイルス学の反科学的な側面の数々について概説する。事態はますます危険性を増しており、2020年初頭以来、新型コロナウイルス感染症“パンデミック”は、人類を屈服させるトロイの木馬として利用されている。

---

<sup>(1)</sup> Thomas Cowan ほか, “ウイルス論争に終止符を打つ”提言書, 2022年7月14日:  
<https://drsambailey.com/resources/settling-the-virus-debate/>

<sup>(2)</sup> Christine Massey, 「世界209の保健・科学機関のすべてが、これまでどこの誰が行ったものであれ‘SARS-COV-2’精製の記録を一件たりとも挙げるができなかった」:  
<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/> (2022年9月11日アクセス)

<sup>(3)</sup> ニュージーランド保健省, 「公的情報法での回答に示した参考文献: H202102878」:  
[https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3tiei\\_g67zTUfok92kuqqS](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’アコライト

密度勾配遠心分離法は、ウイルスの存在を証明するために科学的に求められるスタンダードな技術である。この方法は、微生物学におけるすべてのマニュアルに「ウイルスの分離法」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実験に用いられることはない。— Dr.ステファン・ランカ 2015年<sup>(4)</sup>

ウイルス学の方法論を擁護しようとしているのは、当然ながらその推進者たちであり、ニュージーランド政府や国営メディアのお気に入りの微生物学者であるスージー・ワイルズもその一人である<sup>(5)</sup>。彼女の勤め先であるオークランド大学も「Covid-19 ウイルス<sup>(6)</sup>の精製に関連するいかなる研究も行っていない」ということを現在認めている機関のひとつであり、したがって SARS-CoV-2 と名付けられたウイルスと呼ばれるものは、いかなる被験者からも発見されておらず、また分離もされていない。この准教授は2020年3月に「世界中が火の海だ」と国に進言し<sup>(7)</sup>、2021年には「世界中の何百万人もの人々がパンデミックの恐怖と複雑さを乗り越えるのを助け [中略] また私たちの安全を守る手助けをした」として、ニュージーランド・オブ・ザ・イヤーに選ばれた<sup>(8)</sup>。ワイルズは、2020年11月の記事「コッホの原則、コロナとウサギの巣穴の偽情報」の中で、「新型コロナウイルス感染症の原因である SARS-CoV-2 ウイルスの存在の証拠を求めている人々は、そのウイルスが存在する証拠を得るのを拒むために、特有の言い回しで要求しているのだ」と主張している<sup>(9)</sup>。彼女の記事では、コッホの原則はウイルスには当てはまらないとして話を素早く脱線させ、この状況ではそれゆえ無効なのだと宣言した。なぜ彼女が、ウイルスを明確に想定して作られた

---

<sup>(4)</sup> Stefan Lanka, “ウイルスの誤解”, *WISSEnSCHAFFTPLUS* マガジン, 2015年6月:  
[https://www.researchgate.net/publication/316280466\\_Virology\\_State\\_of\\_the\\_Art](https://www.researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art)

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

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

<sup>(7)</sup> 「微生物学者 Siouxsie Wiles がコロナウイルス予防についてアドバイス」, *INews*, 2020年3月16日:  
<https://www.fluoridfreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/>

<sup>(8)</sup> Nikki Preston, 「情熱的な微生物学者である Siouxsie Wiles がニュージーランド・オブ・ザ・イヤーに選出」, *NZ Herald*, 2021年4月1日: <https://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year/LBFWVC3T5BBZNX7J7GDOKXKQY/> 「Dr Siouxsie Wiles のニュージーランド・メリット勲章」, ニュージーランド・オブ・ザ・イヤーを授与 (日付なし, 2021年5月22日アクセス), 2: <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/> 授賞の理由は以下の通り: 「Siouxsie は、彼女の持つ権威・容姿・ジェンダーなどにおいて多大な批判に直面しながらも、共感力と革新性と勇気を持って現代における最大の難題のひとつに対応し続けており、さらに彼女の活動は何百万人という人々の目に触れ、政府や各種団体が公式のパンデミックコミュニケーションの一環として活用するまでになった」

<sup>(9)</sup> Siouxsie Wiles, 「コッホの原則、コロナとウサギの巣穴の偽情報」, 2020年11月16日:  
<https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>



リバースの原則<sup>(10)</sup>に言及しなかったのかは不明だが、おそらくこれらの原則も一度も満たされたことがないと彼女が認めなければならなくなるからだろう。また、コッホの原則は、ヒトの被験者やその体内からウイルス粒子が見つかるかどうかを論点にしたものではなく、病気の原因と伝染の立証に関するものであるわけだから、ウイルス学者が20世紀の大半を費やして病気の人間から直接ウイルスを特定しようとしたが何の成果もなかったということを、彼女は分かりやすく説明すればよかつたはずである。ワイルズはその後、ファルコウの分子的原則<sup>(11)</sup>を自身の論調に虚偽的に持ち込んできたが、SARS-CoV-2がヒトやその他どこかで物理的に存在することを立証するために、それらがどう用いられるのかについては何の説明もしなかった。

ワイルズにとって不都合なことに、世界保健機関（WHO）は2003年、SARS-CoV-1に関して次のように表明していた。「原因物質の最終的な同定においては、いわゆる‘コッホの原則’のすべての基準を満たさなければならない。これらの基準を満たすために必要な追加実験は、現在オランダの研究所で進行中となっている」<sup>(12)</sup>と。WHOの記事は、2021年に説明もなくウェブサイトから削除されたが、現在でもインターネット・アーカイブから閲覧することができる<sup>(13)</sup>。2003年にあった「SARS-CoV-1でコッホの原則が満たされた」というフーシェらによる非現実的な主張は、すでに別の媒体で反証済みである<sup>(14)</sup>。彼らが行ったサルの実験は、コントロールの欠如や不自然な暴露経路のために無効であっただけでなく、すべてのウイルス学の研究発表と同様に、ウイルスの定義を満たす粒子を立証することができなかつた。ワイルズはまた、SARS-CoV-2を発見したと主張する最初のチームのひとつであった、ナ・ズーらとも意見が食い違っているようであった。彼らは、次のように認めていたからだ。「我々の研究はコッホの原則を満たしてはいないが、我々の分析結果は武漢での集団発生に2019-nCoV [後の‘SARS-CoV-2’]が関与しているエビデンスを提供するもの

---

<sup>(10)</sup> Thomas Rivers, “Viruses and Koch’s Postulates(ウイルスとコッホの原則)”, *Journal of Bacteriology*, 33/1, 1937年.

<sup>(11)</sup> ファルコウの分子的原則 “(1)調査対象となる表現型や性質は、病因となる属のメンバーや病因となる種の菌株に関連しているはずである。(2)疑われる病原性形質に関連する遺伝子の特異的な不活性化は、病原性または病毒性における測定可能な損失をもたらすはずである。(3)変異遺伝子の復帰変異または対立遺伝子の置換は、病原性の復帰につながるはずである。”-スタンリー・ファルコウ, 「微生物病原性に適用される分子のコッホの原則」, *Reviews of Infectious Diseases*, 1988年7-8月号：  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

<sup>(12)</sup> WHO, 「重症急性呼吸器症候群（SARS）-複数国で発生-最新情報12」, 2003年3月27日.

<sup>(13)</sup> [https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003\\_03\\_27b/en/](https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/)

<sup>(14)</sup> Torsten Engelbrecht ほか『ウイルス・マニア 第3版（英語版）』オンデマンドブック, 2021年. 2: Samantha Bailey, 「SARS-1で何がいったのか?」, 2021年1月27日：<https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/>

となっている。さらなる根拠として、武漢の集団発生における 2019-nCoV の病因学的意義を裏付けるものに [中略]、病原性のエビデンスを提供する動物実験(サル)がある」<sup>(15)</sup> と。

——しかしながら、さまざまなウイルス学者がコッホの原則の妥当性を認めようが認めまいが、それらもまた単なる一つのはぐらかしに過ぎない。コンピューター・シミュレーションのような手段や、生物学的機能が解明されていない小胞を画像化することや、生物由来の未精製の液体を動物に投与して“ウイルス”が含まれていると主張する手段を通じてその存在を断定するのではなく、**前提条件として物理的に微生物を分離することが求められている**のだから。

ワイルズはまた、ウイルス学が‘分離’という言葉が露骨に誤用していることを擁護することにし、このように述べた。「問われている問題に関する定義ではなく、日常的な意味で分離という言葉を使うことについてはどうでしょう？まあ、それこそとんでもなくバカバカしいことで、これらのエビデンスの開示請求が誠実に行われていないという明らかな兆候です」<sup>(16)</sup> と。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改変され、決定的な証拠を得られたかのように解釈されている事実を他者に指摘されたことが、彼女は受け入れ難いようであった。しかしながら、もしウイルス学者らの言う分離という意味が、多くの人々が考えている意味と違うのならば、ほとんどの一般大衆が誤った情報を与えられていることになる。この点からすると、ワイルズは、故意に盲目的に振る舞っていようが何であろうが、偽情報の流布に積極的に加担していることになる。ワイルズは専門家としての手腕を発揮し、ウイルス学における分離の定義に関して、特にウイルスと推定される存在を立証することに関して、一般大衆に説明する必要がある。おそらく彼女は、記事にこう書いた際に説明したつもりになっているのだろう。「ウイルス学者がサンプルからウイルスを分離したい場合は、サンプルあるいはその一部を採取し、それをある細胞（通常は実験室で比較的容易に培養できるもの）に加え、そしてその後、細胞が死滅するかどうか、あるいは細胞を培養している液体培地の容器内に遊離してくるウイルス粒子があるかどうかを確認します」<sup>(17)</sup> と。ワイルズの話では、これらのどこで“ウイルス分離株”が確定するのか？という点からはっきりしない。つまり、(a) サンプルを採取することなのか、(b) 培養器の中で細胞が死滅するのを確認することなのか、(c) “ウイルス粒子”だと主張されるものが組織培養の中に遊離することなのか、(d) これらの要素のすべて、またはいくつかの組み合わせなのか。

---

<sup>(15)</sup> Na Zhu ほか、“中国の肺炎患者からの新型コロナウイルス, 2019年”, *The New England Journal of Medicine*, 382(2020年2月20日, 最初の発表は2020年1月24日, 更新は2020年1月29日), 728 : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

<sup>(16)</sup> Siouxsie Wiles, 「コッホの原則、コロナとウサギの巣穴の偽情報」, 2020年11月16日 : <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

<sup>(17)</sup> 同上。



しかしながら、彼女が説明したことは、どれもウイルスの存在を必要としないものである——自覚しているかどうかにかかわらず、それは偽りのゲームなのだ。単に、サンプル中にウイルスがあるのだと断言し、試験管内で実験的にストレスを与えた細胞の崩壊をイメージ上のウイルスのせいにし、そして小胞のいくつか(生物学的な組成や機能は解明されていないもの)をウイルスだと宣言しているのである。このやり方には、さらに致命的な欠陥がある。この論文で詳しく述べるように、この方法論を用いて SARS-CoV-2 の存在が証明されたとする主張には、有効な対照が一切設けられていないため、すべて科学的に無効となる。

これは、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の重要な情報発信者の一人として、どのような役割を果たしてきたかを示す典型的な例であり、コミナティ™筋注と呼ばれる極めて危険な注射剤の導入計画もその一つである。非特異的な組織培養実験でウイルスの存在が確認されたと主張しているが、そのようなことは何も立証されていない。これは SARS-CoV-2 に限った問題ではなく、存在を主張しているすべてのウイルスが同様の疑似科学に依存している。ウイルス学の歴史から明らかになっているのは、結局このような実験のために選ばれる細胞の種類というのは、ワイルズが記事で主張したような「実験室で比較的容易に培養できるもの」ではなく、ウイルスが‘細胞変性効果 (CPE)’を誘発したと主張できる崩壊しやすいものであったということだ。例えば、Vero-E6 というサル細胞<sup>(18)</sup>は、数多くのウイルスを宿主にする“適性”ゆえとの建前で、ウイルス学者に長い間愛用されてきたが、しかし一方では疑わしいことに、この異数性<sup>(19)</sup>の腎由来の細胞株は、培養液に加えられるごく一般的な腎毒性のある抗生物質や抗真菌薬などの添加剤の毒性による損傷の影響をより受けやすいものなのである。ある研究グループが SARS-CoV-2 の培養を試みた結果、ヒト腺癌細胞 (A549)、ヒト肝臓細胞 (HUH7.0)、ヒト胎児腎細胞 (HEK-293T)、オオコウモリ腎細胞株 (EFK3B) では望ましい結果は得られなかったが、一方で Vero-E6 細胞では細胞変性効果が観察されたことから、“ウイルス分離株”が得られたと宣言したのだ<sup>(20)</sup>。典型的な例ではあるが、彼らにとっては、ヒト呼吸器系ウイルスと称されるものが、適切な種どころか、適切な細胞型で“感染”することも証明できない、という皮肉さえ感じられないようである。そして、彼らの実験は、またしても適切な対照培養がなかったために、無効となった。

---

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

<sup>(19)</sup> 異数性とは、細胞内に異常な数の染色体が存在することを意味する。

<sup>(20)</sup> Jennifer Harcourt ほか, “米国のコロナウイルス感染症患者からの重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2”, *Emerging Infectious Diseases*, 2020 年 6 月: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article)

## 分離が重要な理由

言語を制する者は、大衆を制す。— ソウル・アリンスキー<sup>(21)</sup>

ウイルス学にとってさらに恥すべきことは、精製に成功したと主張されているウイルス粒子が、それ自体では複製能力を持つことや病気を引き起こすことが証明されていないことである。言い換えれば、物理的に分離されたものは、細胞外小胞 (EV) としか言いようがない。2020年5月、医学雑誌 *Viruses* に掲載された文献の主張には「EV とウイルスはその寸法が似ているため、よく一緒にペレット化されることから、現在、分画超遠心法のような標準的な小胞の分離方法では、EV とウイルスを分離することはほぼ不可能である<sup>(22)</sup>」とあった。‘現在’というのは過去との対比のことであり、このような技術的变化が、生物学的法則とどのように合致するのかわからない。ウイルス学者たちは、自分たちの定説が反証されてしまうのを避けるために、自らの手法から距離を置いているように見える。分画超遠心法でウイルスと他の小胞を分離できないのも、サンプル中にウイルスが存在するという主張に根拠がないからだと受け入れざるを得なくなるからかもしれない。

ウイルス学者たちは、この分野で成果を出すことができなかつたため、明らかに分離という基本的な問題から目をそらしている。この問題に対して、誠実かつ科学的に取り組むのではなく、言葉を曖昧にしているのだ。2017年、パース・グループは彼らの代表作「HIV、他に類を見ないウイルス」の中で、こう指摘している。「ウイルス学において、精製は日常的な意味合いを保っているが、‘分離’に関してはウイルス学者が特定のウイルスが存在する証拠だと主張する際のデータにあてがわれる便宜上の用語となっている<sup>(23)</sup>」と。言い換えれば、それは便利で実利的ではあるが、人類に対して行われた主張とそれに基づく行為に関しては、不適切で非道徳的なものであると見なされるべきである。同論文の中で、パース・グループは、ウイルス学者が科学用語を自分たちの目的に合うよう改変している例を、次のように記述している。

ウイルスの分離について、HIV の専門家であるジェイ・レヴィは、「特定された発生源からのウイルスのサンプル」として定義しており、ホワイトとフェナーは「まったく予測不可能な

---

<sup>(21)</sup> “*Rules for Radicals*”, Random House 出版, 1971 年.

<sup>(22)</sup> Flavia Giannesi ほか, “HIV、HCV、SARS ウイルスの複合体としての細胞外小胞の役割”, *Viruses*, 2020 年 5 月 22 日号 : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/>

<sup>(23)</sup> パース・グループ, “HIV、他に類を見ないウイルス”, 2017 年 7 月 12 日 : <https://www.thepertgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

ウイルスを同定する技能、あるいは完全に新しい因子を発見する技能」と定義している。モンタニエとワイスであれば、「培養細胞内でそれら [ウイルス] を増殖させること」と定義している。2013年版の『Fields Virology 第6版』では、分離を次のように定義している。「排泄物や分泌物、血液、組織を採取し、同一宿主において元の症状が誘発されるかどうか、あるいは代替宿主や細胞培養において何らかの異常な病変が誘発されるかどうかを検査することで、感染した宿主からウイルスを分離することができる。[中略] いったんウイルスの存在が確立されてしまえば、遺伝学的に純粋なクローンを調製することが望ましい場合が多い」と。ウイルスを分離することが“特定された発生源からウイルスのサンプルを採取すること”、もしくは“培養中の細胞でそれらを増殖させること”であるならば、まずは“特定された発生源”や“培養中の細胞”にウイルスが存在しているという証明が必要なことは言うまでもない。ウイルスを分離することは、“何らかの異常な病態を誘発すること”でもなければ、“いったんウイルスの存在を確立してしまうこと”でもない。<sup>(24)</sup>

このような状況があること自体がふざけた話であり、この大幅に誤った慣行が、ウイルス学の分離の主張の数々には根拠がないことを表している。しかし、ウイルス学者たちは、自分たちが英語という言語を容赦なく悪用していることについて何か説明しているのだろうか？ 2021年、ベテランのウイルス学者であるヴィンセント・ラカニエロ教授は、‘分離’といった基本的な用語の定義に関してさえも、次のように説明している。「何が行われるかと言うと、ある人の研究室で訓練を受け、その人たちの言うことを聞き、それらの意味するところを連想するというのが、まさに行われることで、それらが正しいかどうかは分からないことだ」<sup>(25)</sup>と。ラカニエロは、このプレゼンテーションの中で、科学用語であるべきはずの彼自身の定義に問題があることに気づいていない様子でこう続けた。「分離株とは、感染した宿主から分離したウイルスを培養によって増殖させたものだ」と。皮肉なことに、ラカニエロは2015年の記事で、適切な科学用語と‘トランスフェクション’<sup>(26)</sup>という単語について、次のように述べている。「もし、英語というものを、絶えず進化しながら単語に新たな意味を与えるダイナミックなコミュニケーション・ツールだと考えるのならば、このトランスフェクションの不正確な使い方もおそらく気にはならないだろう。しかし、科学者ならば言葉の使い方を正確にしなければならず、そうでなければコミュニケーション能力に支障をきたしてしまうのだ」<sup>(27)</sup>と。ウイルス分離に関するラカニエロのプレゼンテーションの分析と、

---

<sup>(24)</sup> パース・グループ, “HIV、他に類を見ないウイルス”, 2017年7月12日 : <https://www.thepertgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

<sup>(25)</sup> Vincent Racaniello, 「ウイルス分離株、変異株、菌株 - これらは何だろうか?」, Vincent Racaniello, 2021年3月2日 : <https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s>

<sup>(26)</sup> 「トランスフェクションとは、様々な化学的または物理的方法を用いて真核細胞に核酸を導入するプロセスである」, *Comprehensive Biotechnology* 第2版より, Elsevier 出版, 2011年.

<sup>(27)</sup> Vincent Racaniello, 「トランスフェクションの意味とは?」, *Virology blog*, 2015年2月12日 : <https://virology.ws/2015/02/12/what-does-transfection-mean/>

科学における言語の誤用については、以前に Dr. サマンサ・ベイリーが「ウイルス分離の真実」で取り上げている<sup>(28)</sup>。これは、多世代のウイルス学者たちが、その洞察力の程度に違いはあるにせよ、意味論的な循環論法の世界に囚われているとみられる問題を物語っている。

ウイルス学は、ウイルスの仮説を考案したのだから、それらの存在を証明するために用いる方法が何であれ、その定義を満たさなければならない。問題の核心となるのはシンプルな概念であり、病気を引き起こすとされる粒子が、元の粒子のクローンにあたる新たな粒子を生み出すというエビデンスを確認する必要がある。ウイルス粒子だと推定されるものが、精製によって真に分離され、これらの重要な生物学的特性を持っていることが証明されない限り、検出されたタンパク質や核酸が特定のウイルス由来だと主張するのは不可能である。パース・グループが「HIV、他に類を見ないウイルス」の中で概説したように、以下のようないくつかの理由から、ウイルスの存在を証明するためには精製が必要不可欠である。

1. ウイルスは生きて細胞内でのみ複製する。そのため、細胞とウイルスは、同じ生化学的成分で構成されていることになるため、どの核酸とタンパク質がウイルス粒子にあたるのかを定義するためには、細胞物質から粒子を分離することが極めて重要である。
2. その粒子に感染性があることを証明するためである。言い換えれば、新しい粒子が生成される原因となっているのは、その粒子であって他の要因ではないということである。そのために両方の粒子一式を精製する必要がある。
3. それらの生物学的および病理学的な影響を実証するためである。
4. 抗体検査とゲノム検査に使用する抗原（タンパク質）と核酸を、それぞれ取得するためである。<sup>(29)</sup>

それほど頻繁ではないが、ウイルス学者は‘精製’の意味も同じく曖昧にすることがある。2022年5月23日、ベルギーのウイルス学者マーク・ヴァン・ランスト教授<sup>(30)</sup>は、SARS-CoV-2 に関して、「別の論文 (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>) では、βシクロデキストリンを用いた超遠心分離によって、ウイルスはさらに精製されている」と

---

<sup>(28)</sup> Samantha Bailey, 「ウイルス分離の真実」, 2021年4月14日 : <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/>

<sup>(29)</sup> パース・グループ, “HIV、他に類を見ないウイルス”, 2017年7月12日 : <https://www.thepertgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

<sup>(30)</sup> “Marc Van Ranst”, Wikispooks : [https://wikispooks.com/wiki/Marc\\_Van\\_Ranst](https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst)



主張した<sup>(31)</sup>。ヴァン・ランストは、SARS-CoV-1 ウイルスと称されるものに関する 2008 年の論文、「紫外線照射による不活化 SARS コロナウイルス粒子の大規模調製」の記述に言及していた<sup>(32)</sup>。しかし、この論文は単に、ウイルス粒子を精製するという主張の手順を概説しているだけであり、複製能力のある粒子の存在を証明した部分はどこにもない——提示されたものは、“感染した” Vero-E6 細胞を映したと称する低画質の画像だけであった（‘細胞変性効果’については次のセクションを参照）。遠心分離後の“精製されたウイルス粒子の確認”に関しては画像が提供されなかったが、「精製されたウイルス粒子の濃度は、BSA [牛血清アルブミン] を標準物質とする BCA [ビシンコニン酸] アッセイによって決定する」との主張がされた。BCA アッセイは、単に溶液中の総タンパク質濃度を測定するだけのものなので、これは根拠のない結論であった——この方法では、サンプル中に何らかの“ウイルス粒子”が存在するというエビデンスを提示することができないのだ。

以下の画像 1 は、精製した“コウモリ由来の SARS 様コロナウイルス”の粒子を映したと称するもので、2013 年の *Nature* 誌に発表されたものである。そのような発表がおかしなことである理由は、キャプションにて説明している。（粒子のサイズにおいて都合のよい変動があるのは、通常コロナウイルスの直径は突起を除き 80~120nm であるが、極端な場合には 60~220nm の間で変化があるからという理由らしい<sup>(33)</sup>）同じく、ヴァン・ランストが引用した論文にある「10%SDS-PAGE<sup>(34)</sup> でウイルス粒子の量を確認した方がよい」という主張も、単にこれはタンパク質を分子量によって分離するゲル電気泳動のプロセスであるため、誤りである——そのタンパク質がウイルスにあたるという根拠にはならないのだ。ヴァン・ランストはまた、「我々はすでに臨床検体からウイルス RNA を検出することができる。ウイルスゲノムの解読も完了している。細胞培養でウイルスを増殖させ、それを動物モデルに接種し、病気を誘発させることができる」と述べた<sup>(35)</sup>。こうした実験すべてに利用されているコントロールを欠いた方法論では、どの“ウイルス”においても必須となるエビデンスを提供していないことをヴァン・ランストが理解していたのかどうかは不明である。

---

<sup>(31)</sup> Marc Van Ranst からの電子メール、「SARS-CoV-2 の精製」より、2022 年 5 月 23 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

<sup>(32)</sup> 横田(恒次)恭子、「ワクチンの抗原としての紫外線照射による不活化 SARS コロナウイルス粒子の大規模調製」, *Methods in Molecular Biology*, 2008 年 1 月 1 日：[https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-59745-181-9\\_11](https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-59745-181-9_11)

<sup>(33)</sup> Malcom MacNaughton and Heather Davies, “コロナウイルス科”, *Animal Virus Structure* より, Elsevier 出版, 1987 年.

<sup>(34)</sup> ドデシル硫酸ナトリウム・ポリアクリルアミドゲル電気泳動

<sup>(35)</sup> Marc Van Ranst からの電子メール、「SARS-CoV-2 の精製」より、2022 年 5 月 23 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>



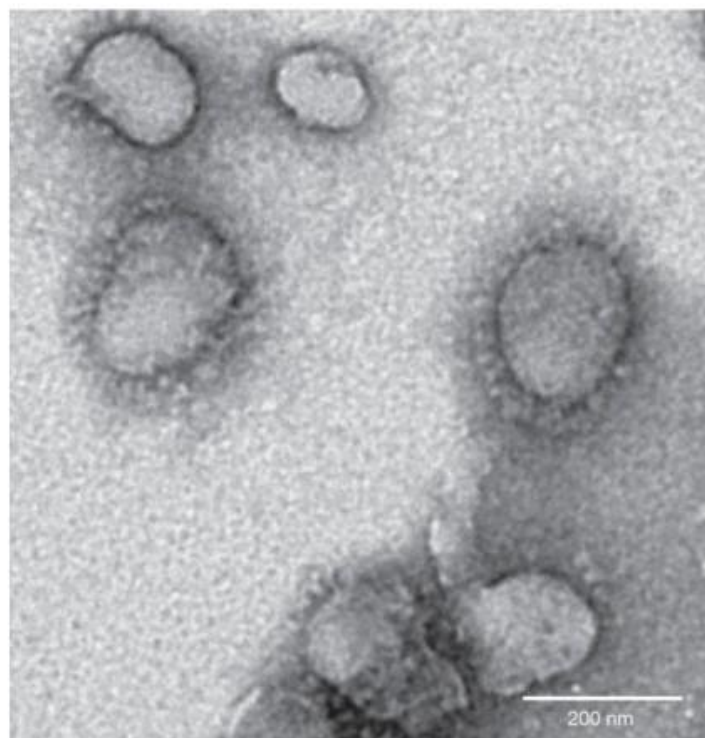


図 1. この画像には、「精製ウイルス粒子の電子顕微鏡写真」との記述があり、「Type90 ロータ（ベックマン社製）を使用し、20%のショ糖クッション（5ml）を用いて 80,000g 90 分間の超遠心分離」によって得られたものとのことである。これらの画像化された小胞の生物学的特性が解明されていないという事に加え、Vero-E6 細胞培養において何かが精製されたという形跡はなく、他に関連する画像も提供されていない。さらに、対照培養の顕微鏡写真も記録されていない。  
出典： Xing-i Ge ほか、「ACE2 受容体を用いたコウモリ由来の SARS 様コロナウイルスの分離と特性評価」 *Nature*, 2013 年 10 月 30 日：<https://www.nature.com/articles/nature12711>  
（ラルフ・バリックらが新しい“ウイルス”を作り出すために、これらを利用したという主張については 56 ページも参照のこと。）

そのため、ヴァン・ランストが「SARS-CoV-2 の存在を疑う科学者など誰もいない」<sup>(36)</sup> と主張したとき、ウイルス学者は人々を惑わす慣習を維持するために、もはや“科学者”の定義まで変える必要に迫られたのだろうか？と考えさせられる。

しかし、ウイルスの精製について主張しているウイルス学者は、ヴァン・ランストだけではない。ロベルト・コッホ研究所のマリカ・グロッセジェッセ博士<sup>(37)</sup>は、電子メールによる

---

<sup>(36)</sup> Marc Van Ranst からの電子メール、「SARS-CoV-2 の精製」より、2022 年 5 月 23 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

<sup>(37)</sup> <https://www.researchgate.net/profile/Marica-Grossegesse>

問い合わせに対して次のように答えている。「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、おっしゃる通り細胞培養由来のウイルスからだけです。患者の検体から SARS を精製する際の課題は、目に見えるバンドが得られないことです」<sup>(38)</sup> と。仮定上のウイルスに対して、症候群の名称（‘SARS’は重症急性呼吸器症候群のこと）を当てはめるという用語の不正確さは置いておくとしても、これらの主張がどのように立証されたのか、それ以上の根拠が提供されることはなかった。おそらくグロッセジェッセも、図 1 にあるような“精製”と“ウイルス”の定義を用いているのではないだろうか。いずれにしても彼女は、これらの実験がどのようにコントロールされたものなのかという、より詳しいことを追求されると、「私たちは、個人とプロトコルを共有することは一切許されていません。感染実験の詳細については、私たちの出版物をご参照いただくしかありません」と答えた。出版物には、追求していたコントロールに関する率直な答えになるようなものは開示されていないので、どうやら‘詳細’という言葉も違う意味を持つようになったようである。

分離の領域は、ウイルス学が完全に破綻している分野のひとつであり、本稿で概説する通り、依然として SARS-CoV-2 は起源が明らかでない遺伝子の断片から組み立てられた仮説上のコンピューター・モデルでしかない。物理的に分離された（すなわち精製された）粒子が、それと同じ粒子を生成する原因だと示された例はこれまで一度もなく、またヒトや実験動物モデルにおいて、病理学的影響の原因であると示された粒子も存在しない。したがって、WHO とその追従者に連なるヴァン・ランストのようなウイルス学者による‘SARS-CoV-2’ と名付けられた感染性粒子が病気の大流行を引き起こしているという宣言は、特許上の科学的詐欺・知的詐欺であることが明らかになっている。

## ウイルス学とは何か？

その鳥は、驚いた拍子に飛び立つと、小さな円を描きながら飛び回り、ついには小さくなった円の中で自分の背中を捕まえ、姿まで完全に消すというのが珍奇なところである。

—神話上の‘ウーズラム鳥’<sup>(39)</sup>

---

<sup>(38)</sup> ロベルト・コッホ研究所, Marica Grossegese からの電子メール, 「SARS-CoV-2/質問」より, 2022 年 4 月 1 日: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegese-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>(39)</sup> Bill Wannan, *Crooked Mick of the Speewah: And Other Tall Tales*, Lansdowne 出版, 1966 年.

ウイルス学を正確には何と呼ぶべきか難しいところだが、それは科学ではない。現在の専門家たちは、循環論法や確証バイアスに加え、アルゴリズムや統計上の推論の類に没頭しており、科学的方法の中核をなすべき反証にあたるプロセスが完全に欠けている。科学的方法が放棄されていることは、末端の関係者にとっては気づかないか偶発的なことであるのかもしれないが、世界的なヒエラルキーの上層部には、ほぼ間違いなく戦略的な動機がある。たとえば、WHO、疾病管理センター（CDC）、英国保健安全庁などは、この論文でも明らかにするように、すべてウイルス学の偽装行為の当事者である。しかしながら反科学的な行為は、ウイルス分離に関する主張であれ、臨床診断におけるポリメラーゼ連鎖反応（PCR）の大々的な誤用であれ<sup>(40)</sup>、あるいは本稿でも多くの焦点をあてるウイルス培養とゲノムの作成に関わる肝心なコントロールの詳細の不開示であれ、ほとんどの諸国で再現されている。

私たちが科学理論を検証するには、どのようなすればよいのだろうか？カール・ポパーは、理論や仮説における反証の重要性を、次のように表現している。

つまり、それを覆す可能性、すなわち反証可能性こそが、それを検証する可能性となり、理論の科学的性格を構成するのだと私は考える。そして、理論の検証はすべて、その理論の助けにより導き出される予測を反証しようとするものであるという事実が、科学的方法の鍵を握っているのだ。科学的方法に対するこの考え方は、科学の歴史によって裏付けられており、科学理論がしばしば実験によって覆され、また理論が覆されることでまさしく科学的なプロセスを実現する手段となることが明らかにされている。科学が循環的なものだという主張は、支持できない。<sup>(41)</sup>

よって、ウイルス学が科学的な探求だったのか？と問うことは、理にかなった質問である。科学的方法に関して、ウイルス学者たちは、病気であれ検査結果と称したものであれ、あらゆる観察結果を‘ウイルス’のせいのできるパラダイムを設定することで、反証不可能な仮説を作り出している。もはやウイルスの存在を立証する必要のない堂々巡りの推論の慣習の中、観察結果がウイルスの存在証明となってまかり通ってしまうのである。どのような再現性の主張でも、例えば PCR プロセスやウイルスゲノムと称するものであっても、同じ循環論のループの中のさらなる循環論に過ぎない。

---

<sup>(40)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021 年 11 月 11 日 : <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>(41)</sup> Karl Popper, *The Open Society and its Enemies* (開かれた社会とその敵) : Volume II *The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Aftermath* (第二巻, 予言の大潮-ヘーゲル,マルクスとその余波), ロンドン: Routledge & Kegan Paul 出版(1962 年, 初版 1947 年), 260.

歴史的に、ウイルス学は有効な対照実験の欠如を特徴としており、その基礎となっている主張は、いずれも科学的方法の適切な遂行によって確立されたものではない。最初に発見されたウイルスと主張されたものはタバコモザイクウイルスで、その証拠のひとつがドミトリー・イワノフスキーの1903年の論文「タバコ植物のモザイク病について」<sup>(42)</sup>に収められていると言われている。しかし、イワノフスキーが記述した実験には、比較できる有効な対照群がなく、したがって非科学的で不確定なものであることは明白である。彼はこうも述べている。「この病気が存在する好条件が揃うのは、沿岸地域だけである。こうした結論は、病害の発生における湿気の影響に関する前述の観察結果と完全に一致するものである。モザイク病は、湿度が高く温暖な気候に特有なものであるようだ」<sup>(43)</sup>と。にもかかわらず、当時は病気の因果関係の観念形態として、病原体説が主流になりつつあったため、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結論づけるのではなく、目に見えないウイルスを発見したと結論づけた。

初期の先駆者たちによるコントロールのない非科学的な方法論は、単にその時代の典型的なやり方だったと許容したくなることもあるかもしれない。しかし、病原体説を批判したクロード・ベルナルは、その数十年前の1865年に、科学的方法を遵守する際のコントロールの重要性について次のように考察している。「もし、ある現象にもたらされる変異や障害から、本当に実験を特徴づけるというならば、それは障害が正常な状態と必ず比較されることを意味する場合に限られる。実験とは、実際には単なる判断にすぎないため、必然的に2つのものを比較する必要があるのだ。そして、実験における意図的要素・能動的要素とは、まさしく心が意図して作り出す比較なのである」<sup>(44)</sup>と。ベルナルは、結果を引き起こしているのが実験上の新しい要素だけであることを確認するために、有効な対照、もしくは何らかの適切な比較を設ける必要性を説いていた。よって、私たちができる最も寛大な態度は、おそらく初期のウイルスハンターの中には、目に見えない敵を熱狂的かつ過度に追い求めるあまり、科学的方法の重要性を認識していなかった者がいたことを慮ることである。

次に、ウイルスの発見に関するまた別の初期の主張に話を進めると、『レトロウイルス』の教本には次のように書かれている。「1911年に、ニューヨークのロックフェラー研究所のペイトン・ラウスは、ニワトリの肉腫の無細胞感染を報告した。[中略]ラウスによって分離

---

<sup>(42)</sup> Dmitri Ivanovsky, "Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze(タバコ植物のモザイク病について)", *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten*, Vol.13, No.1, 1903, 1-41.

<sup>(43)</sup> 同上.

<sup>(44)</sup> Claude Bernard, *An Introduction to the Study of Experimental Medicine* (実験医学研究序説), 1865年, Henry Greene 訳, Schuman Inc., 1949年.



されたこのウイルスは、ラウス肉腫ウイルスという発見者の名前が付けられている<sup>(45)</sup>と。しかし、ラウスの論文である「家禽の肉腫」<sup>(46)</sup>を再調査してみると、彼はウイルスの定義に合致するものどころか、何かを分離したという主張も一切していないことがわかる。彼の方法論は、ニワトリの腫瘍組織をすりつぶし、それをろ過し、そしてそれらを他のニワトリに直接注射して、そのうちの何羽かにも腫瘍が発症することを観察するというものであった。彼の報告によると、“対照”実験の内容は、ろ過していない腫瘍組織をニワトリに注射するというもので、そちらは腫瘍がはるかに大きくなる傾向があったとのことである。ラウスは、通常の顕微鏡では見えない超ミクロの生物の存在が原因だと仮定したが、「別のタイプの要因がないわけではない」と認めていた。実際、この実験では感染力のある複製する粒子の根拠は何も得られなかった。それは単に、不自然で侵襲的な経路を通して別の動物に注入された患部組織が、類似の病気のプロセスをもたらす可能性を示しただけであった。

1925年、病理学者ウィリアム・ガイが、ラウスが発見したウイルスを立証したという主張も誤りである。彼は単に、これらの実験にはウイルスが作用しているのだと断言し、はっきりとこう述べただけである。「目に見えないウイルスを探索する上で、私はある側面を特に強調したいと思うが、それは接種材料中にその生物が存在することを証明する最終的な証拠となるのが、動物実験だということである」<sup>(47)</sup>と。ここで言う“最終的な証明”もまた、接種材料から感染性のある生物を実際に同定することとは関係がなかった——それは単に、病変組織の注入後に、腫瘍が形成されたことを実証しただけである。さらに1927年には、低濃度の亜ヒ酸と、異質な胚の髄質を注射することで、家禽の肉腫が誘発される可能性も特定された<sup>(48)</sup>。この発癌作用は、ラウスが行ったのと同程度の細菌ろ過によっても再現されており、疾病は宿主組織からではなく、異質な外来組織から生じていることが明らかになった。ウイルス説は葬り去られるべきだったが、それから半世紀を経ても体制側はこれを存続させ、そして1966年、ラウスは「腫瘍を誘発するウイルスの発見」によりノーベル賞を授与された。<sup>(49)</sup>

---

<sup>(45)</sup> Retroviruses (レトロウイルス), Cold Spring Harbor Laboratory Press (コールド・スプリング・ハーバー研究所出版局), ニューヨーク, 1997年.

<sup>(46)</sup> Peyton Rous, "A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells (腫瘍細胞から分離可能な物質によって伝染する家禽の肉腫)", *J Exp Med*, 2022年4月1日: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

<sup>(47)</sup> William Gye, "フィルターを通過するウイルスと癌に関する議論", *BMJ*, 1925年8月1日: <https://www.jstor.org/stable/25445900>

<sup>(48)</sup> A. W. M. White, "A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp", *The Journal of Cancer Research*, 1927年3月1日: <https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic>

<sup>(49)</sup> 「1966年のノーベル生理学・医学賞」: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/>



1954年、ジョン・エンダースとトーマス・ピーブルズがヒトとサルの腎臓細胞で麻疹ウイルスを増殖させたと主張したとき<sup>(50)</sup>、ウイルス学の非科学的実験をこれ以上許容すべきではなかった。エンダースとピーブルズは、細胞培養に咽頭洗浄液と血液を加え、試験管内で細胞が死滅して破壊される現象である細胞変性効果を観察することで、試験管内での現象は「麻疹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、「麻疹病原体の感染によって生じるものと見た目が似ている細胞変性効果は、サルの腎臓組織に存在する他のウイルス因子や、未知の要因によって引き起こされる可能性がある」と警告したものの、「この一群の因子は、麻疹の原因となる代表的なウイルスの種類で構成されている」<sup>(51)</sup>と不適切な結論を出した。エンダースとピーブルズは、試験管の中で細胞にストレスを与えて同じ細胞変性効果が生じるのかという、培養方法そのものが原因かどうかを確認する対照実験を行わなかった。そのため、彼らが出した結論の根拠は無効となる。理想を言うならば、次のようなくつかの対照実験を行うべきであった。例えば、ヒト由来の検体を加えないもの、健康な被験者からのヒト由来の検体を用いたもの、そして体調不良ではあるが臨床的には麻疹やその他の“ウイルス性”と称する疾患ではない被験者のヒト由来の検体を用いることである。

しかしながら、ウイルス学者たちは、エンダースのコントロールを欠いた方法論を繰り返し、このような細胞変性効果は、疑う余地のないウイルスの証拠であると今日に至るまで主張し続けている。Dr.ステファン・ランカは、このような非科学的な慣習の歴史を記録し<sup>(52)</sup>、2021年には、実験室のプロセスそのものによって細胞培養中に細胞変性効果が引き起こされることを実証した<sup>(53)</sup>。ランカの実験結果は、図2に示している。多くのウイルス学の出版物には、対照実験や‘mock感染’<sup>モック</sup>実験に言及してはいるが、そのような実験の詳細については述べられていないことが目立つ。イリノイ州ノースウェスタン大学のウェブサイトではmock感染の意味をこのように述べている。「感染実験に用いられる対照。2つの検体を使用され、1つは対象となっているウイルス、またはベクターに感染させたもので、もう一つはウイルスを含まないこと以外は、同じ方法で処理されたもの」<sup>(54)</sup>と。この定義には、すでに

---

<sup>(50)</sup> John Enders and William Peebles, “Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles (麻疹患者からの細胞変性病原体の組織培養における増殖)”, *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (1954年5月16日受理), 277-286.

<sup>(51)</sup> 同上.

<sup>(52)</sup> Stefan Lanka, “The Virus Misconception(ウイルスという誤信)”, *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 2020年1号, 4.

<sup>(53)</sup> Dean Braus, 「細胞変性効果の対照実験—2021年4月21日(英語版)」: <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

<sup>(54)</sup> イリノイ州ノースウェスタン大学の「mock感染」の定義: <https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html>

“ウイルス”や“感染”といった用語が導入されているので問題があり、実証する以前に存在するものとして見なされている。いずれにせよ、これから明らかにしていくように、ウイルス分離だと主張されるものや、ゲノム作成に関わっている人々は、mock 感染の試料を“ウイルス”を除いたものと同じ方法で扱っていないことは確実であり、この事実を認めるよう迫られると、不誠実な態度や露骨な妨害に出ることがある。

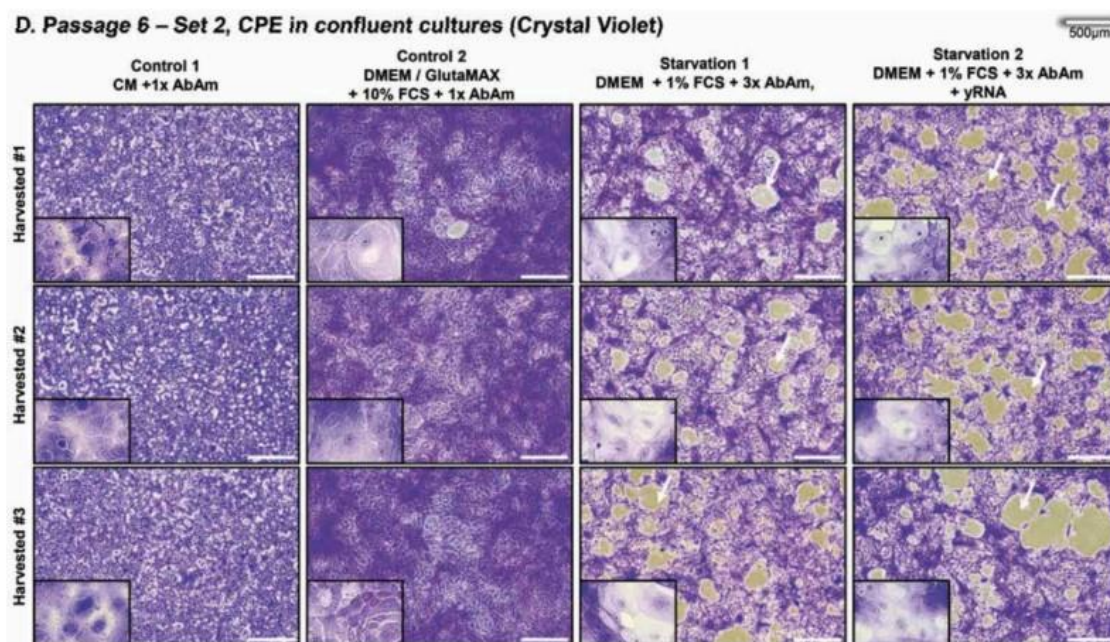


図 2. Dr.ステファン・ランカの実験：細胞変性効果（白い矢印で表示）は、継代培養と抗生物質によって上皮細胞にストレスを与えることで誘発された。酵母 RNA の添加（4 列目）によって、さらなる細胞変性効果が誘発された。“ウイルス”の添加はなく、実験は 3 重に行われた。

出典：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 Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2”, 2022 年 3 月 25 日：

<https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment>

2022 年 6 月、オタゴ大学は「新型コロナウイルス感染症パンデミックへの迅速対応の一環として、アオテアロア・ニュージーランドからの最初の SARS-CoV-2 分離株の特性評価」<sup>(55)</sup> という論文に関する公的情報法 (OIA) の要請に対して、次のような回答を述べている。

<sup>(55)</sup> Rhodri Harfoot ほか, “Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic(新型コロナウイルス感染症パンデミックへの迅速対応の一環として、アオテアロア・ニュージーランドからの最初の SARS-CoV-2 分離株の特性評価)”, *Viruses*, 2022 年 2 月 10 日：<https://www.mdpi.com/1999-4915/14/2/366>

「キニョネス・マテウ教授と同僚らが発表したこの論文は、記述的な論文でした [中略] これが意味するのは、仮説を証明することも反証することもなかったということです」<sup>(56)</sup>と。端的に言えば、この回答は、おそらくウイルス学の広範囲に及ぶ状況を無意識のうちに要約していたのだろう。2008年、医学誌 *Infection and Immunity* では、「記述的科学」とのタイトルでゲスト解説を特集し、“記述的なりサーチだけで結論に達することはまずない”理由を説明し、それらは単にさらなる研究を方向づけるための出発点として役立つことがあるのだと解説した<sup>(57)</sup>。著者らは、次のように指摘している。「微生物学と免疫学は、今日において実験科学である。したがって研究者は、単に観察結果を記述するだけにとどまらず、仮説を立て、またそれを検証あるいは反証するための実験を行うことができるのだ」と。ウイルス学の体制側は、反証自体を避けていると見られ、この記事で述べられているような必須である実験を公表することもなければ実施することもない。確証バイアスに裏打ちされた日和見主義的な情報あさがりが続くよう意図的に制限されており、それゆえポパーが説いた仮説に基づく反証可能なアプローチとは矛盾しているため、科学的方法としては失格なのである。

筆者は以前、A・F・チャルマーズの著書『科学と呼ばれているのは何なのか?』にちなんで追記した記事の中で、ウイルス学における極めて重要な問題のひとつは、ウイルスが実際に存在するかどうかを立証する前に、その分野自体を創造してしまったことであると書いた。発足以来、常にそれを正当化しようとしてきたのである。

ここでは、最初にウイルス粒子が確認されることなく、ウイルス説と病理学が生まれたのだ。19世紀半ばから後半にかけての科学者たちは、イメージ上の伝染性病原体の存在を特定することに夢中になっていた。判断力の甘い帰納主義者の視点では、先にウイルスを同定するということなく、その性質や特性の研究に取り掛かってしまった。その当時あった前提というのは、伝染の説明になるような非常に小さな病原微生物の粒子が存在するというものであった。その前提条件を満たすものが、その後生まれたのである。<sup>(58)</sup>

---

<sup>(56)</sup> オタゴ大学 Kelsey Kennard 氏からの書簡、「論文,"Characterization of First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of Rapid Response to the COVID-19 Pandemic"に関する情報の公的情報の要請」, 2022年6月22日。

<sup>(57)</sup> Arturo Casadevall and Ferric Fang, "Descriptive Science (記述的科学)", *Infection and Immunity*, 2008年7月14日: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/iai.00743-08>

<sup>(58)</sup> Mark Bailey, 「ウイルス学者に引っかかっている危険信号...再び」(2022年7月25日): <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>



科学理論であるならば、科学的方法に則って繰り返し検証され、裏付けられた根拠が不可欠なのであり、“ウイルス”というものが理論の域にすら達していないことは明らかである<sup>(59)</sup>。科学によれば、それらは全くの憶測にすぎない。

## コントロールのないウイルス学は、科学的な探究ではない

SARS-CoV-2 粒子の分離と、ゲノム配列決定を主張しているニュージーランドの環境科学研究所 (ESR) も、同じく有効なコントロールを怠っているという不正が、公的情報法 (OIA) の要請により明らかになった<sup>(60)</sup>。エンダースの伝統を受け継ぎ、彼らはその目で見えた細胞変性効果や、コンピューター・シミュレーションでアセンブルしたゲノムが、比較できる有効な対照群でも同様に作り出せるかどうかを確認しようと立ち止まりもしなかった。ここでは、新型コロナウイルス感染症だと主張する病気に罹患していないと見なされる、健康な被験者と体調不良の被験者の両方から採取した、別のヒト由来検体を用いた実験を行う必要があったのだ。それをせずに、環境科学研究所は「フラスコは、ウイルスの培養に使用したフラスコと同じ条件下で使用するが、感染培地のみを使用する」という不適切な“ネガティブコントロール”の記述をしている。

こうした反科学的な取り組みにおいて中心的な指揮を執っているのが WHO である。彼らの 94 ページにも及ぶ「SARS-CoV-2 のゲノム配列決定」という文書の中には、“対照サンプル”についての記述がたったの 4 文しかないことが、これを大いに物語っている。

### 6.4.2 対照サンプル

複数のサンプルを扱う配列決定の実行においては、緩衝液や水などのネガティブコントロールのサンプルを常に含める必要がある。これらは可能な限り早い段階で含める必要があり、配列決定パイプラインの全段階においてサンプルと一緒に進めるべきである。これは、配列決定の実行中に研究室内で発生する汚染や、生物情報の処理中に起こる汚染を除外するために極めて重要である。

---

<sup>(59)</sup> Mark Bailey, 「ウイルス学者に引っかかっている危険信号...再び」, 2022 年 7 月 25 日 : <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

<sup>(60)</sup> Mark Bailey, 「ファクトチェック : ニュージーランドは “SARS-CoV-2 ウイルス” を発見できない」, 2022 年 2 月 12 日 : <https://drsambailey.com/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

既知の遺伝子配列を持つポジティブコントロールのサンプルは、コンセンサス配列の取得を行う上で、新たに選定・適用された生物情報のパイプラインを検証するのに役立つが、すべての配列決定の実行において含める必要はない。<sup>(61)</sup>

しかしながら、これらのコントロールはいずれも、パイプライン上での校正に役立つだけであって、ウイルス学者がこれらの技術を用いて作成する“ゲノム”を検証するのに十分なものではない。すでに明らかになっているように、WHO は有効なポジティブコントロール実験をひとつも挙げる事ができない中で、2020年2月11日、自分たちがでっち上げた新しい病気に対して、新型コロナウイルスが原因だとする主張とともに“COVID-19”と命名した<sup>(62)</sup>。彼らは、有効な対照実験を必要とせず、世界中の誰もが身の周りで SARS-CoV-2 を“見つける”ことができるゴーサインを出している。しかし、ウイルスの疑いのない類似した患者のサンプルを同じ方法で処理し、1つの変数のみを検証するという、比較できる対照群の必要性は明らかなのだ。ウイルスを含むとされるサンプルの結果を、上記 WHO の文書に記載されているネガティブコントロールのひとつと比較してみたところで、後者のサンプルには前者のサンプルに含まれている遺伝子液が入っていないため、プロセスを検証することなどできない。いずれにせよ、ニュージーランドの環境科学研究所が言及したネガティブコントロールの条件に従ったとしても、WHO が述べているように、それは単に汚染に対する予防的なチェックであるため、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検証にはなり得ないのである。

想定していたウイルスの培養にすべて失敗したことで、現代のウイルス学では今や未精製の試料を直接メタゲノミクス<sup>(63)</sup> にかけて、頻繁にショットガンシーケンス<sup>(64)</sup> を行い、その後これらの遺伝子断片を人工的にアSEMBルすることで、何も無いところから新しいインシリコ<sup>(65)</sup>

---

<sup>(61)</sup> 世界保健機関, 「SARS-CoV-2 のゲノム配列決定 - 公衆衛生への影響を最大化するための実施ガイド」, 2021年1月8日。

<sup>(62)</sup> 「2020年2月11日の2019-nCoVに関するメディアブリーフィングでのWHO事務局長の発言」, WHO, 2020年2月11日: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>

<sup>(63)</sup> 「メタゲノミクスは、バルクサンプル中のすべての生物（通常は微生物）から分離および分析されたヌクレオチド配列全体の構造と機能の研究。メタゲノミクスは、ヒトの皮膚や土壌、水サンプルに生息する微生物など特定の微生物群を研究するために用いられることが多い。」 - NIH 国立ヒトゲノム研究所, 「メタゲノミクス」: <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics> (2022年4月27日アクセス)。この論文で詳しく説明するように、こうして取得された配列で“ウイルスのもの”と宣言されたものはいずれも、ウイルス由来のものであることが一度も証明されたことがないため、ウイルス学者が使用するのは、不当な方法論である。

<sup>(64)</sup> ショットガンシーケンスは、サンプル中のDNAをランダムに短いセグメント（例えば150塩基対の長さ）に断片化する方法。これらの短い断片は、“リード”を取得するために配列決定される。この時点から、重複するリードを使って“コンティグ”を生成するシーケンスアセンブリソフトウェアにプロセスを依存することとなる。

<sup>(65)</sup> 「コンピューター内、またはコンピューター上で。コンピューターソフトウェア、またはシミュレーションを使用して行われるか、作成される」 <https://web.archive.org/web/20111020130554/https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico>



“ウイルス”を作り出すことが好まれている。この捏造は、あらかじめ設定した PCR のプライマー・パネル<sup>(66)</sup>を他のウイルスハンターらに提供することで、彼らも同じ配列を発見して同じウイルスであると主張できるようにするものである。環境科学研究所は、この方法論を通じて9人の被験者から SARS-CoV-2 を発見したと公表した出版物に参与している<sup>(67)</sup>。私の仲間が、環境科学研究所に対して“配列決定の結果を比較する際に使われた対照群のすべての詳細”を提供するよう求めたが、彼らはその問題に答える代わりに、“新しいデータの作成”には参与していないという言い訳をし、SARS-CoV-2 の配列決定プロトコルについてのリンクをいくつか提供した<sup>(68)</sup>。もし、環境科学研究所が [protocol.io](https://www.protocol.io) のサイトで詳しく説明されているようなプロトコルを使用していたのなら、不適切なコントロールを支持していたことになる。そこでの説明は、“[a]ヌクレアーゼフリー水のネガティブコントロール”としており、一方で任意で“合成された RNA の構築物や希釈可能な高力価の臨床検体などのポジティブコントロールも含めることができる”としている<sup>(69)</sup>。繰り返しになるが、このようなタイプのコントロールは、パイプライン上の校正テクニックとしての役割しかないのであって、それらが構築する“ゲノム”の検証や臨床的意義において役に立つものではない。

環境科学研究所は、豊富な資力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を自覚していないようだ。2022年7月19日、環境科学研究所は、公的情報法での要請に対して、次のように述べた。「環境科学研究所は、SARS-COV-2 ウイルスの存在を科学的に証明する実験を一切行っていないため、いかなる記録も提供することはできません」<sup>(70)</sup>と。2022年8月17日には、また別の要請に対しても「環境科学研究所は SARS-COV-2 ウイルスが新型コロナウイルス感染症の原因であること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できません」<sup>(71)</sup>と認めた。このような必須となる科学的実験でさえ、誰も行っていないのだ。

---

<sup>(66)</sup> SARS-CoV-2 の例：「xGen™ SARS-CoV-2 アンプリコンパネル」：<https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel>

<sup>(67)</sup> Nick Eichler ほか，“重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2 の国境検疫および航空旅行中の伝播、ニュージーランド（アオテアロア）”，*Emerg Infect Dis.*, 2021年5月：<https://doi.org/10.3201/eid2705.210514>

<sup>(68)</sup>（環境科学研究所からの文書，「公的情報法に関する要請：OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514」，2022年3月25日。）

<sup>(69)</sup> protocols.io, “nCoV-2019 配列決定プロトコル v3 (LoCost) V.3”：<https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bp216n26rgqe/v3?step=1> (2022年3月28日アクセス)。

<sup>(70)</sup>（環境科学研究所からの文書，「公的情報法に関する要請：FOIA: SARS-CoV-2 存在の証明」，2022年7月19日。）

<sup>(71)</sup> 環境科学研究所からの文書，「公的情報法に関する要請：FOIA: SARS-CoV-2 因果関係の証明」，2022年8月17日：<https://mega.nz/file>

## 動物実験と“抗体”研究

ウイルスの定義を満たしている病気を引き起こす粒子を、物理的に分離することが立証できないため、ウイルス学者たちはそのような病原性粒子が存在することを一般の素人に納得させるために動物実験に取り組んできた。これらの出版物の特徴は、有効なコントロールが欠けていることであり、ゆえに“ウイルス”を扱っている確証すらない前提であることにも、ウイルス学が反科学であるもう一つの側面が露呈している。わかりやすい例としては、クリスチャン・ドロステンとロン・フーチェらのチームが 2020 年 5 月に発表した論文、「非ヒト霊長類モデルにおける COVID-19、MERS、SARS の病態形成の比較」である<sup>(72)</sup>。*Science* 誌に掲載された内容の無意味さをまとめると、次のようになる。

1. 実験では、8 匹のカニクイザルを「麻酔下に置き、気管内(4.5ml)と鼻腔内(鼻孔ごとに 0.25ml)を併用した経路で SARS-CoV-2 を接種させた [後略]<sup>(73)</sup>」——これは自然な暴露経路ではない上に、4.5ml を小型のサル(3.5~5.0kg)の肺に流し込むことは、眠っている人間の肺に約 80ml (1/3カップ) の異質な生体物質を流し込むことに等しい。
2. 肺に注入された接種材料は、「ドイツの臨床例から得られた SARS-CoV-2 (分離株 BetaCoV/Munich/ BavPat1/2020)」から作製されたもので、「ウイルスは、Vero-E6 細胞を用いて、ペニシリン (10,000 IU/mL) とストレプトマイシン (10,000 IU/mL) を添加した Opti-MEM1 (1X) + GlutaMAX (Gibco) の中で、3 代まで継代培養にて増殖させた」——彼らも製品納入業者<sup>(74)</sup>も、サンプル中にウイルスが存在していることを証明していない状態で、ウイルス“分離株”があると主張している。この状況でただ言えることは、このサンプルにはヒト由来の臨床検体とサルの腎臓細胞からなる異質な生体物質が含まれており、そこに細胞を分解する製品と 2 種類の抗生物質が加えられているということだけである。
3. 「感染動物のいずれにおいても顕著な臨床症状は観察されなかったが、接種後 14 日目に 1 頭の老齢動物に漿液性の鼻汁が見られた。研究期間中、いずれの動物においても顕著

---

<sup>(72)</sup> Barry Rockx ほか, 「非ヒト霊長類モデルにおける COVID-19、MERS、SARS の病態形成の比較」, *Science*, 2020 年 5 月 29 日: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

<sup>(73)</sup> 同上の補足資料。

<sup>(74)</sup> European Virus Archive Global, 「Human 2019-nCoV 分離株」: <https://web.archive.org/web/20200313012923/https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate>

な体重減少は見られなかった」——つまり、SARS-CoV-2 ウイルスだと主張するものが直接肺に侵入したにもかかわらず、どのサルも目立った病気にはならなかったということである。

4. 「接種後 14 日目までに [中略]、ウイルス S1 ドメインとヌクレオカプシドタンパク質に対する SARSCoV-2 特異抗体が血清中に存在したことから明らかなように、残るすべての動物で抗体の陽転化が見られた」—— 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”と名付けられた他のタンパク質の検出（試験管内アッセイによるもの）を引き起こすかどうかにかかわらず、ウイルス由来であることが証明されていない。
5. 「ウイルス排出の指標として、鼻腔・咽頭・直腸スワブからのウイルスを、定量的逆転写ポリメラーゼ連鎖反応（RT-qPCR）で検査した [後略]」—— “ウイルス排出”があったのではなく、最近になってサル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。これら外来性の核酸配列は、当然その後数日のうちに、自然なクリアランス機構によってサルの体内から消失した。
6. 「SARS-CoV-2 RNA は、接種後 14 日目に 1 頭の動物の直腸スワブからのみ検出された。試験期間中、どの時点においても全血からウイルス RNA が検出されることはなかった」——ここでもまた、導入した遺伝物質は、それを導入した場所と同じところでしか見つからないことが示されている（直腸スワブが 1 本だけ陽性だったのは、偽陽性であったかもしれないし、導入された生物組織の一部をサルが飲み込んでいた可能性もあったかもしれない）。仮定上の“ウイルス”が、侵襲的な特徴を持つことを証明できた症例は、ひとつもなかった。
7. 異質な生物由来液の接種から 4 日後、4 頭のサルが殺され、検死解剖が行われた。その 4 頭のうち 2 頭は、肺にコンソリデーションを示す小さな病巣があったことが報告された。著者らは「若い動物も高齢の動物も、コンソリデーションがあった肺組織の主な組織学的病変は、肺泡と細気管支に関係しており、急性のものか、あるいはさらに進行した DAD [びまん性肺泡障害] からなる部分であった」と述べている。組織学的特徴は、‘SARS-CoV-2’の特徴だと断言された——この主張にはまったく根拠がない理由は、以下の図 3 をご参照いただきたい。
8. 「DAD 病巣内での SARS-CoV-2 抗原の発現は、I 型肺泡上皮細胞では中程度の数、II 型肺泡上皮細胞ではわずかに検出された」——これは、免疫組織化学(IHC)染色法を用いて

主張されたもので、“SARS コロナウイルス核タンパク質に対するウサギポリクローナル抗体 (米国ペンシルベニア州チェスターブルック, シノバイオロジカル社, 40143-T62)”を根拠としたものだった。彼らにとっては残念なことだが、この製品の提供元は、「IHC、FCM、IF、IP などのアプリケーションでは有効性が確認されていない(ウイルス陽性検体に相当するものでは抗体のアプリケーションは未検証)」<sup>(75)</sup>と述べている。いずれにせよこの例を使って、抗体がウイルスの“証拠”だとする誤った推論を明らかにすることができる。シノバイオロジカル社は、この抗体は同社の“SARS コロナウイルスヌクレオカプシドタンパク質(His タグ)”製品<sup>(76)</sup>をウサギに注射したことで得られた産物だと述べている。このヌクレオカプシドタンパク質は、“SARS コロナウイルス(分離株: Tor2)核タンパク質をコードする DNA 配列”から作り出されたものであった。“Tor2”配列はファン・ウーらが SARS-CoV-2 を捏造するために使用した、2つのコンピューター上の鑄型のうちの一方のコンピューター・モデルであったことは、30 ページのところでお分かりいただけるだろう。要約すると、さらなる循環論法を展開しているのである。このケースでは、ヌクレオカプシドタンパク質を含め、どのタンパク質もウイルス由来であることは証明されていない。それは単に、“ウイルス性”のタンパク質を動物に注入したと断言しているだけで、それに反応した動物が“抗体”と主張される別のタンパク質を産生したと断言しているだけである。しかしながら、ウイルスの存在は証明されておらず、またこのタイプの研究にとっては、ウイルスが存在する必要もないのである。(もう一つの例として、クイーンズランド大学で開発された新型コロナウイルス感染症のワクチン候補を注射した健康なボランティアの 100%に、“HIV 抗体”が生成されたことは、HIV 産業と抗体産業の両方を普及する人々にとって恥ずべき事実として際立っている。<sup>(77)</sup>)

しかし、この動物実験の最大の欠点は、コントロールが欠如しており、科学的方法に従っていなかったことである。つまり、比較可能なサルグループに対して、“ウイルス”と称するものを除いた状態で、同じ成分の生物由来液を同じ量だけ直接肺に流し込むという、肉体的暴行は行われていなかったのである。はっきりさせておくと、自然な曝露経路とは何ら関係

---

<sup>(75)</sup> 「SARS-CoV/SARS-CoV-2 ヌクレオカプシド抗体、ウサギ PAb、抗原アフィニティ精製」、シノバイオロジカル：  
<https://web.archive.org/web/20201126211805/https://www.sinobiological.com/antibodies/cov-nucleocapsid-40143-t62>

<sup>(76)</sup> 「SARS コロナウイルスヌクレオカプシドタンパク質 (His タグ)」, シノバイオロジカル：  
<https://web.archive.org/web/20220601171827/https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-cov-nucleocapsid-40143-v08b>

<sup>(77)</sup> Dr Sam Bailey, 「新型コロナウイルス感染症の注射、癌と HIV」, 2021 年 7 月 14 日：  
<https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/>



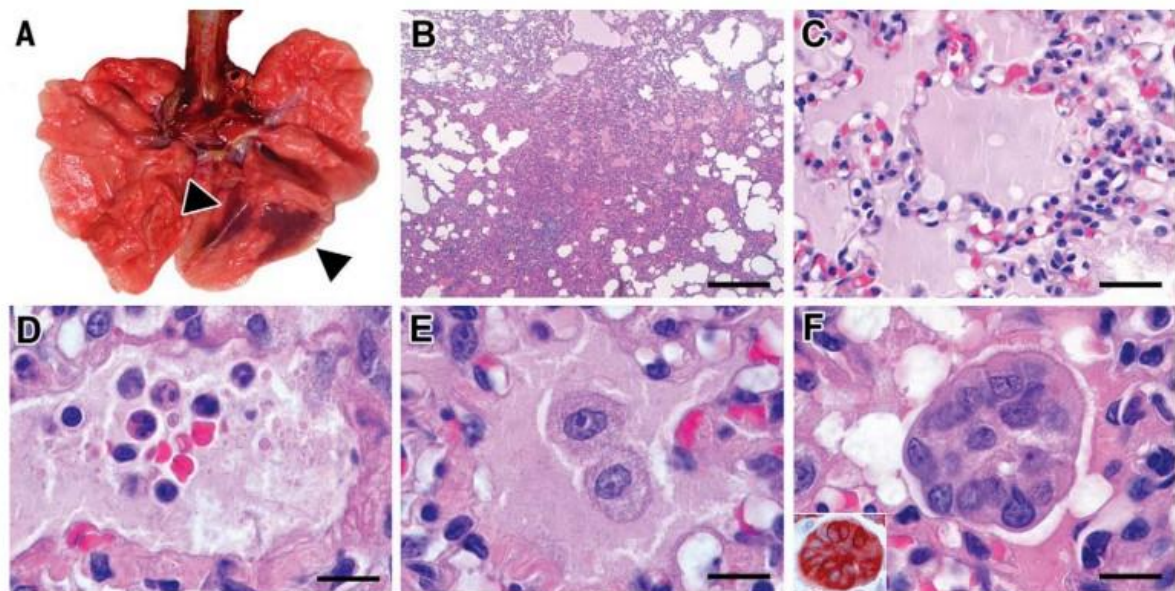


図3. 論文「非ヒト霊長類モデルにおける COVID-19、MERS、SARS の病態形成の比較」で発表された画像の一部であり、SARS-CoV-2 の“特徴的な病理学的変化”であると主張されているもの。(A)～(C)の肺の変化は、麻酔下に置いたサル气管に、外来性の異質な生体物質を含む液体を直接流し込んだことによる間質性肺炎と一致する。組織学的変化(D)～(F)は、単にこのようにして生じた間質性肺炎で起こると予想される、マクロファージや好中球のような炎症細胞を描いているに過ぎない。対照実験は一切行われなかった。

のない、このような残虐な方法をとる実験を、筆者は支持していない —— ここでは単に、適切にコントロールされた実験のコンセプトを指摘するために言っているのである。残念ながら、このような非科学的な方法論は、こうして審査を受けた動物実験すべてにおいて不幸にも繰り返されている。次のような実証を行ったものは、ひとつも存在していない。(a)ウイルスを含むと主張するサンプルを利用した自然な暴露方法、(b)有効な“mock 感染”（例えば、リン酸緩衝生理食塩水のみとする不誠実な方法がとられている）、(c)動物から動物への疾病の伝染。もちろんこれらは、検査をするとうたっている感染粒子の実際の存在を示す研究が皆無であるという、基本的な問題に加えてのことである。

さらに言えば、“ウイルス”がそんなに感染力があるのなら、単にエアロゾル化したサンプルを動物のケージに入れたら吸い込めるのではないだろうか。繰り返しになるが、このような実験を避けているのは、イメージ上の粒子に関する伝染の主張を巡って、ウイルス学者が自らを反証しないようにするためである。

## ウイルス量のパラドックス

ウイルス粒子は、ヒトのような宿主の体内では、それを含む細胞そのものを破裂させるほど大量に生成されるのだと私たちは信じ込まされているが、同時にウイルス学者によれば、ウイルス粒子はどんな患者の検体にも確認できないほど微量なものなのだという。SARS-CoV-2 と主張されている粒子に関しては、「新型コロナウイルス感染症患者のくしゃみ 1 回に 2 億個のウイルスが含まれている」<sup>(78)</sup> と計算されているようだ。しかし、被験者の鼻や肺から直接(物理的にもっと大量の)サンプルを採取してみると、まさに 1 個も見つからない。ウイルス学者たちは、この不都合な問題を覆い隠すために、見つからないウイルスを手品のように登場させるべく、組織培養によって間接的な“エビデンス”を提供する手段に訴え出てきた。「COVID-19 詐欺と人類への戦争」の中で概説したように、これはウイルス学の二重の不正行為のうち一方の部分、すなわち「病原体と称するものと疾病との因果関係を立証するために、健康な宿主または疾病を患っていない宿主の生体内に感染させるという前提に立った代替手段を、試験管内に典型的な異常細胞株を導入することによって細胞変性効果 (CPE) を誘発するという偽の代替手段に置き換えること」<sup>(79)</sup> である。完全な宿主だと主張される細胞に囲まれたヒトの呼吸器管では、確認できるほどのウイルスは産生されないというのに、異なる種や異なる細胞型の組織を用いた試験管実験では産生されるということ信じろというのか？

ウイルス学の定義によると、仮説上の粒子は受動的でいかなる老廃物も生成しないため、それらがどのようにヒトの宿主の健康を害するのかは謎である。ファイザー社は一般人に対して、「免疫系が活性化することで、これら体細胞の損傷に反応する」と示唆したが、この想像力に富んだ主張の科学的根拠については何一つ言及がない<sup>(80)</sup>。『メディカル微生物学—第 4 版』では、さらに踏み込んで次のように述べられている。

ウイルス感染による直接的な細胞損傷および細胞死は、次のようなものから生じる**可能性**がある。(1)細胞のエネルギー転換、(2)細胞の高分子合成の阻害、(3)細胞のリボソームに

---

<sup>(78)</sup> 「今日の数字：新型コロナウイルス感染症患者のくしゃみ 1 回には 2 億個のウイルスが含まれている」, *Новые известия*, 2020 年 5 月 22 日: <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>

<sup>(79)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021 年 11 月 11 日: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>(80)</sup> 「ウイルスはどのようにして私たちを病気にするのか?」, *Pfizer.com*: [https://www.pfizer.com/news/articles/how\\_do\\_viruses\\_make\\_us\\_sick](https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick) (2022 年 5 月 20 日アクセス).

対するウイルス mRNA の競合作用、(4)RNA ポリメラーゼのようなウイルスプロモーターと転写促進因子による細胞の転写因子への競合作用、およびインターフェロンの防御機構の抑制。間接的な細胞損傷としては、ウイルスゲノムの組み込み、宿主ゲノムにおける突然変異の誘発、炎症、宿主の免疫応答に起因している可能性がある<sup>(81)</sup>。[筆者はここを強調しておきたい]

基本的にウイルス学者たちは、ヒトのような生物に存在するとされる仮定上の粒子について、複数の仮説に基づいた発症メカニズムを提示している。ここでも、仮にこのような推測上のメカニズムが働いていたとしても、症状を引き起こすとなると膨大な数の細胞が影響を受ける必要があるのだ。しかし、膨大な数の細胞から天文学的な量のウイルス粒子が出てくるはずなのに、——なぜウイルス粒子がまったく見つからないのだろうか？ウイルス学は、その幻のモデルに疑問を投げかけるような側面からは、目を背ける習性がある。

## 第2部

### ファン・ウーらによる「デウス・エクス・マキナ」

彼らは何としてでも、この人物の病因がウイルスにあるのだということを発見しようと決めたわけだ。そこで彼らは、すべての RNA を、この人の中にある何百万という小さな RNA の鎖を、メタトランスクリプトミクスというテクノロジーを用いて洗い出したのだ。これは遺伝子についてのあれこれ [中略] RNA も DNA もすべて調べ、その配列も決定し、それを増幅することができるというものだ。[中略] これはテクノロジー主導であって、科学主導ではない。そうやって彼らは、ある配列を考え出し、ウイルスにまったくかすりもしていないのに、“ウイルス”を発見したということに決めて、それがこの人の肺炎の原因だと言ったのだ。

— Dr.デビッド・ラズニックが語る、ファン・ウーらの SARS-CoV-2 の“発見”について<sup>(82)</sup>

「COVID-19 詐欺と人類への戦争」<sup>(83)</sup> では、ファン・ウーのチームによる SARS-CoV-2 の捏造について説明した。彼らのチームは、たった一件の“症例”の未精製の肺洗浄液から発見

---

<sup>(81)</sup> Samuel Baron ほか、『ウイルスの発症機序』メディカル微生物学—第4版より、1996年：  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/>

<sup>(82)</sup> 「ウイルス妄想」エピソード1：SARS-CoV-2の悲劇的な疑似科学, Paradigm Shift, 2022年：  
<https://paradigmshift.uscreen.io/>

<sup>(83)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021年11月11日：<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

した起源不明の遺伝子断片をもとに、コンピューター上の“ゲノム”を構築し、それを論文「中国でのヒト呼吸器疾患に関連する新型コロナウイルス」<sup>(84)</sup>の中で発表した。この論文をさらに分析していくと、どのようにして詐欺的な新型コロナウイルス感染症パンデミックが作り出されたのかを説明することができる。その手段は、単に未精製の試料からすべてのRNAを検出しようとするディープメタトランスクリプトーム解析によって捏造した“ゲノム”を用いたもので、存在しない病原体をでっち上げるための悪用方法を示したものとなっている。たった一人の肺炎と診断された被検者から、「コロナウイルス科に属する新種のRNAウイルス株が同定されたので、ここではこれを‘WH-Human 1’コロナウイルスと呼ぶ」<sup>(85)</sup>と、自由に断言していいという主張自体がふざけている。これらの著者らは、「たった一人の患者からウイルスが分離されただけでは、それが呼吸器症状を引き起こしたと結論づけるのに十分ではないが、我々の発見は別の研究でも、さらなる患者で独自に裏付けられている」と述べて、これを正当化しようとした。第一に、詳細については後ほど説明するが、いかなるウイルスも物理的に分離されることはなかったのだ。第二に、「独自の裏付けがある」という彼らの主張は、2020年2月に発表されたペン・ジョウらの論文への言及である——この論文は、何の裏付けもないものであり、その不正については41ページのところで説明している。ここで言えることは、循環論法を用いれば、似たような遺伝子配列が2回以上見つかるだけでウイルスを確認したとみなされるということだ。データベースを提供しているGISAIDは、こうしたウイルス学的ナンセンスの宝庫であり、2022年8月29日までにSARS-CoV-2を「発見した」との主張が1,280万件以上にもものぼっている<sup>(86)</sup>。しかし、そのどれもが実際のウイルスのことを指してはおらず、ファン・ウーらやその他過去のアセンブリと一致した類似の配列を組み立てて「ビンゴ」と言っているだけに過ぎず、実際のウイルスは必要ないのである。

また、注目すべき点は、この著者は肺炎や急性熱性呼吸器疾患の症例のいずれにおいても、その原因について明言していない上に、一般的な医学界でも症例の約半数では“病原体”が特定していないことが認められていることだ<sup>(87,88)</sup>。ならば、患者が新種のウイルスを保有し

---

<sup>(84)</sup> Fan Wu ほか, “中国でのヒト呼吸器疾患に関連する新型コロナウイルス”, *Nature*, 579, 265–269, 2020年2月3日 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>

<sup>(85)</sup> 同上.

<sup>(86)</sup> GISAID : <https://gisaid.org/> (2022年8月29日アクセス).

<sup>(87)</sup> Catia Cilloniz ほか, “肺炎における微生物の病因学：疫学、診断、耐性パターン”, *Int. J. Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 2016年12月16日.

<sup>(88)</sup> Gao Liu ほか, “中国青海省の患者における急性熱性呼吸器疾患のウイルスおよび細菌の病因学”, *Biomed Environ Sci*, 2019年6月 : <https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058>



ているのだとファン・ウーらが疑う理由は何だったのだろうか？ どうやら、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、患者が地元の海鮮市場内で働いていたことが判明した」かららしい<sup>(89)</sup>。中国では、このような生鮮市場は非常に一般的である事実や、コウモリ起源説にもかかわらず、ファン・ウーらは「コウモリは売られていなかった」と報告している事実からも、この理由が非常に説得力のないものであることがうかがえる。

いずれにせよ、彼らは患者から気管支肺胞洗浄液 (BALF) を回収し、この未精製の試料を用いて「200  $\mu$ l の BALF から全 RNA を抽出した」と報告している。彼らの論文の方法論のセクションには、「RNeasy Plus Universal ミニキット(キアゲン社製)を使用」と書かれており、これはつまり、スピнкаラムを用いた遠心分離によって得られたということである。彼らは、「リボソーム RNA の除去はライブラリー作製の際に行われた」と主張しているが、既知のヒト RNA 配列との一致度が高いままであるため、この点が不審な理由については 43 ページをご参照いただきたい。彼らは続いて、調製物のショットガンシーケンスを行い、遺伝子材料を平均 150 のヌクレオチド数という短い長さにランダムに断片化してから、逆転写酵素を使って RNA を DNA へと変換した<sup>(90)</sup>。56,565,928 本ものショートリードが生成され、この情報は *de novo* アルゴリズムベースのアセンブリを行うソフトウェアプラットフォームである、Megahit<sup>メガヒット</sup>と Trinity<sup>トリニティ</sup>に送り込まれた。Megahit を使って 384,096 個のコンティグ、つまり仮想上のオーバーラップした配列が生成され、そのうちの最も長いもの (ヌクレオチド数: 30,474) は、コウモリ由来の SARS 様コロナウイルス ZC45 株 (bat SL-CoVZC45) と “89.1% のヌクレオチド同一性” があると発表されたが、これもまた別の架空の構成概念として利用されることになる。(Trinity では 130 万以上のコンティグが生成されたが、最長のものでもヌクレオチド数は 11,760 に過ぎなかった。言ってみれば、このソフトウェアプラットフォームだけを使っていたなら、“ゲノム” は見つからなかったということだ。) そして、突然 “ウイルス” という言葉が出てきたのは、彼らが「このウイルスゲノムの配列および終端は、逆転写 PCR 法によって決定され、確認がとれた」と述べた時のことである。PCR は、単にあらかじめ選択した配列を増幅するだけのものであって、未知のゲノムを確認する能力などないので、これは巧妙なごまかしである。PCR の専門家であるスティーブン・バスティンは、次のように説明している。「PCR では、標的とする配列が分かっている必要はないわけです。[中略] それで、サンプルの中に何かがあるぞと分かったら、次にそれを

---

<sup>(89)</sup> Fan Wu ほか, “中国でのヒト呼吸器疾患に関連する新型コロナウイルス”, *Nature*, 579, 265–269, 2020 年 2 月 3 日 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>

<sup>(90)</sup> イルミナ, 「RNA シーケンスメソッドコレクション」, 2017 年 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>

分離しようとするわけですね。それで一旦それを分離してから改めて配列決定するか、PCR にかけるのです」<sup>(91)</sup>と。つまり PCR 自体では、その配列の起源を特定することはできないため、ファン・ウーらの方法論では、彼らが記述した配列の起源を立証してはいないのだ。しかし、彼らはまさにその直後の文章で、「このウイルス株は WH-Human 1 コロナウイルス (WHCV) と命名された」と世界に向けて発表している。

——間もなく SARS-CoV-2 と改名されるこの偽装ウイルスが、**何もないところから捏造された**この時点で、私たちは一旦立ち止まる必要がある。WHO が何の裏付けもないまま、**新型コロナウイルス感染症の原因物質であると主張するウイルスだ**。

2020 年 1 月 5 日に<sup>ジェンバンク</sup>GenBank に提出されたこの“ゲノム”こそが<sup>(92)</sup>、ドロステンらによって不当な PCR プロトコルの検査配列をつくり出すために利用されたものである<sup>(93)</sup>。それらが続いて WHO によって世界中の人々が利用できるようにそそくさと公表され、その結果として、WH-Human 1 は主張されている病原体の世界的なリファレンスゲノムとなったのだ。2020 年 3 月 11 日に WHO がパンデミックを発表した後、あの手この手の破壊的な小細工を世界中に仕掛けられたのも、この捏造のおかげだったのである<sup>(94)</sup>。

しかしながら、注意を払ってみれば、ファン・ウーらの論文にはいかなるウイルスの証拠もないことは誰にでも分かる。ウイルスとは、タンパク質性の被膜に包まれたゲノムからなる複製可能な小さな偏性細胞内寄生体であり、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。ファン・ウーらの唯一の手札は、41 歳の肺炎男性と、その男性の肺洗浄液から見つかった起源が不明なままの配列をもとにソフトウェアでアセンブルした“ゲノム”モデルだけであった。彼らはそれをもっともらしく見せるために、次のように述べた。「WHCV のウイルスゲノム構成は、ベータコロナウイルス属の代表的な 2 つのグループとの配列アラインメントによって決定された。ヒトに関連するコロナウイルス (SARS-CoV

---

<sup>(91)</sup> Planet Waves FM with Eric F. Coppelino, 「Dr. スティーブン・バスティンのインタビュー」: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>, ジョシュア・ハリネンによる文字起こし: <https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf>

<sup>(92)</sup> Zhang ほか, “武漢海鮮市場肺炎ウイルス分離株 Wuhan-Hu-1, 完全ゲノム, GenBank: MN908947.1”, 2020 年 1 月 5 日に提出: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/MN908947.1>

<sup>(93)</sup> Victor Corman, Christian Drosten ほか, “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”, *Euro Surveill*, 2020 年 1 月 23 日: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045> MN908947.1 は GenBank に加え、[virological.org](https://virological.org) (<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>) で初めて一般公開された。ドロステンらは、“Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) が管理するウイルス配列データベースに 1 月 12 日に寄託された他の 4 つのゲノム”も PCR プロトコルの設計に採用した。

<sup>(94)</sup> WHO, 「COVID-19 に関するメディアブリーフィングでの WHO 事務局長の冒頭発言」(2020 年 3 月 11 日)

Tor2、GenBank アクセション番号 AY274119) と、コウモリに関連するコロナウイルス (bat SL- CoVZC45、GenBank アクセション番号 MG772933) である」と。これらのゲノムと主張されるものもまた、自然界にその全容が存在すると証明されたことはなく、ましてやウイルス内部に由来することが明らかになったこともない、単なるコンピューター上の構成概念である。例えば、コウモリ由来の SARS 様コロナウイルス ZC45 株 (bat SL-CoVZC45) であれば、「GenBank に寄託されている利用可能な SARS コロナウイルス (SARS-CoV) と、コウモリ由来の SARS 様コロナウイルス (bat SL-CoV) の配列を使ったマルチプルアラインメントによって設計された、[中略] 19 対の PCR 用の縮重プライマーペア」を用いることによって 2018 年に捏造されたものである<sup>(95)</sup>。

ウイルス学において、ウイルスゲノムはおそらく最大の幻想となっており、ウイルスが本当に存在することが証明されているという思い込みを広める幻想となっている。ウイルス学者自身でさえ、以下のように述べているにもかかわらず、自分たちの方法論に致命的な欠陥があることを自覚していないようである。

現在、ウイルスの全ゲノム配列解析には、HTS [ハイスループットシーケンス] に基づく 3 つの主要な手法が用いられている。それらは、メタゲノムシーケンス、ターゲットエンリッチメントシーケンス、PCR アンプリコンシーケンスで、それぞれに利点と欠点がある (Houldcroft ほか, 2017 年)。メタゲノムシーケンスでは、宿主だけでなく細菌、ウイルス、真菌を含むサンプルから全 DNA (または RNA) を抽出し、配列決定する。これはシンプルで費用対効果の高いアプローチであり、参照配列を必要としない唯一のアプローチである。代わりに、他の 2 つの HTS アプローチ、ターゲットエンリッチメントとアンプリコンシーケンスは、どちらもベイトやプライマーを設計するための参照情報に依存している。メタゲノムシーケンスの欠点としては、十分なウイルスゲノムの材料を得るためには、非常に高いシーケンス深度が必要なことである。<sup>(96)</sup>

‘ウイルスの’配列決定における、より重要な欠点というのは、そのプロセス自体が遺伝子断片の起源を特定するものではないということである。ならば、どのようにして今まで未知だったゲノムの配列を確定するために、それを使用できるのだろうか？ 明確にして

---

<sup>(95)</sup> Dan Hu ほか, “中国のコウモリにおける新型 SARS 様コロナウイルスのゲノム特性評価と感染性”, *Emerging microbes & infections*, 2018 年 9 月 12 日: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1038/s41426-018-0155-5>

<sup>(96)</sup> Florence Maurier, ほか, “臨床サンプルからのウイルスの全ゲノム配列決定のための完全なプロトコル: コロナウイルス OC43 への応用”, *Virology*, 531 巻, 2019 年 5 月: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

おくが、配列の起源が個別に検証できるような状況、たとえば物理的に分離された菌体などについて話しているのではない。さらに言えば、遺伝子のデータバンク上で、過去に矛盾する割り当てがなかったことを根拠に、消去法によってウイルスの配列だと独断的に公表するのも目茶苦茶な話である。どのウイルス学者も、一番最初の鋳型をアSEMBルして病原性ウイルスを発見したと公表する際に、その配列がそもそもウイルス性であることを立証してはいないのだ。ウイルス粒子と主張されるものを精製し、配列との関係を証明する段階には、誰も至っていない。それでも、最初に考案された *de novo* ゲノムは、他のウイルスハンターたちが自分たちのコンピューターゲノムをアライメントしたり、‘確認用の’PCR プロトコルを設計したりする際の基準となってしまうのである。

筆者の知る限り、ウイルス学者たちは、サンプル中に全長 30 キロベースの RNA 鎖が存在するのかどうかさえ直接確認できる研究技術を持ち合わせていない。既存のパルスフィールドゲル電気泳動の技術で確実にできることは、このサイズの DNA 鎖を選別することだけである<sup>(97)</sup>。いずれにせよ、こうしたシミュレーションは、はぐらかしに過ぎない。というのも、たとえインシリコの SARS-CoV-2 ゲノムである全長 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、ウイルス学者がやるべきことはまだまだ山積みだからだ。何よりもまず、この配列が、人を病気にし得る疾病の原因である複製可能な粒子に属することを、証明する必要があるだろう。単にそうだと主張するだけではいけないのだ。

この点に関して、筆者はウェルカム・サンガー研究所の進化生物学者と電子メールのやりとりをしたことがあるが、彼は、“SARS-CoV-2”の存在を証明するためには（ショットガンシーケンスだけでなく）ロングリード RNA シーケンスが必要だと指摘していた<sup>(98)</sup>。彼は、2022 年 4 月に発表されたオックスフォード・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<sup>(99)</sup> について言及し、これまでにショットガンシーケンスで構築された“ウイルス”ゲノムの妥当性は確認済みだとの主張をしていた。提示してもらった研究内容は、さまざまな“SARS-CoV-2 感染”と“mock 感染”の細胞株の反応を比較した実験について記述したものであった。この実験用細胞は「SARS-CoV-2 オーストラリアウイルス

---

<sup>(97)</sup> David Schwartz and Charles Cantor, “パルスフィールド勾配ゲル電気泳動による酵母染色体サイズ DNA の分離”, *Cell*, Vol. 37, 1984 年 5 月 : [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)

<sup>(98)</sup> Zachary Ardern からの E メールより : <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

<sup>(99)</sup> Jessie Chang ほか, “ロングリード RNA シーケンスにより、SARS-CoV-2 インビトロ感染時における宿主転写産物のポリA デニル化伸長と差次的転写物使用が特定”, *Front. Immunol.*, 2022 年 4 月 6 日 : <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223>



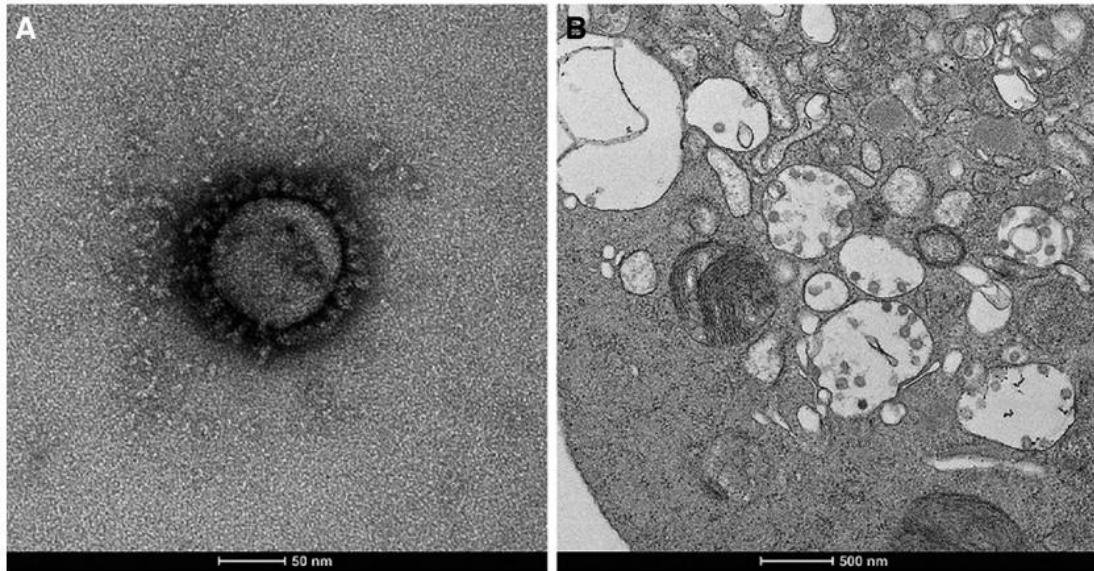


図4. [ケイリーら](#)による SARS-CoV-2 の“分離”。電子顕微鏡写真は、Vero/hSLAM 細胞培養上清のものである。(A)は、“ウイルス粒子”であると宣言されたが、単なる起源不明の粒子である。さらに、莢膜の‘スパイク’は、それらしい見た目を作り出せるようトリプシンという酵素が外側のタンパク質を消化した後に生じたものとなっている。(B)は、単に組織の混合物中の粒子サイズを示したものである。同様のヒト由来検体を用いた有効な対照実験は行われていない。

(Australia/VIC01/2020, NCBI: MT007544.1)に感染したもの」だったと主張され、その著者のレオン・ケイリーらによって“分離株”であると申し立てられたものであったが<sup>(100)</sup>、図4で説明したように、また「COVID-19 詐欺と人類への戦争」<sup>(101)</sup>でも概説したように、ウイルスの分離は一度も行われていない。そういった訳で、進化生物学者の議論は、不正な実験で得た不正な産物を“mock 感染”と比較することが拠り所となっていた。人を誤った方向に導く“ウイルス分離”という発表は不当なものであるし、ウイルス学者が他の変数を変更できるように定義を変えていること自体も不当である。より長いリードを得たところで、これらの基本的な問題は変わらないのだ。進化生物学者の主張は、モニターされた配列とタンパク質の時間経過に伴う変化が、進化するウイルスのエビデンスに相当するのだという話だった<sup>(102)</sup>。彼もまた、これらの実体に対して“ウイルス”というもっともらしい言葉をつけたウイルス学の謀略の被害者だったのである。そもそも、このような配列やタンパク質が組織培養実験で検出された際に、それらが病原性ウイルスに属するという事は証明されなかった。

<sup>(100)</sup> Leon Caly ほか, “オーストラリアで最初に COVID-19 と診断された患者からの 2019 年新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の分離と迅速な共有”, *Med. J. Aust.*, 2020 年 4 月 1 日 : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.5694/mja2.50569>

<sup>(101)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021 年 11 月 11 日 : <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>(102)</sup> Zachary Ardern からの E メールより : <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

しかし、今日に至るまで、それらが“ウイルス性”であるという主張は続いている。

このやりとりから数ヵ月後、病理学者でありウイルス学者であるシン・ハン・リー医学博士が、自身の査読前の論文原稿<sup>(103)</sup>で「ウイルス [SARS-CoV-2] が存在し、変異し続けていることを示す反論の余地のないサンガーシーケンスによる証拠」を提供したと主張し、この研究に異議があれば表明するよう公開で呼びかけた<sup>(104)</sup>。ここでも筆者は反論を行い、ウイルス学が現在も科学用語の誤用を続けていること、ならびに分析している遺伝子配列の起源が不明であるという根本的な問題を、以下のように詳しく述べた。

ウイルス学の問題点を明らかにするためには、どのような出版物でも方法論のセクションを調べることが重要であり、この場合も同じことです。[中略] ウイルスの話に異議を唱える私たちは、RNA (または DNA) 配列が、ウイルスの定義を満たす特定の同定可能な粒子の内部に由来するということが、これまで証明されたことがないと指摘しています。したがって、すべての RNA は、既知の生物によって発現しているか、人為的にもたらされたものか (たとえば合成 mRNA 注射など)、あるいは起源が不明なものとしか言いようがありません。“変異体”は、コンピューター・モデルの中にのみ存在するものであり、自然界で独立して実在していることは証明されていません。ダイナミックな生命システムの中では、RNA 配列が多様化する、また実際に多様性を持つ理由は他にあるわけで、この事実を否定するウイルス学者がいるとは思えません。RNA を検出するだけでは、これらの起源についての結論を導き出すのは不十分です。この判定を下すには、他の実験が不可欠です。<sup>(105)</sup>

実際、ウイルスの科学的根拠だと言われるこれらのデータは、どんなにゲノム技術やプロテオミクス技術を駆使したとしても、永遠に終わりの来ない破綻した理論の正当化が続いているだけという事実からは逃れられない。

---

<sup>(103)</sup> Sin Lee, “SARS-CoV-2 オミクロン亜株の分子診断に関する eCDC/WHO 勧告の実施とその課題”, *preprints.org*, 2022 年 6 月 14 日 : <https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

<sup>(104)</sup> Mark Bailey, 「ウイルス学者に引っかかっている危険信号...再び」, 2022 年 7 月 25 日 : <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

<sup>(105)</sup> 同上.

## 果てしなく続く破綻した理論の正当化

すでに述べたように、‘コウモリ由来の SARS 様コロナウイルス ZC45 株 (bat SL-CoVZC45)’ は、2018 年に捏造された 29,802 ヌクレオチドの長さを有するコンピューター上のゲノムであり<sup>(106)</sup>、これがファン・ウーらによって SARS-CoV-2 ゲノムをでっち上げるための鋳型ゲノムとして利用されていたのだ。このゲノムは、中国浙江省で捕獲されたコウモリの腸組織に由来するものだと主張されていたものである。この研究で、著者らは「すべてのコウモリは健康で、捕獲時に明らかな臨床症状はなかった」と報告している一方で、“汎コロナウイルス逆転写 (RT) -PCR アッセイ”に基づいて、334 匹のコウモリのうち 89 匹からウイルスが検出されたと発表している。細胞変性効果を誘発することでウイルスを“分離”したと主張することの愚かさについては、すでに述べたとおりであるが、この場合、彼らは Vero-E6 を用いた細胞培養を行っても、その現象を観察することさえできなかった。その代わり、彼らは“ZC45 株の病原性を検査する”ための別の方法を試みたのである。これは、粉碎したコウモリの腸組織を 20  $\mu$ l 取り出し、3 日齢の BALB/c ラットの脳に直接注射するというものであった。(重量換算すると、人間の脳に数百ミリリットルの物質を注射するのと同じことである。<sup>(107)</sup>) このような生体組織を、近交系の機能障害のある新生仔の脳に直接注入することの無意味さは、もはやこれ以上は説明するまでもないだろう。ウイルス学の実験では典型的なことであるが、ウイルスを含んでいないと言われる同様の生体物質を別の赤ん坊のネズミの脳に直接注射した対照群は存在しなかった。彼らは、ラットの脳の一部に“ウイルスと疑われる粒子”が見られたと報告したが、そのようにして観察された“ウイルスと疑われる粒子”の組成や生物学的機能をスライドで示すこともなかった。それに加えて、“感染”については RT-PCR 検査が陽性だったことを根拠に発表されていたが、それは赤ん坊のラットを屠殺する際に、間近に注射されたものと同じ RNA 配列が検出されたということだったのである。明らかに、ウイルスの存在を必要とするようなものではなかった。

こうしてウイルス粒子と称するものを物理的に分離することなく、腸内サンプルのホモジナイズ、遠心分離、濾過を進めていき、その後「ウイルス RNA ミニキット (キアゲン社製、ドイツ・ヒルドン) を製造元の推奨に従って使用することで、ウイルス RNA を抽出した」と発表したのだ。(このタイプのキットでは、ウイルスの存在の有無にかかわらず、RNA をその起源に基づいて選択的に抽出することが不可能である理由は、49 ページを参照のこと。)

---

<sup>(106)</sup> Dan Hu ほか、“中国のコウモリにおける新型 SARS 様コロナウイルスのゲノム特性評価と感染性”, *Emerging microbes & infections*, 2018 年 9 月 12 日: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1038/s41426-018-0155-5>

<sup>(107)</sup> 西オーストラリア州政府 - 動物資源センター, 「ラットとマウスの体重」: [https://www.arc.wa.gov.au/?page\\_id=125](https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125)



次に、それらの調製液を PCR で増幅する前に、逆転写のステップが行われた。彼らの主張では、「GenBank に寄託されている SARS コロナウイルスと、コウモリ由来 SARS 様コロナウイルスの配列を使ったマルチプルアラインメントによって設計された」という、19 対の PCR 用の縮重プライマーペアを用いて、SARS 様コロナウイルス ZC45 株の全ゲノム配列を決定したという。つまり、ウイルスゲノムを発見したという彼らの発表は、直接的な科学的根拠に基づいていたのではなく、さらなる架空の‘ウイルス’の鋳型から作られた、起源不明の配列の検出に基づいていた。この工程では、どの程度の PCR 増幅が行われたかは開示されていないが、“RT-PCR スクリーニング”の工程では、1 ラウンド目で 40 サイクル、それに続く 2 ラウンド目では 30 サイクルにもものぼっていた。このような馬鹿げた増幅は、必ずしもサンプル中に標的配列が物理的に存在することを意味するものではなく、単にそのプロセス自体の結果として“発見”されたという、不自然な結果をもたらすだろう。

特筆すべきは、2003 年の SARS の“アウトブレイク”以来、コウモリウイルスの話が続いていることである。どうやら人類は、数千年の時を経て今、中国のコウモリの洞窟に潜んでいるウイルスによる絶え間ない脅威にさらされているようだ。2005 年、エコヘルス・アライアンス会長のピーター・ダスザック博士は、*Science* 誌に掲載された論文「コウモリは SARS コロナウイルスの天然の貯水池」<sup>(108)</sup> を共同執筆した。この研究で、ダスザックと共同研究者は、えり抜きのコウモリから試験管内で細胞変性効果を観察するという通常の詐欺的手法によって‘コロナウイルス’を見つけることができず、「ウイルスは、Vero-E6 細胞を用いた PCR 陽性検体の糞便スワブからは分離されていない」と述べている。しかし彼らは、コウモリの粗試料から得た馬鹿げたほど高い (35~45) サイクルの PCR 産物によって、そのようなウイルスの根拠があるのだと喜々として発表した。これらが‘ウイルスの配列’であると主張されたのも、まさにその‘ウイルスの’配列を、彼らの PCR プロトコルが検出するよう設計されているからこそであり、それをウイルス学の循環論法の中で‘発見’したからである。彼らは、「コウモリの動物由来感染症ウイルスには、遺伝的多様性があり、変種が種の壁を越えてヒトの集団に疾病のアウトブレイクを引き起こす可能性が高まっている」と世界に向けて正式に警告を発した。残念なことに、この動物由来感染症の民間伝承は、ウイルス学の文献から一般大衆の想像力の中へと広まってしまった。ダスザックは、コウモリウイルス物語の熱心な推進者であり、また後援者でもあり、2015 年には彼の同僚に対して、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

---

<sup>(108)</sup> Wendong Li, ほか, “コウモリは、SARS コロナウイルスの天然の貯水池”, *Science*, 2005 年 9 月 29 日 : <https://www.science.org/doi/10.1126/science.1118391>



MCM（medical countermeasures：感染症危機対応医薬品等）の必要性に対する大衆の理解を高める必要がある」との助言をしていた<sup>(109)</sup>。

いずれにしても、イメージ上のコロナウイルスの鋳型が分岐してきた歴史を遡っていくと、最初の SARS の“アウトブレイク”の原因だとされた、SARS コロナウイルスゲノムに関する大元の主張へと繋がっていく。2003 年 4 月、イー・ジュン・ルアンらは、アクセッション番号 AY283794.1<sup>(110)</sup>となる“SARS コロナウイルス Sin2500 完全ゲノム”を GenBank に提出した。しかし、このゲノムは、もちろんウイルス粒子と主張するものを直接配列決定したのではなく、Vero 細胞培養実験における RNA の配列決定を“ショットガンと特異的プライミングの両方のアプローチ”によって行い、“マウス肝炎ウイルスゲノム配列（NC\_001846）をバックボーンとして”、アラインメントすることによって創作されたものであった<sup>(111)</sup>。NC\_001846.1 ゲノムというのは、1997 年に同様にして創作されたもので、「元々はローレンス・スターマン博士から入手した」というウイルスに由来すると主張されており、「野生型 MHV-A59、C12、C3、C5、C8、B11 または B12 に感染した L2 細胞の単層から抽出した細胞質 RNA を鋳型として使った」ことにより配列決定されたものであった<sup>(112)</sup>。ウイルスをもとにスタートしたという彼らの主張は、スターマン博士が提供したサンプルにそのようなものが含まれていたという確信に基づいているようである。

この時点でも明らかなように、コロナウイルスの各ゲノムは、ウイルス学者がどの配列もウイルス由来であることを証明することがないまま、その他のゲノムと呼ばれるものの鋳型となっている。したがって、史上初の完全なコロナウイルスゲノムと称されるものまで遡っていくことに意義がある。それは、1987 年のバースネルらによる論文「鶏伝染性気管支炎ウイルス（IBV）」<sup>(113)</sup>にて発表されたもので、これがその後、オリジナルの鋳型のひとつとして他の人々に利用されていったのだ。彼らは、推定したウイルス粒子を直接配列決定した

---

<sup>(109)</sup> 「コロナウイルスに対する MCM の開発」：作業部会報告書『感染症に対する迅速な医学的対策への対応、継続的な官民連携による持続可能な能力の実現』より、ナショナルアカデミープレス、ワシントン DC、2016 年 2 月 12 日：  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

<sup>(110)</sup> GenBank, 「SARS コロナウイルス Sin2500, 完全ゲノム AY283794.1」, 2003 年 8 月 27 日：  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

<sup>(111)</sup> Yijun Ruan ほか, “SARS コロナウイルス 14 分離株の全長ゲノム配列の比較解析と推定感染起源に関連する共通変異”, *Lancet*, 2003 年 5 月 24 日：  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

<sup>(112)</sup> Isabelle Leparac-Goffart ほか, “マウスコロナウイルス MHV-A59 変異体の病因の変化はスパイクタンパク質の Q159L アミノ酸置換と関連している”, *Virology*, 1997 年 12 月 8 日：  
<https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

<sup>(113)</sup> Michael Boursnell ほか, “コロナウイルス鶏伝染性気管支炎ウイルスのゲノム配列が完成”, *Jgen Virol*, 1987 年 1 月 1 日：  
<https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

のではなく、「ゲノムの 3'末端に向かって最長 27,569kb をカバーする 17 個の相補的 DNA クローン」を使用しており、そのクローンは「ボーデット株(1937年にボーデットとハドソン, 1984年にはブラウンとバースネルによる)の勾配精製ウイルスから分離された RNA に由来している」と述べている。ここで引用されたブラウンとバースネルの論文には、「相補的 DNA クローンの調製については、過去に記載済み(ブラウンおよびバースネル, 1984年)」<sup>(114)</sup>と記されている。この文末の引用は「鶏伝染性気管支炎ウイルスのゲノム RNA には遺伝子間の境界に配列相同性がある」<sup>(115)</sup>というタイトルがついた彼らの論文発表からのものであった。

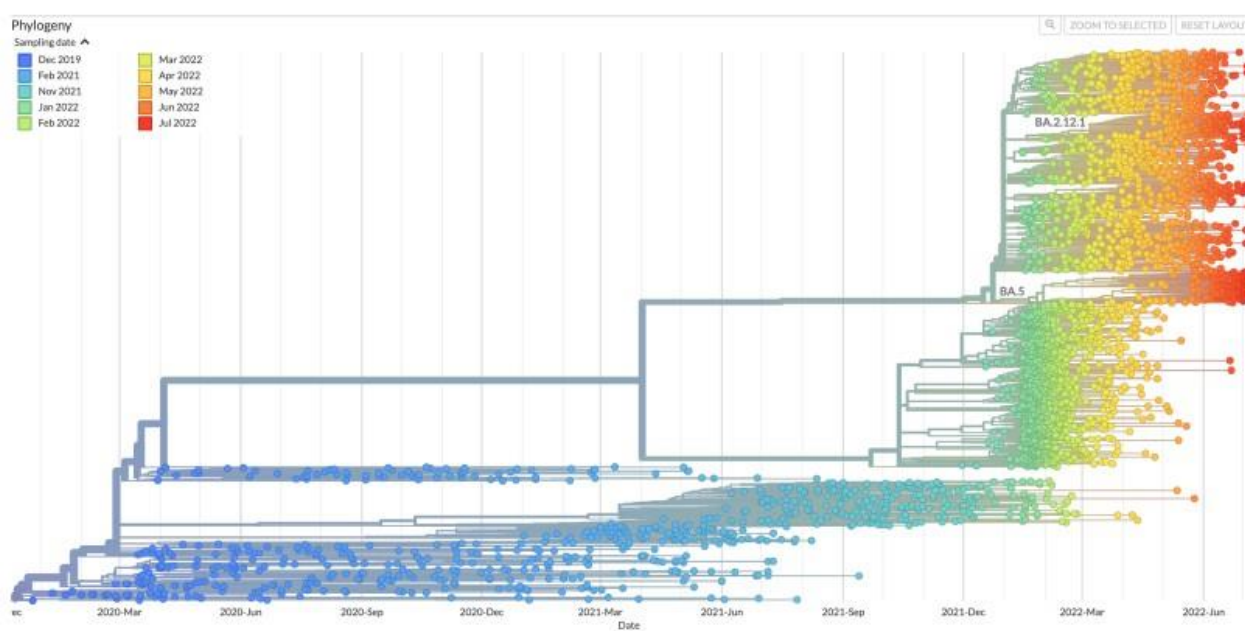


図 5. 2022 年 7 月 15 日時点の [GISAID.org](https://gisaid.org) の SARS-CoV-2 系統樹。2019 年 12 月を起点とする最初の"ゲノム" (ファン・ウーらによるもの) は、ウイルス由来であることがいまだかつて証明されたことがない。しかし、ウイルス学の循環論法によって、他の場所で見つかった類似の配列が、進化する“ウイルス”の根拠だとして提供されている。しかしながら、コントロールされていない方法論が利用されているため、これはコンピューター上の架空の系図となっている。選ばれた遺伝子配列をその状況で検出したり、検出したと主張したとしても、その配列の起源が確立されていなかったり、誤ったものである場合には、ウイルスの存在が確認されたことにはならない。タンパク質の検出についても同様のことが言える。

<sup>(114)</sup> T.D.K. Brown & Michael Boursnell, “コロナウイルス IBV ゲノム RNA の配列決定: mRNA B によってコードされた 195 塩基のオープン リーディング フレーム”, *Gene*, 1984 年 7 月~8 月: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

<sup>(115)</sup> T.D.K. Brown & Michael Boursnell, “鶏伝染性気管支炎ウイルスのゲノム RNA には遺伝子間の境界に配列相同性がある”, *Virus Research*, 1984 年 1 月: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

この論文の中で、彼らは「伝染性気管支炎ウイルスボーデット株を 11 日齢の発育鶏卵の中で増殖させた。ウイルス粒子は尿膜腔液から分離され、ショ糖勾配での等密度遠心法<sup>(116)</sup>によって精製された」と主張している。しかしながら、これらの論文には次のような証拠が一切提示されていない。(a)“ウイルス粒子”はもちろん、何かを精製した確証となる電子顕微鏡写真、(b)有効な対照実験の実施。 私たちに分かるのは、彼らが培養液中にウイルスが存在するのだと推測したということ、そして遠心分離後に検出された RNA 配列が、これらイメージ上のウイルスに由来するものだと言ったと彼らが主張したということだけである。

遡ってみると、最初に彼らがウイルス（伝染性気管支炎ウイルス）を扱っていると主張したのは 1930 年代のことで、1911 年のラウス肉腫“ウイルス”実験（17 ページ参照）で用いられた方法論から導き出されたのと同様の欠陥のある結論に基づいていた。伝染性気管支炎ウイルスのケースでは、病気のニワトリから採取した材料をベルケフェルト細菌濾過器に通し、その後それを別のニワトリの気道に投与した<sup>(117)</sup>。この結果に基づいて、これを投与されたトリ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実証している」と公表されたのであった。しかしながら、感染性粒子が有毒な作用の原因になっていることを実証した実験は、これまで皆無なのである。要するに、1980 年代以降に作られた“コロナウイルス”の系統樹は、“進化するウイルス”のエビデンスなのではなく、物理的な製品が確立していないマルチレベルマーケティング戦略のエビデンスだったのである。

人類にとっての脅威は、ウイルス学者の憶測で鋳型にされてきた推定上のコロナウイルスゲノムが、今度は、ウイルス学の最新の捏造が本物だと信じ込んで騙されてしまった不幸な被接種者向けに製品を作って、注射するための鋳型として使われていることだ。こうしてウイルス学の架空のゲノム創作は、まったく必要のない医療介入や政治介入を作り出すために利用されているのである。危険かつ実験的な mRNA とナノ脂質のバイオテクノロジーは、過去 30 年以上にわたる他のすべてのワクチンを合わせたよりも、多くの人々を殺しており、しかも、その数はまだ数え始めたばかりの状況である<sup>(118)</sup>。

---

<sup>(116)</sup> 等密度遠心法は、密度によって粒子を分離する。対して、ゾーン遠心分離法は粒子の大きさによって分離する：  
<https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/>

<sup>(117)</sup> J. R Beach & O. W. Schalm, “ヒヨコの呼吸器疾患の原因である、喉頭気管炎とは異なる濾過可能なウイルス”, *Poultry Science*, 1936 年 5 月：  
<https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/>

<sup>(118)</sup> <https://vaersanalysis.info/> (2022 年 6 月 25 日アクセス).

## SARS-COV-2 に関する CDC の主張

対応の遅さでは毎度お馴染みの CDC は、彼らの発行物 *Emerging Infectious Diseases* 誌で、2020 年 6 月にジェニファー・ハーコートらによって発表された論文「米国のコロナウイルス感染症患者からの重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2」<sup>(119)</sup> の中で「SARS-CoV-2 を分離した」と主張したことについての情報公開請求に回答するのに 8 ヶ月もかかった。私の仲間が CDC に送った質問は単純なもので、次のような内容であった。「この論文の科学者は対照群を設定したのでしょうか？もしそうであれば、対照群の方は、ウイルスと思われる検体を除いた上で、実験群と同じ製法の細胞培養の混合液を使用したのでしょうか？[中略]まとめますと、もし対照群を使用していた場合は、対照群の詳細を明記してください<sup>(120)</sup>」と。CDC は、この単純な要望に答えるようジェニファー・ハーコートや彼女のチームの誰かに求めることはせず、2022 年 3 月 29 日、開示請求された資料に準ずるものだとする「37 ページの該当する記録と 1 枚の Excel の集計表が見つかった」と回答した<sup>(121)</sup>。要約すると、CDC の言う「該当する記録」には以下の内容が挙げられていた<sup>(122)</sup>。

1. CDC の内部メールでは、図 6 に示したような「米国で最初に発生した 2019 年新型コロナウイルスの可能性のあるスコープ写真」を示すと称する画像が共有されている。CDC の研究微生物学者であるアザビ・タミンは、「これら 7 種類の溶解液のどれかには、2019 年新型コロナウイルスによって細胞変性効果が誘発されることを示しているものもある」との期待を寄せ、同時にスティーブン・リンドストロームは、「大変よくできた不健康な細胞だ」とコメントしている。そこで次に、呼吸器ウイルス免疫学チームを率いるナタリー・ソーンブルグがこう尋ねている。「君の持っている細胞変性効果のオリジナル画像の JPEG ファイルか TIFF ファイルを送ってもらえないか？出版用にクオリティの高い仕上がりにしていきたい」と。

---

<sup>(119)</sup> Jennifer Harcourt ほか、「米国のコロナウイルス感染症患者からの重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2」, *Emerging Infectious Diseases*, 2020 年 6 月：[https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article)

<sup>(120)</sup> 情報公開請求 (CDC) の電子メールより、「FOIA：米国コロナウイルス感染症患者からの重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2 の対照群の情報公開請求」, 2021 年 8 月 1 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

<sup>(121)</sup> CDC/ATSDR 情報公開法の担当役員, Roger Andoh からの公式文書, 「#21-01704-FOIA」, 2022 年 3 月 29 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>(122)</sup> 同上：CDC/ATSDR 情報公開法の担当役員, Roger Andoh からの PDF 資料 37 ページ, 2022 年 3 月 29 日：<https://www.fluoridrefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>





図 6. “mock”実験のスライドの詳細については、とりわけ開示請求をしたにもかかわらず、CDC は、2022 年 3 月 29 日の情報公開請求に対する回答で提示してくることはなかった。その他のスライドは、SARS-CoV-2 の細胞変性効果（つまり、これで存在を示唆している）のエビデンスだとされている。

2. GenBank のアクセッション番号 MT020880 と MT020881。これは、ハーコートらの CDC 発行物に記載済みで、すでに一般公開されている。
3. CDC の電子顕微鏡学者であるシンシア・ゴールドスミスによると、*New England Journal of Medicine* 誌に掲載されたナ・ズーらによる論文「中国の肺炎患者からの新型コロナウイルス，2019 年」<sup>(123)</sup> 中にある“図 3 には非常に良い電子顕微鏡画像が 2 枚あり、うち 1 枚は‘ヒト気道上皮’のもの”であるという。私たちは、この論文の愚かさについて「COVID-19 詐欺と人類への戦争」で取り上げたが、ナ・ズーらもまた、組成や生物学的機能が証明されていない細胞外小胞の電子顕微鏡写真を“2019 年新型コロナウイルス”だと命名して、コントロールされていない組織培養の分解実験を行う罪を犯している<sup>(124)</sup>。

<sup>(123)</sup> Na Zhu ほか，“中国の肺炎患者からの新型コロナウイルス，2019 年”，*The New England Journal of Medicine*, 382 (2020 年 2 月 20 日，最初の発表は 2020 年 1 月 24 日，更新は 2020 年 1 月 29 日)，728 : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

<sup>(124)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”，2021 年 11 月 11 日 : <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

(この論文の共著者の一人であるウェンジー・タンは、2020年3月18日にトルステン・エンゲルブレイトに対して、「その画像は精製されたものではなく、沈殿したウイルス粒子のものである」と述べている<sup>(125)</sup>。したがって、これらの画像化された小胞の組成や生物学的機能を実証した部分がこの論文には一切ないため、これらが“ウイルス粒子”であるという主張は単なる断言に過ぎない。)

4. CDC の呼吸器ウイルス臨床検査室に提出されたという“4つのウイルス”における PCR の Ct 値の結果が記載された無益な集計表。
5. 「管理上の利便性のため、またご要望に十分お応えするため、担当職員より以下の情報に対応するウェブリンク付きでご提供します」から始まるページには、CDC の“ウイルス分離”実験がどのように適切にコントロールされていたのか？に関連する情報が、一切何も提供されていなかった。

2021年12月23日、クリスティーン・マッシーは CDC に対して、「細胞培養の対照群に加えられた非感染の鼻咽頭スワブ検体、および口腔咽頭スワブ検体の量」などについて、ハーコートらの“mock 感染”実験の全容を詳しく求める要望書も提出した<sup>(126)</sup>。CDC は 2022年5月10日になってようやくマッシーの開示請求に回答し、36ページにわたって同様の役に立たない情報を提供し、次のように弁解した。

あなたの開示請求のうち、特定の部分に関しては、記録を検索してもその開示請求に関する文書は見つかりませんでした。具体的に、その部分というのは、[中略]“細胞培養の実験群の詳細”、“細胞培養の‘mock 感染’および対照群の詳細”、“全ゲノム配列解析の純度およびコントロールの詳細”についての開示請求に関するものです。あなたの開示請求は、検索のために国立予防接種・呼吸器疾患センター (NCIRD) に送付されました。そちらでは、あなたが開示請求した特定の部分の詳細は、CDC によって管理または保持されている記録として利用できるものではないとの回答でした。<sup>(127)</sup>

---

<sup>(125)</sup> Torsten Engelbrecht & Konstantin Demeter, “COVID19 の PCR 検査は科学的に無意味”, *off-Guardian*, 2020年6月27日: <https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>

<sup>(126)</sup> Christine Massey, CDC への電子メールより「CDC への情報公開請求: Harcourt らの“SARS-COV2 分離”論文-未発表部分についての詳細」, 2021年12月23日: <https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>(127)</sup> CDC/ATSDR 情報公開法の担当役員, Emerique Magyar から Christine Massey への公式文書, 「#22-00578-FOIA」, 2022年5月10日: <https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

言い換えれば、CDC は自分たちが科学的方法に則っていないという事実にもっとも無頓着であるか、あるいはゲームオーバーであることに気づき、不誠実な対応に終始しているように見える。どちらにしても、ウイルスの証明だとしてコントロールされていない実験までも推進するようであれば、それらを信頼できる科学的情報源として真に受けることなどできるはずがない。

## ペン・ジョウらによる暴露情報

意図的かどうかは別として、研究者が自らの方法論に関して回答を述べる際に、自分たちの非科学的な実験について驚くほど率直に語ることがある。2020年2月3日、ペン・ジョウらは、“新しいコロナウイルス(2019-nCoV)の同定と特性評価”を主張する論文、「コウモリ由来と推定される新型のコロナウイルスに関連した肺炎の集団発生」を *Nature* 誌に発表した<sup>(128)</sup>。それらの“分離”実験で、著者らは“2019年新型コロナウイルス(2019-nCoV)に感染”したとする Vero-E6 細胞では細胞変性効果が見られたのに対し、“mock 感染細胞”では細胞変性効果が見られなかったことを示す画像を作成し<sup>(129)</sup>、後者の方が“コントロール”にあたるのだと主張した。しかし、この一見すると対照実験に見えるものの本質とは、一体何だったのだろうか？ 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月に私の仲間が連絡を取り、論文の共著者の一人であるシン・ルー・ヤンから驚くべき証言を聞き出した。第一に、ポジティブコントロール実験（すなわちウイルスとされるものを除いた状態での同等のヒト試料を用いた実験）が存在しなかったという事実に加え、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倍にしたのだとヤンは言うのである<sup>(130)</sup>。この変数が変更された理由を尋ねると、「Anti-Anti（2種類の抗生物質の併用）の意図は、ウイルス分離の際に細菌や真菌による汚染を防ぐことだ。そのため、1%や2%の濃度は細胞増殖に影響しない。初代の培養で2%としたのは、単に試料からの汚染を防ぐためだった」との答えが返ってきた<sup>(131)</sup>。

---

<sup>(128)</sup> Peng Zhou ほか, “コウモリ由来と推定される新型のコロナウイルスに関連した肺炎の集団発生”, *Nature*, 579, 2020年3月12日: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

<sup>(129)</sup> 同上, 「Extended Data 図6: 2019-nCoVの分離と抗原の特性評価」: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9>

<sup>(130)</sup> (Xing-Lou Yang からの電子メールによる私信より, 2021年8月5日.)

<sup>(131)</sup> 同上.

私の仲間は、それが腎臓細胞株での細胞変性効果を誘発する要因のひとつではないことを確認するためにも、“対照”実験の方もきちんと高用量の抗生物質を用いた上で再度行うべきだということを提案した。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、Anti-Anti を使う必要はない」<sup>(132)</sup> という言い逃れのような返答をしたが、細胞にとって有毒なのは、添加される抗生物質そのものであるおそれがある（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）という重要な点を無視しているようであった。少なくとも彼らは、対照群と比べて他の変数を変えてしまっており、これにより、結果をさらに無効なものにしていた。

この論文の著者が明かしたもう一つの驚愕の事実は、実験群において Vero-E6 腎臓細胞培養液を入れた 24 ウェル中、細胞変性効果の形跡があったのはたった 1 ウェルのみだったということである<sup>(133)</sup>。つまり、実験上の誤差の範囲とみなされるべきものが、致死的な新病原体の発表の根拠の一つになっており、2022 年 7 月の時点で 134 万回もアクセスされ、1 万回以上も引用されている論文に掲載されているのである<sup>(134)</sup>。この論文を引用している他の著者らは、新型コロナウイルス感染症と呼ばれているこのずさんな張りぼてが、これほどまでに根拠薄弱な“エビデンス”の上に成り立っていることに気づいているのだろうか？ 生物学的実験がますます廃れていく一方で、コンピューター上の“ゲノム”がウイルスの存在を証明する適切な証拠だと見境なく主張されている状況では、このような事実が発覚したとしても、おそらく彼らは動じることはないのだろう。ジョウらの場合であれば、彼らのコンピューター・シミュレーションでは「コウモリのコロナウイルスと全ゲノムレベルで 96%の同一性がある」と誇らしげに宣言された。彼らは「コウモリ由来の SARS 様コロナウイルスの中には、ヒトに感染する可能性をはらむものもあると以前の研究で示されている」という戯言を根拠にして、この配列をもとに新ウイルス捏造の鋳型とすることを決めたのである<sup>(135)</sup>。彼らのソフトウェアが、GenBank のアクセッション番号 MN996527~MN996532 となったものを構築し、これらを元にした偽物の“エビデンス”の類のものは、有効なコントロールまで欠如していることを、本稿では立証している。

---

<sup>(132)</sup> (Xing-Lou Yang からの電子メールによる私信より, 2021 年 8 月 5 日.)

<sup>(133)</sup> 同上.

<sup>(134)</sup> 論文記事の評価指標 “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の集団発生”, *Nature* : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> (2022 年 4 月 1 日アクセス).

<sup>(135)</sup> Peng Zhou ほか, “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の集団発生”, *Nature*, 579, 2020 年 3 月 12 日 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>



### 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. ペン・ジョウらによる研究と、これまで未公開だった方法論。実験群の抗生物質の量を2倍にしても、24ウェル中、たった1ウェルのみでしか細胞変性効果が見られなかった。これが、後に SARS-CoV-2 と改名される新しいウイルス病原体「2019-nCoV」の証拠となっていることが発表された。

## 武漢からの、さらなる偽装工作か？

2022年の初頭、Dr.ステファン・ランカと共同研究していた数学者が、ファン・ウーらによって作成された一連の配列データの分析を発表した<sup>(136)</sup>。驚くべきことに、そこには次のように結論づけられていた。

*Megahit (v. 1.2.9)* を使って *de novo* アセンブリを繰り返したところ、発表されていた結果は再現できなかった。[ファン・ウーらの] 報告とは相反しており、私たちはヒト由来である（リボソームの）リボ核酸を検出した可能性がある。[中略] 主張されている SARS-CoV-2 のウイルスゲノムの構築に、ウイルスの核酸だけが使用されたというエビデンスが欠如している。さらに、主張されているウイルスのゲノム鎖の構築に関しては、対照実験となるような結果が一切発表されていない。このことは、本研究で考察した他のすべての参照配列にも同様のことが言える。SARS-CoV-2 の場合、対照になるものとして明らかに言えることは、ヒト由来であれ、それ以外を由来とするものであれ、疑われていない RNA ソースからは、主張しているウイルスゲノムが構築できてはいけないということであろう。

ウイルスを発見するための、ウイルス学の現在の方法論は却下すべきだという事実に加えて、SARS-CoV-2 の最初の考案者が世界に向けて新型ウイルスを発表した状況証拠には、実験の再現性が欠如していることから、問題点が即座に浮き彫りになってくる。実際、第三者によるこの解析で得られたコンティグは 28,459 個に過ぎず、ファン・ウーらによって報告された数 (384,096 個) よりも大幅に少ない。それに加えて、第三者が行って得られた最長の

<sup>(136)</sup> 「ウイルス学における配列データの構造解析-表と図」, *WiSSeNSCHAFFtPLUS* 誌, 2022 年 1 月, 英語版: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc>

コンティグは、29,802 ヌクレオチドであり、ファン・ウーのものよりも 672 ヌクレオチド短かった。これはつまり「公表されている配列データは、アセンブリに使用されたオリジナルのリードであるはずがない」ということである。また、その数学者の分析では次のようにも結論づけられている。

2021年5月12日のヌクレオチドデータベースとの配列比較では、「ホモ・サピエンス RNA, 45S プレリボソーム N4(RNA45SN4), リボソーム RNA」(GenBank:NR\_146117.1, 2020年7月4日発表)との高い一致率(98.85%)を示した。この観察結果は、[1]でリボソーム RNA の除去を行い、ヒト参照ゲノム(ヒトリリース 32, GRCh38.p13)を用いて、ヒトの配列であるリードを除外したという主張と矛盾するものである。ここで特に注目すべき点は、この配列 NR\_146117.1 が公開されたのは、今回考察した SRR10971381 配列のデータライブラリが発表された後のことだったという事実である。この観点は、ウイルスゲノム配列だと主張されているものの構築において使用される個々の核酸断片の正確な起源を、事前に解明することの困難さを強く物語っている。

いずれにせよ、問題はそれだけでは終わらなかった。いくつかのコンティグのカバレッジの分布が極めて不均一で、エラー率が高いことから、単に PCR の増幅条件そのものによって生成された配列もあるのではないかという疑問が生じた。ここでもまた、こうした可能性を検証するための適切な対照実験(同様のヒト由来のサンプルを用いたもの)が行われていないため、これは反科学的な方法となる。今回の第三者の分析で明らかになったのは、最初の新型コロナウイルス感染症の症例だと主張された肺炎とみられる武漢の 41 歳男性の場合、ファン・ウーらは“新しいコロナウイルス”よりも、“HIV”や“D 型肝炎ウイルス”の方に共通する一致を、コンピューター上で発見できた可能性があったということなのだ。ウイルス学者が、ウイルスを見つけたいのなら、それはプロトコルをどのように設計し、コンピューターに何を探させるか?にかかっているのだ——ならば、こうした占い師たちは、何を探すべきか?を、どうやって知り得ているのだろうか?

## スティーブン・バスティン教授による PCR パンデミックのお膳立て

科学者というのは、自分たちの関心事以外の分野はすべてが真実で、それを頼りにしておけばいいと思ってしまう傾向がある。

— 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振り返る<sup>(137)</sup>

---

<sup>(137)</sup> David Crowe の感染神話, 「RT-PCR の簡素化」, 2020年4月21日: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc>

新型コロナウイルス感染症という‘パンデミック’の幻想を持続させるためには、症例が必要であった。これらは、世界中に配布された数十億の PCR キットを含む、世界最大の人体‘検査’計画によって生み出されたものだった。「定量的 PCR の世界的な専門家であり、分子技術を臨床と診断の分野で実用的かつ堅実で信頼性の高いツールに役立てることに力を注ぐ研究をしている」<sup>(138)</sup> というスティーブン・バスティンが、PCR プロセスの誤用について、なぜきっぱりと指摘しなかったのか、その理由はいまだ不明である。バスティンは、2009 年に発表された「MIQE ガイドライン：定量的リアルタイム PCR 実験の公表に必要な最低限の情報」<sup>(139)</sup> の代表執筆者であり、その中でリアルタイム PCR 実験のための重要な概念上の考慮事項を以下のように説明している。

1. 2.1 **解析感度**とは、アッセイで正確に測定できる、サンプル中の最小コピー数のことを指す。一方、**臨床的感度**とは、ある疾患を有する個体において、アッセイがその条件下に対して陽性であると特定する個体の割合のことを指す。[後略]
2. 2.2 **解析特異性**とは、qPCR アッセイが、サンプル中に存在す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指す。**診断特異性**とは、特定の病態を持たない個体を、アッセイがその条件に対して陰性であると特定する個体の割合のことを指す。

もし、バスティンが科学に忠実であったというのなら、コーマンおよびドロステンらによる PCR プロトコルが発表された 2020 年 1 月の時点で、PCR パンデミックの停止を呼びかけるべきだった<sup>(140)</sup>。コーマンとドロステンらの論文には、‘特異性’という言葉はたったの一度しか出てこない上に、臨床症状の診断とは何の関係もなく、ましてやウイルス感染など尚更関係がない。論文で主張しているような「2019 年新型コロナウイルスの検出」は一切なく、確立されたのは選択された標的配列を検出するためのアッセイの解析特異性だけであった。それはウイルスの存在を必要としない、合成核酸の技術を用いた試験管内での分子反応の実験であった。それ以上に、PCR の結果が臨床症状にどのように関連しているのかということ、つまり新型コロナウイルス感染症の PCR キットが、ヒト被験者の何かを診断するということが何も証明されなかったのだ。架空のウイルスに基づいて、捏造された病気なのである。

---

<sup>(138)</sup> <https://www.aru.ac.uk/people/stephen-bustin>

<sup>(139)</sup> Stephen Bustin ほか、『MIQE ガイドライン：定量的リアルタイム PCR 実験の公表に必要な最低限の情報』, *Clinical Chemistry*, 2009 年 4 月 1 日 : <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>

<sup>(140)</sup> Victor Corman ほか, “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”, *Euro Surveill*, 2020 年 1 月 23 日 : <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>

問題なのは、特異性についてだけではない。2020年4月、PCRの世界的専門家が、世界中で起こっているような36~37サイクルでコロナウイルスのPCR結果を“陽性”と呼ぶことは、(ウイルス学的に見ても)「全くのナンセンスだ。それは何の意味もない」とデビッド・クロウに対して話したことは、あまり知られていないことだ<sup>(141)</sup>。しかしながら、2021年2月にエリック・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際、PCRの不正行為はさらに明らかになった<sup>(142)</sup>。コッポリーノの意図は、RT-PCRプロセスの問題点である逆転写(RT)のステップについての詳細を知ることだったが、インタビューの後になって、不正確な検査が行われることもあると思っていたものが、実は完全なる不正であったことに気がついて、愕然としたという<sup>(143)</sup>。コッポリーノが、たとえ症状がなくてもPCRの結果が陽性であれば、すべて「感染が確認された症例」と呼ばれていることを指摘すると、バスティンは気まずそうな様子を見せた<sup>(144)</sup>。バスティンは、PCRキットの診断特異性が確立されていないことを認めるのではなく、「ICUは今、患者であふれかえっている」などの的外れな説明をした。

彼はさらに、次のような主張でもって、PCRプロトコルの使用を擁護した。「今回の肺炎は、このウイルスが原因になっていました。それで、このウイルスが現れ始めて、どんどん多くの人々が同じ症状にかかっていきました。だから、これらのプライマーがそのウイルスを検出したわけです」と。コッポリーノが、そうした主張ができるようなウイルスは分離されていないことについて彼を問い詰めると、バスティンはこう答えた。「配列を決定した方法は、最初の患者からサンプルを採取し、ある程度培養してからそれを配列決定して、その後、その配列を逆アセンブルすることで出てきたのがSARSウイルスでした」と。残念なことにバスティンは、ウイルス学の“分離”という言葉の誤用を支持し、“ウイルス”を検出することに関わる用語が不正確であることに支持を寄せた。極めて重大な問題点は、プライマーがどれだけうまく設計されていようが、意味がないということである——PCRによって増幅される遺伝子配列の起源やその意義が不明なのであれば、単にそれがあるというだけの話で、それ以上のことは何も結論づけられないからである。PCRプロトコルが持つ、非常に高い

---

<sup>(141)</sup> David Crowe の感染神話, 「スティーブン・バスティンがRT-PCRについて異議を唱える」, 2020年4月14日:  
<https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>

<sup>(142)</sup> Eric F. Coppelino の Planet Waves FM, 「スティーブン・バスティンへのインタビュー」, 2021年2月1日:  
<https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

<sup>(143)</sup> (エリック・コッポリーノからの私信)

<sup>(144)</sup> Eric F. Coppelino の Planet Waves FM, 「スティーブン・バスティンへのインタビュー」, 2021年2月1日:  
<https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>



潜在的な解析性能については、バスティンも世界に誇れるであろうが、しかし、その診断性能の確立という局面こそが、最も肝心な部分なのである。たとえ仮に、SARS-CoV-2 の物理的存在が証明され、PCR が有効な診断ツールとして認められたとしても、どのタイプの PCR 検査も、彼の MIQE ガイドラインの規定通りに開発されたものではなく、臨床的に検証されたものは皆無であるということ、バスティンは認めざるを得ないだろう。

同じインタビューの中で驚きだったことは、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、百日咳だと誤診されたものが集団発生した際、そこで導入された PCR キットの偽陽性率が 100%の結果になったことについて、彼がそれまでの知識を否定したことである<sup>(145)</sup>。バスティンは、この事実から約 15 年後、インタビューの数日前にコッポリーノのウェブサイトでインタビューのために提供された記事を読んだ時に、それを初めて知ったのだと主張した。しかし、この事件はよく知られており、コッポリーノのウェブサイト上には、インタビューのために用意した記事として、多くの公衆衛生関係者や診断検査の専門家のコメントと共に、ニューヨーク・タイムズでも報道された様子が掲載されていた<sup>(146)</sup>。バスティンは、2006 年までに分子生物学の教授になっていたが、事件が起こった 2006 年に PCR の専門家であった彼が、医療関係者から何の問い合わせも受けていなかったというのは、ささやかな驚きであった。確かに当時は、問い合わせができるような PCR の専門家はほとんどおらず、PCR が臨床診断ツールとしていかに悲惨なまでに誤用される可能性があるかという、初期の兆候にもなっていた。それであっても、まだそんなに最悪にならずに済んだのは、原因と称される微生物（百日咳菌）が物理的に分離できるものであり、その遺伝子配列が PCR を校正するのに確認できるものだったからである。これとは対照的に、SARS-CoV-2 の PCR プロトコルは、単に起源不明の遺伝子断片に合わせて校正されるようになっている。コッポリーノがこの点について問い詰めると、バスティンはこう答えた。「まあ、これは標準的なやり方になりますから。これについては、もうコメントするようなことは何もないのですが。ただ、私にとってはまったく問題ないですし、そういうものだからね」<sup>(147)</sup> と。

---

<sup>(145)</sup> CDC, “百日咳が原因だと誤認された呼吸器疾患の発生—ニューハンプシャー州, マサチューセッツ州, テネシー州, 2004~2006 年”, *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 2007 年 8 月 24 日: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>

<sup>(146)</sup> Gina Kolata, “迅速な検査への信仰が、実際には起きていない流行を引き起こす”, *The New York Times*, 2007 年 1 月 22 日: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>

<sup>(147)</sup> Eric F. Coppelino の Planet Waves FM, 「ステイブ・バスティンへのインタビュー」, 2021 年 2 月 1 日: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

バスティンがコッポリーノのインタビューを受けた時点で、彼はすでに「新型コロナウイルス感染症と RT-qPCR による SARS-CoV-2 の診断検査——事実と誤り」と題する論文を共著者として提出しており、それがその後の 2021 年 2 月に発表された<sup>(148)</sup>。この論文の中で、バスティンと共同研究者は、次のように述べている。「コーマンとドロステンらのアッセイは有効であり、特異的であり、これに関わった科学者たちの卓越した知性と無視無欲さが実証されたのと同時に、PCR に基づく検査法が驚くべき速さで開発され、実用化できることが実証された」と。こびへつらいの賛辞の言葉はどうでもいいとして、明らかに疑問なのは、何に対して特異的なのか？ということである。バスティンとその仲間たちは、PCR 検査が次のようなものに特異的であるとでも言いたいのだろうか？ (a) 短い配列の標的 RNA、(b) SARS-CoV-2 として知られるコロナウイルス、(c) COVID-19 として知られる WHO が捏造した病気。コーマンとドロステンらの論文では、選択された RNA 配列を増幅するための解析特異性を確立したに過ぎず、ウイルスの確立や病気の診断とは何ら関係がないものであった。科学的に確立されたのは、上記 3 つのうちの最初の 1 つだけであり、臨床応用の目的としては実証されておらず、そうなったことも一度もないことを、MIQE ガイドラインの作成者ならば間違いなく知っているはずである。それでもなお、彼の論文では「PCR 検査は、これまで実施された何百万もの検査によって日々実証されているように、大規模検査に非常に適している」と、とんでもなく非論理的な推論を展開している。バスティンは、この“検査”が単なる分子増幅装置であることを忘れてしまったのだろうか？ PCR の発明者であるキャリー・マリス博士は、「PCR の誤用というのは、できないと思う。でもその結果であるとか、その解釈についてはそう、[誤用される]」と 1993 年に警告していた<sup>(149)</sup>。

PCR は、単に選択された遺伝子配列を増幅するだけであって、分子反応自体には、その起源やその存在の関連性を決定する能力はない。特定の PCR プロトコルが正しく実行され、100%の解析感度と特異性がわかっている場合、陽性の結果は、ただ標的配列の存在を確認した以外の何ものでもないと言える。しかしながら、もし PCR が診断ツールであると主張するのであれば、その検査が臨床の現場に導入される前に、臨床的に検証する研究が行われる必要があることは明らかであろう。コーマンとドロステンらの論文では、これらの工程を飛ばしており、WHO は論文がまだ発表されてもいない 2020 年 1 月 13 日と 17 日に、この

---

<sup>(148)</sup> Stephen Bustin ほか、「新型コロナウイルス感染症と RT-qPCR による SARS-CoV-2 の診断検査 — 事実と誤り」, *Int. J. Mol. Sci.*, 2021 年 2 月 28 日: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/5/2459>

<sup>(149)</sup> David James, 「PCR 開発者の言葉 “それは病気が分かるとかいうようなものじゃない”」, *off-Guardian*, 2020 年 10 月 5 日: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

PCR プロトコルのバージョンをウェブサイトに掲載していた不正を認めた<sup>(150)</sup>。それ以後 PCR は、人々の“感染”の診断についての主張をするためだけに、循環論法を介して利用されるようになってしまった。

パンデミックと称するものの初期段階における次なるフェーズでは、オーストラリアの感染症専門家であるサンジャヤ・セナナヤケ准教授のような“エキスパートたち”が、検査の正確さについて根拠のない主張を大衆に広めていった。2020年4月26日のインタビューで、彼は新型コロナウイルス感染症の検査について次のように述べた。「これを比較するための真のゴールドスタンダードは存在していない。[中略] 新型コロナウイルス感染症については、ゴールドスタンダードの検査がないために、現在のところ我々が使用している検査は PCR 検査となっている。[中略] それで、我々のゴールドスタンダードになるわけだが、これをうまく利用しようとすると、おそらく 70%程度の症例をピックアップするものだろうと考えている」と<sup>(151)</sup>。セナナヤケは、ゴールドスタンダードがないならば、新しい PCR 検査自体がそれを検証できると見なせばよいと示唆したわけだ。しかしながら、これは検査法の検証に関するすべての学識に反するものだ。こうして確たる検証論理の原則から逸脱していきながら、彼がどうやって“約 70%”の確率でそれがうまく利用できると計算したのか？は不明である。もちろん、70%の確率でしか検知できないものを“ゴールドスタンダード”だと言っている斜め上の思考回路については触れるまでもない。ここでは、彼がうっかり認めてしまった発言、新型コロナウイルス感染症の検査に「真のゴールドスタンダードは存在しない」という点に同意するところである。なぜなら、本当のゴールドスタンダードとは、存在しないもの——つまりウイルス粒子の物理的分離と証明だからである。

WHO は、ゴールドスタンダードがないことや、ウイルスのエビデンスがないことなどには気にも留めず、新型コロナウイルス感染症の症例というのは「臨床徴候や症状に関係なく、検査室（2020年では通常 PCR）にて新型コロナウイルス感染症の感染確認ができた人」のことであると表明することで、PCR の不正を確固たるものにしていった<sup>(152)</sup>。彼らは、この

---

<sup>(150)</sup> Victor Corman ほか，“リアルタイム RT-PCR による 2019-nCoV の診断検出”，WHO，2020年1月17日：  
[https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2)

<sup>(151)</sup> ABC ニュースの「The Virus」で Jeremy Fernandez のインタビューを受ける Sanjaya Senanayake，2020年4月26日：  
<https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

<sup>(152)</sup> WHO，“WHO の新型コロナウイルス感染症における症例の定義”，2020年8月7日：  
[https://web.archive.org/web/20200830173812/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance\\_Case\\_Definition-2020.1](https://web.archive.org/web/20200830173812/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1)

一文の中で、臨床的な正当性が未検証なままの PCR 検査が 100% の診断特異性を持っていると宣言し、徴候も症状もない人たちを巻き込むために、“感染”という言葉の意味を馬鹿らしいほどにねじ曲げている。「感染：infection」という言葉の語源は、「汚すこと」を意味するラテン語の *inficere* に由来している。2009 年版のモズビー医学事典では、感染の定義を以下のように述べている。「(1) 複製および増殖する病原微生物が宿主の体内へと侵入し、局所的な細胞傷害、毒素の分泌、または抗原抗体反応によって宿主に疾病を引き起こすこと。(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疾病。<sup>(153)</sup>」この著者は、微生物というものが病原性であるとは表明していない。しかし、‘感染’という言葉の持つ明確な意味とは、疾病状態に関連するものなのである—— そうでない話をするのならば、「片利共生」<sup>(154)</sup> といった言葉を使うべきだ。WHO は、‘パンデミック’<sup>(155)</sup> について道理に反した新たな定義を生み出し、今や感染という定義まで覆そうとしている——それは、PCR の結果だけを単独で利用することで、病気という概念から切り離してしまうものである。キャリー・マリスが PCR のことを「何かから、大量の何かを作るためのプロセスに過ぎない」<sup>(156)</sup> と言った時、これ以上ないほどに分かりやすく表現したものだ。残念なことに、コロナ時代を迎え、ウイルス学者が分子を製造するツールを使って、さまざまな根も葉もない主張をすることを、バスティンやセナナヤケのような影響力のある大物たちが支持してきた。そこには、新しい感染症を診断するための性能と、ウイルスだと主張するものを検出する性能、ともに正式には確認の取れていないものが盛り込まれているのだ。

注目すべき点は、PCR に関する偏った誤解が、増幅プロセスを始める前から始まっているようであることだ。例えば、PCR 用のサンプル調製に使用されるロシュ社の“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 を迅速に分離します」と記載されている<sup>(157)</sup>。提供されている製品情報からは、このキットが

---

<sup>(153)</sup> Mosby's Medical Dictionary - 8th edition (モズビー医学大辞典—第 8 版), 2009 年, Elsevier 出版.

<sup>(154)</sup> メリアム・ウェブスター辞典では、片利共生のことを「2 種類の生物間において、一方が他方を傷つけたり利益を与えたりすることなしに、他方から食物やその他の恩恵を享受する関係」と定義している：  
<https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (2022 年 5 月 14 日アクセス).

<sup>(155)</sup> Ron Law, “WHO とインフルエンザ・パンデミックの‘陰謀’への迅速な回答, 2010 年 6 月 6 日：  
<https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic>

<sup>(156)</sup> David James, 「PCR 開発者の言葉 “それは病気が分かるとかいうようなものじゃない”」, *off-Guardian*, 2020 年 10 月 5 日：  
<https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

<sup>(157)</sup> Roche 社, “ハイピュア ウイルス RNA キット— 製品番号. 11858882001”：  
[https://web.archive.org/web/20220511055249/https://lifescience.roche.com/en\\_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html](https://web.archive.org/web/20220511055249/https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html)



どのようにしてサンプル中に存在する諸々の RNA から、ウイルス RNA だと主張されるものを分離するのは不明になっている<sup>(158)</sup>。このプロセスには“ポリ (A) キャリア RNA” 添加結合の工程が含まれているが、ポリアデニル化された配列というのは非特異的<sup>(159)</sup>なものであるし、その次に続く緩衝液による処理と遠心分離の工程においても RNA の起源を識別することなどできないだろう。それにもかかわらず、“プロトコル”のセクションでは、最終産物は「精製されたウイルス RNA」<sup>(160)</sup>であると明言しているのだ。こうして、この根拠のない主張を信じた人は誰もが、その後の RT-PCR の結果が陽性であれば、それがウイルスの科学的根拠だと考えてしまう。これと同じことが、ロシュ社の“ハイピュア・ウイルス核酸キット”にも言える。このキットは、ナ・ジューやペン・ジョウらのチームが、患者の検体や細胞培養実験で 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。ロシュ社はまたしても、この“プロトコル”のセクションで説明する手順の中で、「精製されたウイルス核酸」が得られるという虚偽の記載をしている<sup>(161)</sup>。

ちなみに、ロシュ社によるこの主張について、バスティンは具体的に次のような質問を受けている。「このキットは、ウイルス核酸を他のものと識別できるようですね。ウイルス核酸には科学的に特有の性質があるのでしょうか？」と。彼は、それにこう答えた。「抽出プロセスは特定の核酸に対して特異的ではありませんが、核酸の種類には特異的である可能性があります。キットによっては、DNA や RNA を選別して抽出できるものもありますが、このことは抽出後のサンプル中にはあらゆる DNA や RNA が存在している[筆者はここを強調]ことを意味しますね。[中略]そして次に、少量だけ抽出された物が PCR 反応にかけられるわけです。これが特異性というものになりますね。」<sup>(162)</sup> つまりバスティンは、ロシュ社による虚偽の主張を説明しようとはせず、核酸の起源についての特異性を、PCR で選択した配列の特異性の話にすり替えてしまうことで、問題を曖昧にさせたのである。これこそ言語を使った手品のようなもので、何も無いところから“ウイルス”を出現させる曲芸である。

---

<sup>(158)</sup> Roche 社, “ハイピュア ウイルス RNA キット— Version: 20, Cat. No.11 858 882 001’ 使用説明書”, 2020 年 10 月 : <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

<sup>(159)</sup> Mary Edmonds, “ポリ A 配列の歴史：形成から因子、機能まで”, *Prog Nucleic Acid Res Mol Biol*, Vol 71, 2002 年 : [https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(02\)71046-5](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5)

<sup>(160)</sup> Roche 社, “ハイピュア ウイルス RNA キット— Version: 20, Cat. No.11 858 882 001’ 使用説明書”, 2020 年 10 月 : <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

<sup>(161)</sup> Roche 社, “ハイピュア ウイルス核酸キット— Version: 20, Cat. No.11 858 874 001’ 使用説明書”, 2020 年 10 月 : <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d>

<sup>(162)</sup> (スティーブン・バスティンより、筆者の仲間に送られた私信, 2021 年 10 月 15 日.)

## 第3部

リトル・マウンテン・ドッグ

### “小山狗”——うぶの極みか？ それとも巧妙な心理操作か？

それを信じていなければ、それを見ることもなかっただろう。— アシュレイ・ブリリアント<sup>(163)</sup>

新型コロナウイルス感染症の不正行為において、よくありがちな主張なのが、医学界や科学界の大多数がウイルス学の非科学的な方法論をすべて分かっているながら加担するなどあり得ない、というものだ。筆者としては、そのような仮説を提唱してはいないが、果たして無知が言い訳になり得るのか？そして、無知はいつまで保身に使えるものなのだろうか？実際、本稿の前半に書いた「ウイルス学とは何か？」の中で、「科学的方法が放棄されていることは、末端の関係者にとっては気づかないか偶発的なことであるのかもしれない」と指摘したのもそういう理由だ。新米のウイルス学者たちは、先輩たちの方法論に従うように訓練されており、研究室での活動の基本に異議を唱えては、自分の選んだキャリアの道も、そしてもちろん資金調達の面も、うまくいくはずがない。

2020年1月29日、“ウインジョー・リトル・マウンテン・ドッグ”というハンドルネームで知られる中国のウイルス学者らしき人物が、「最初に新型コロナウイルスが発見された経緯を書いてみる」<sup>(164)</sup>というタイトルの文章を投稿した。この記事には、武漢でその直前の1ヶ月間にわたって何が起こったのか、そして後に‘SARS-CoV-2’と改名されることになるWH-Human 1、別名‘WH-01/2019’を本当に‘発見’したのは誰だったのか？という、真実を明らかにすることを決意した内部関係者の熱いストーリーが綴られていた。新型コロナウイルス感染症の茶番劇で行われた偽装工作を知る者にとって、この文章は明らかに怪しい心理操作の策略の一環である。そうでないならば、この話がどこの研究室から出てきたのか？を比較的簡単に推測できることから、この投稿者は共産主義国家である中国の住民としては極端なほど、うぶに見える。ともあれ、この文章は、語り手が以下の抜粋箇所ですウイルスを発見したと信じている通りの説明として、紹介されるものだ。

2019年12月26日、入社してすぐのこと。まずは、いつものようにここ1日の病原微生物のメタゲノム次世代シーケンシングの自動解析結果をざっと閲覧してみる。

---

<sup>(163)</sup> <https://www.ashleighbrilliant.com/>

<sup>(164)</sup> 「记录一下首次发现新型冠状病毒的经历」, 2020年1月29日：  
<https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101>  
英訳の一例：「最初に新型コロナウイルスが発見された経緯を書いてみる」：  
[https://github.com/flodebarre/covid\\_origin\\_documents/blob/main/2020-01-30\\_LittleDog.md](https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md)

ここで投稿者は、本稿の前章でも述べたような、未精製の患者検体を使ってメタゲノムの次世代シーケンシングを行う研究のことを記述している。この投稿者の文章にある‘ウイルス’というのは遺伝子配列を意味しており、その状況下で検出してコンピューターソフトウェアで構築できるものを説明することをテーマとしている。

意外なことに、あるサンプルから感受性の高い病原体が報告されている—— *SARS* コロナウイルスだ。数十本の配列がある中で、このサンプルにだけこんな特別な意味を持つ病原体があるのだ。

未精製の試料から検出された多種多様な配列から、“病原体”という報告をしてくるというのは、信じがたいほどの飛躍であり、これはどうやらコンピュータープログラムによってそれを立証できるという根拠に基づいているようだ。それだけでなく、コンピューターが“*SARS* コロナウイルス”を発見したことで、どういうわけか臨床症状である‘重症急性呼吸器症候群’に関連していることまで分かってしまうというのだ。

[前略] この病原体は、コウモリ由来の *SARS* 様コロナウイルスに最も類似しており、全体的な類似度は約 87%、そして *SARS* [*SARS-CoV-1*] との類似度は約 81% である。アライメント中の配列数は、数十から 500 以上にも増加している。さらに、5 つのコンティグがアSEMBルされ、その合計は 1200 塩基対を超えている。現時点では、基本的にこれがコロナウイルスであることが確認できる。[中略] このような緊急事態では、文献を調査する時間もないし、手元にあるデータも少ない。[中略] さらに私たちは、数千ものコロナウイルスゲノムを片っ端から解析していき、類似性、カバレッジ、さらにはゲノム分布の観点からも評価し、そしてとうとう最も類似性の高い 2 つのゲノム、*bat-SL-CoVZC45* と *bat-SL-CoVZXC21* を発見した。

そう、この通りなのだ。ウイルスの存在を“確認できる”というのは、いくつかの新しいコンピューター・シミュレーションによるアSEMBリと、それ以前に遺伝子データベースに提出されていた他のコンピューター・シミュレーションのアSEMBリとの比較に基づいているわけだ。続いて投稿者は、次のステップとして、それらの系統樹の解析と、ウイルス学の架空の系図に新しく追加された進化の道筋を構築する説明へと進んだ。そこには、ウイルスが特定の生物学的特性を持つ個別の粒子として、物理的に実在しなければならないという事実を認識することが完全に欠落している。しかもそれは、宿主に感染し、病気を引き起こす能力を持っていないなければならないのだ。この投稿者は、ただ単に「解析では、基本的にこの患者のサンプル中に確かにウイルスが存在すると確認できた」と断言しただけである。その

後の文章で、彼らは臨床的な病原性については若干の注意を促しているようだが、それでもなお、次のようなさり気ないコメントを添えて、ウイルスの存在を確信している。「このウイルスによって肺炎が引き起こされたのかどうかについては、私たちは分析しなかったし、分析することもできなかった。ウイルスが検出されたからといって、このウイルスによって肺炎が引き起こされたということの意味するわけではない」と。

*[前略] 12月30日までに、同様の症状の患者がかなりいると聞いていた。[中略] 私がまたひやひやしてきたのは、友人のビジネスマンが、私たちに解析用のシーケンスを貸してくれた時のことだ。解析してみると、それは確かに同じウイルスだった！最初に頭に浮かんだのは、「このウイルスは伝染するのだ」ということ！*

武漢で言われていた、患者を悩ます“同様の症状”というのは、すべて非特異的な呼吸器症状であったことを、この投稿者が知っていたかどうかは定かではない。今日でもなお、新型コロナウイルス感染症は正当に定義された臨床症状ではなく、“確認が取れた”症例というの、単に分子の検出プロセスの結果を指しているに過ぎない<sup>(165)</sup>。また、循環論法と自己言及のプロセスについても、すでに取り上げてきた通りだ。ウイルス学の方法論を通して‘ウイルスゲノム’を創作し、その後、他の場所でほぼ同じ配列が検出されれば、“同じウイルス”が発見された確証を得たと主張するやり方だ<sup>(166)</sup>。

*不安なのは、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ことだ。一方、胸が高鳴るのは、メタゲノム次世代シーケンシングのテクノロジーを通じて、この病原体をいち早く検知し、確認が取れたということ。これで患者が隔離されれば、このウイルスが広範囲に蔓延するのを防ぎ、制御することができるかもしれないということだ。まだ生まれたてのゆりかごの中で、ウイルスを封じ込めてしまうのだ！ [中略] また、今回の新型コロナウイルス事件を経験することで、公衆衛生上の一大イベントに対処する国の能力が大きく進歩することを願っている。[中略] 私の知る限り、このウイルスを最初に発見したのは、私たちだったはずである。というのも、私たちが結果を報告した後で、疾病管理システムが介入し始めたからだ。*

---

<sup>(165)</sup> 「WHOによる新型コロナウイルス感染症の症例の定義」新型コロナウイルス感染症に関する公衆衛生監視を更新しました (2020年12月16日 | COVID-19: 監視、症例調査、疫学プロトコル) : [https://web.archive.org/web/20210706065726/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance\\_Case\\_Definition-2020.2](https://web.archive.org/web/20210706065726/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2)

<sup>(166)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021年11月11日 : <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>



この投稿者が本当に、自分たちが SARS-CoV-2 の最初の発見者で、公衆衛生の専門家にはそうした能力があると信じていたのか、それともこの文章自体が新型コロナウイルス感染症のまた別のプロパガンダとして工作され、“リークされた”ものだったのか、それを判断するのは読者次第となっている。ウイルスなど何も蔓延していなかった。世界中に広まっていたのは、恐怖を除けば、架空の WH-Human 1 の‘ゲノム’と、その配列に合わせて調整された PCR 検査だけであった。これらの検査が却下されていれば、‘パンデミック’は直ちに食い止めることもできたはずだ。しかし、無知な公衆衛生の“専門家”たちは、ウイルス学の反科学を黙認することで、それ以来、新型コロナ詐欺の片棒を担ぐ当事者となっている。

リトル・マウンテン・ドッグは、自分たちの研究所こそ「ウイルスを発見した第一号」だったことを知らしめたかったのだと謳っている。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 データベースに提出した、アクセッション ID ‘EPI\_ISL\_402123’が、そうだったのだ。この EPI\_ISL\_402123 は、ファン・ウーらのインシリコ配列と共に、クリスチャン・ドロステンらのチームによる PCR プロトコルの設計に利用されたものだ（以下の図 8 を参照）。しかし、デビッド・ラズニックが指摘したように、「彼らはウイルスにまったくかすりもしていない」のだ。この事実は、2020年2月初めに

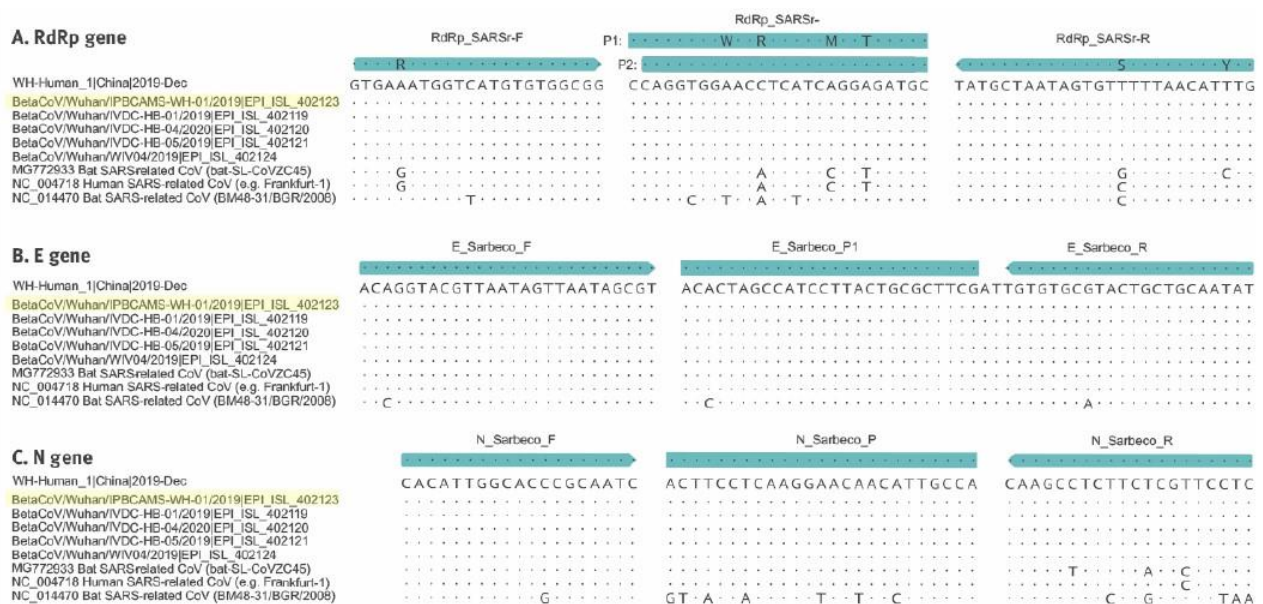


図 8. リトル・マウンテン・ドッグが GISAID に寄託した‘EPI\_ISL\_402123’。コーマンおよびドロステンらの RT-PCR プロトコル用に、ファン・ウーらが寄託した‘WH-Human\_1|China|2019-Dec’と並んで登場したものとなっており、「このアライメント[WH-Human\_1|China|2019-Dec]は、GISAID 上で別途公開された追加の配列によって補完された」と記載されている。出典：「リアルタイム RT-PCR による 2019 年新型コロナウイルス (2019-nCoV) の検出 (図 2)」

主流メディアに流れた“研究所流出説”に皮肉な要素をもたらしている<sup>(167)</sup>。“ウイルス”は、確かに研究室で開発されたものだったが、それはコンピューター室であって、唯一存在したのは意図的に流出されたコンピューター・シミュレーションだけであった。シミュレーションの結果が、デジタルコードとしてインターネットを通じて世界中に配信され、出来上がったPCR プライマーが一斉にキットに採用されたことで、新型コロナ詐欺の“症例”が作り出されたのだ。

リトル・マウンテン・ドッグの物語は、2022年4月22日付のワシントン・ポスト紙に掲載された社説へと続いていた。タイトルは「パンデミックが拡大する中、ある研究者が危険性を察知。中国の指導者たちは沈黙を続けた」<sup>(168)</sup>であった。ワシントン・ポスト紙は、リトル・マウンテン・ドッグが中国南部の広州にある商業研究所「ビジョン・メディカルズ」に拠点を置いていたことを報じ、「彼女の話は、歴史に残るほどの悲劇的な結果をもたらす隠蔽工作があったことを物語っている。深刻な危険性が、手遅れになるまでひた隠しにされていた」と報告した。この社説では、ウイルス学的な主張をすべて額面通りに宣伝しており、そして、皮肉にも次のように述べている。「このエピソードは、パンデミックがどのようにして始まったのかという真相を探るための本格的な調査が必要な理由を、改めて明確にしてくれる」と。このトピックを本格的に調査したならば、今回の“パンデミック”の根底にあるものが、ウイルス学者の捏造をワシントン・ポスト紙のような報道機関が広めたことによるでたらめに過ぎないことが明らかになるだけである。

## “研究所からの流出”という情報攪乱

ここではみな、天然痘のことを、物であり実体であると思い込んでいるわけです。これが、自称“正統派”を支持するほぼ全員が犯している大きな間違いであるわけですが、天然痘であれ、その他の病気であれ、それは実体ではなく状態なのだと言われたら、おそらくそれは新しい知見となるでしょう。— Dr. モンタギュー・R・レヴァーソン, 1909年<sup>(169)</sup>

---

<sup>(167)</sup> 「新型コロナウイルス感染症および SARS-CoV-2 の PCR とメタゲノミクスの年表」：<https://chironreturn.org/>

<sup>(168)</sup> 編集委員会, 「パンデミックが拡大する中、ある研究者が危険性を察知。中国の指導者たちは沈黙を続けた」ワシントン・ポスト紙, 2022年4月22日：<https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>

<sup>(169)</sup> 「ワクチン接種廃止の恩恵の事例となる英国レスター市」*Bridgeport Evening Farmer* 紙, 1909年8月21日発行

2022年5月19日、医学誌ランセットのCOVID-19委員会の会長を務めるジェフリー・サックスは、ニール・ハリソンと共に「SARS-CoV-2ウイルスの起源に関する独立した調査の呼びかけ」<sup>(170)</sup>というタイトルの論文を共同執筆した。この論文では、冒頭から新型コロナウイルス感染症についての状況を、次のような型にはめるところからスタートしている。

*2020年1月に中国の武漢でSARS-CoV-2が同定されて以来、このウイルスの起源が、大衆の憶測と激しい科学論争の的となっている。その2つの主な仮説というのが、ヒトが感染動物に暴露したことによるウイルス発生（“動物由来感染症”）であったのか、それとも研究に関連する事件として発生したのかというものである。*

しかし、このように“2つの主な仮説”があると主張するのも、“SARS-CoV-2が同定された”ことを前提にしているからである。つまりこれは、その粒子が物理的に存在しており、かつウイルスの定義を満たすために必要な特定の生物学的特性を持っているという主張になる。それには伝染性があり、複製可能な細胞内の寄生体として、新型の疾病とされる‘新型コロナウイルス感染症’を引き起こすということである。そのような粒子の存在も、提唱されている新型の病気の存在についても、エビデンスがないというのは「COVID-19詐欺と人類への戦争」でも述べたとおりである<sup>(171)</sup>。さらに、そちらの文献では、2020年初頭に武漢でウイルスが“同定”されたというファン・ウーらの論文と、それらの虚偽の主張に関して、より詳しく解説している。一方、サックスやハリソンのように研究所流出を提唱する者は、ウイルス学の立証もされていない前提を全面的に肯定したところから分析をスタートする。

彼らはこの論文の中で、「コウモリ由来のSARS様コロナウイルスの現場からの採取[中略]と、これらのウイルスの解析と操作」などの側面を挙げ、「現場から採取されたウイルスの完全な配列や、その後の配列決定、またそれらウイルスの操作なども含め、実施された実験の正確な実態は不明なままである」との苦言を呈した。彼らは明らかに、‘コウモリ由来のSARS様コロナウイルス’が、コウモリの腸をすりつぶしたものに過ぎないことを理解しておらず、“病原性”であるとの主張がその汚物を新生仔ラットの脳に直接注射することだという実態を理解していない。このようなサンプルの加工方法は、多少の資金を確保しつつも、素人に対しては感銘を与えられる方法なのかもしれないが、生物学的な現実を変えるようなものではない。彼らが公然と推進する試みにおいても、ウイルスの存在さえ実証できないの

---

<sup>(170)</sup> Neil Harrison および Jeffrey Sachs, “SARS-CoV-2ウイルスの起源に関する独立した調査の呼びかけ”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2022年5月19日: <https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119>

<sup>(171)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19詐欺と人類への戦争”, 2021年11月11日: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

であれば、なにもそう心配することはないだろう—— そもそもウイルスがないのだから、密室の向こう側で何が起っていていようと関係がないのである。

サックスとハリソンは、ウイルス学者が提示した‘SARS-CoV-2 ゲノム’に関して次のように述べている。「FCS [フーリン<sup>(172)</sup> 切断部位] の挿入が自然進化の結果なのか、もしかしたら中間宿主の哺乳類かヒトを経由した組換え現象によるものなのか、あるいは研究所での実験の一環として SARS 様ウイルスに FCS を意図的に導入した結果なのかは分からない」と。彼らはまず、その解析している配列やタンパク質の一つ一つが、病原性ウイルスのものであることを、どうやって立証したのか？を調べた方がいいだろう。ここ数年、議論されている FCS にまつわる込み入った話は、“ウイルスの”ゲノミクスとプロテオミクスという、さらに大幅な欠陥を持つパラダイムの中にある、小さな縮図に過ぎないのだ。

似たようなものとして、ノースカロライナ大学で実施されているとされるウイルス研究や、米国防高等研究計画局に提出された「DEFUSE」のような補助金申請の“リーク”もウイルスの証拠ではない<sup>(173)</sup>。誤解のないように言うと、ノースカロライナ大学などの機関が何十年にもわたってスパイクタンパク質のようなもので実験を行ってきたことに異論はない。これらの配列の中には、特許を取得して注射用の生物学的製剤の開発に使用されたものもあり、最近では、新型コロナウイルス感染症ワクチンと装って、多くの人々に押し付けられているものである<sup>(174)</sup>。しかし、このどれもが、ウイルスの資質を持つ粒子の存在を必要としない。

残念ながら、ウイルス学の書物の主張は非常に複雑を極めており、ほとんどの読者は、その大部分がでたらめであることに気づいていない。サックスとハリソンがその論文を発表した数日後、非営利調査報道団体 *The Intercept* は、「好奇心をかき立てられるウイルス工学説」に絡んでくる追跡調査もやはり進んでいるのだとの見解を示した<sup>(175)</sup>。彼らはラルフ・バリックが携わった、2016年のノースカロライナ大学チャペルヒル校での研究<sup>(176)</sup>について報じ、

---

<sup>(172)</sup> フーリンは、ヒトやその他の動物にも存在するタンパク質分解酵素である。ウイルス学者によれば、SARS-CoV-2 が細胞の中で産生される際、フーリンが細胞外に出ていく前に‘フーリン切断部位’でスパイクタンパク質を切断するとの主張である。

<sup>(173)</sup> Samantha Bailey, 「Gain of Function Garbage」, 2022年1月18日：<https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/>

<sup>(174)</sup> Mark Bailey & John Bevan-Smith, “COVID-19 詐欺と人類への戦争”, 2021年11月11日：<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>(175)</sup> Sharon Lerner, 「ジェフリー・サックスが COVID-19 の研究室起源の可能性の証拠を提示」, *The Intercept*, 2022年5月20日：<https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/>

<sup>(176)</sup> Vineet Menachery ほか, “SARS 様 WIV1-CoV がヒトに出現する可能性”, *PNAS*, 2016年3月14日：<https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.1517719113>



「武漢ウイルス研究所で分離され、特性評価されたコウモリ由来のコロナウイルスのスパイクを使って、科学者らは新しいウイルスを作り出した」と述べている。この記事の執筆者は、ウイルス学者が‘分離’という用語をいかに巧妙に偽りながら使用しているかを理解していないと考えて間違いないだろう。また、本稿 13 ページの図 1 では、武漢ウイルス研究所が“精製されたウイルス粒子”を持っていたとする、でたらめな主張について明らかにしている。これがその後、バリックらによって利用されたと言われ、続いて彼らが「新しいウイルスを作った」ということになったのだ。どちらの研究所にも、異常なサル腎臓細胞培養液以外に、何かがあったという証拠は一切なかった。

研究所流出説は、大衆のイメージの中に新型コロナウイルスが物理的に存在するのだという幻想を維持し続けるための、コロナ時代のシナリオの一つに過ぎない。これも、一般的な病原性ウイルスや、微生物関連の伝染病と同様のものである。ここ数カ月、恐怖に根差したシナリオは、サル痘のアウトブレイク宣言、ロンドンでのポリオ“ウイルス”の検出の主張と続いている。そして新型コロナウイルス感染症の研究所流出説に至っては、世界保健機関の事務局長が命名した幻の病気とパンデミックを支持する形をとって、彼による後ろ盾さえも得たのだ<sup>(177)</sup>。これほどまでに効果的に注目を集め続けられるのなら、今後もさらに“研究所流出”騒動は続きそうだ。

“リトル・マウンテン・ドッグ”のエピソードと同様、研究所流出の騒動もウイルスの科学的な実証に基づいたものではない。いくらかの見せかけのエビデンスを頼りに、ただ単にウイルスが存在するのだという信念のみに依存しているものだ。これと同様の傾向として、2020 年 11 月に、オーストラリアの“国際政策シンクタンク”を名乗るローウィ研究所が、以下のような前置きから始まる記事を公表した。

2020 年 4 月、武漢市中心病院救急科の主任であったアイ・フェン医師は、中国の月刊誌『人物』のインタビューに応じた。彼女は、2019 年 12 月下旬から、通常の治療が効かないインフルエンザのような症状を抱えた患者を、数多く救急治療室に受け入れるようになった経緯を事細かに語った。彼女は、こうした患者の 1 人から最初のウイルスの報告が届いたとき、どれほど“冷や汗をかいたか”を詳しく振り返った。彼女は慌てて報告書に書かれた「SARS コロナウイルス」の文字を丸で囲み、それをスクリーンショットして同僚たちに送ったのだ。彼女の報告は、すぐさま武漢の医学界に広まった。しかし、アイ医師の行動は、病院や当局を動かすどころか、“噂を拡散”して“安定性を乱した”として、病院の懲戒委員会から叱責を受けた。

---

<sup>(177)</sup> Mark Bailey, 「研究所からの流出とその他の伝説」, 2022 年 6 月 28 日 : <https://drsambailey.com/lab-leaks-and-other-legends/>

病院当局は、職員や市民に警告するどころか、職員に対しては個人防護具を着用しないように指示し、また地元の衛生健康委員会からの指示として、パニックを避けるためにも、医師はウイルスに関するメッセージや報告を共有することを禁ずる旨が伝えられた。<sup>(178)</sup>

これは、騙されやすい人にとっては“ウイルス・パンデミック”の始まりを隠蔽しようとする当局の試みのように聞こえるかも知れないが、ウイルス学のでたらめに詳しい人なら、その誤りを直ちに見抜くことができる——この話の土俵には、実際のウイルスは一切必要ない。“ウイルスの報告書”に書いてある“SARS コロナウイルス”の文字を丸で囲むことは、ファン・ウーや他のチームが行ったドライラボでのシミュレーションを根拠にしているだけのことである。

BBC が“内部告発者”<sup>(179)</sup> と称賛したもう一人の医師、リー・ウェンリャンもまた、アイ医師の報告を共有した後、中国当局の検閲を受けたと報じられた。33 歳のリー医師は「武漢市中心病院で勤務中にウイルスに感染した」とされ、その後、新型コロナウイルス感染症で死亡したと主張された。メディア業界とウィキペディア<sup>(180)</sup> による“隠蔽工作”という名の派手な宣伝活動は、これが人類への戦争でなかったのならコメディのようであったろうに。これらのストーリーはすべて、伝染性の“致命的なウイルス”へと引き込んでいく、同じ恐怖のシナリオに向かって帰結していく。それは、この不正行為を拡大させ、将来、同様の不正行為が行われる道を開くことになる。筆者にとって愕然としたことは、‘ヘルス・フリーダム’を唱える数多くのコミュニティが、新型コロナウイルス感染症に関するメディア業界の主張を全く信じない姿勢でありながら、最大の嘘である致命的ウイルスが野放しになっているという宣言だけは信じていることである。

“コロナウイルス”の特許申請書が、ウイルスが存在している証拠になるとの主張に対しては、手っ取り早く対処できる。M・CAM® インターナショナルのデビッド・マーティン博士は、2021 年に同社の活動の一環として、「ファウチと COVID-19 の調査書類」<sup>(181)</sup> を次のように発表した。

---

<sup>(178)</sup> Lydia Khalil, 「デジタル権威主義、中国と COVID」, *Lowy Institute*, 2020 年 11 月 2 日 : <https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-covid>

<sup>(179)</sup> 「リー・ウェンリャン、コロナウイルスで中国の内部告発医師が死亡」, *BBC*, 2020 年 2 月 7 日 : <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795>

<sup>(180)</sup> “Li Wenliang”, ウィキペディア : [https://web.archive.org/web/20220716081451/https://en.wikipedia.org/wiki/Li\\_Wenliang](https://web.archive.org/web/20220716081451/https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang)

<sup>(181)</sup> David Martin, “ファウチと COVID-19 の調査書類”, 2021 年 4 月 : [https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The\\_Fauci\\_COVID-19\\_Dossier.pdf](https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf)

1925年の「窒息性ガス、毒性ガス又はこれらに類するガス及び細菌学的手段の戦争における使用の禁止に関する議定書」(ジュネーブ議定書)に違反している可能性、そして1972年の「細菌兵器及び毒素兵器の開発、生産及び貯蔵の禁止並びに廃棄に関する条約」に違反している可能性を監視している。

“組換えコロナウイルスの製造方法”に関する数多くの特許にかかわらず、またノースカロライナ大学チャペルヒル校の“機能獲得研究の専門家”であるラルフ・バリック博士や彼のチームのような人々への連邦助成金の支給にかかわらず、これらの文書の中には、ウイルスが存在する科学的根拠が何も含まれていない。特許庁の職員や研究助成金を承認する担当者たちは、生物学上の信憑性を決定する立場ではなく、単にウイルス学者らの主張をそのまま推し進めているだけなのである。この書類は、病原性ウイルスに関係する“機能獲得”活動の決定的証拠とはなり得ないものであった。おそらく、これがそうだと考えた人たちは、次のようなマーティンによる冒頭の免責事項を留意しなかったのだろう。「本稿を通して述べる、医学および科学文献で一般に認められている用語の使用については、それらが表明している定説の正否まで含むものではない」と。

## ウイルス学と閉鎖的な社会

私は科学者ではない。しかし、科学者が何を言っているのかを調べてみて、自分自身でそれを分析し、良識のある結論を導き出すことは、すべての国民にとっての権利であり、義務である。私たちの誰もが、そうしたことが十分にできる能力があるし、この問題の科学的性質ゆえに、私たちの選択の自由を科学者の手にゆだねなければならない特別な理由もない。

— サンプション卿, 2020年<sup>(182)</sup>

英国健康安全保障庁(UKHSA)は、彼らの主張する「SARS-CoV-2の分離と配列決定実験」の中で、対照群とされるものの正体を隠すために、これまでに見たこともないようなおかしい回答を返してきた。彼らは2021年10月27日、ウイルス分離に関する情報公開請求について、以下の図9の画像がSARS-CoV-2ウイルスの“証拠”になっていると述べた<sup>(183)</sup>。開示請求をした私の仲間は、コンピューターで作られた画像の出典やその作成方法について何の説明もない情報に、少しも騙されることはなかった。英国健康安全保障庁は、科学をはぐらかし

---

<sup>(182)</sup> Jonny Dymond による Lord Sumption へのインタビュー, BBC Radio 4's *The World at One*, 2020年3月30日。書き起こし：<https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/>

<sup>(183)</sup> (英国健康安全保障庁 Information Rights チームからの電子メール, 「事例参照: 1409 -情報公開請求, SARS-CoV-2 および変異体の精製 (CF)」, 2022年10月27日.)



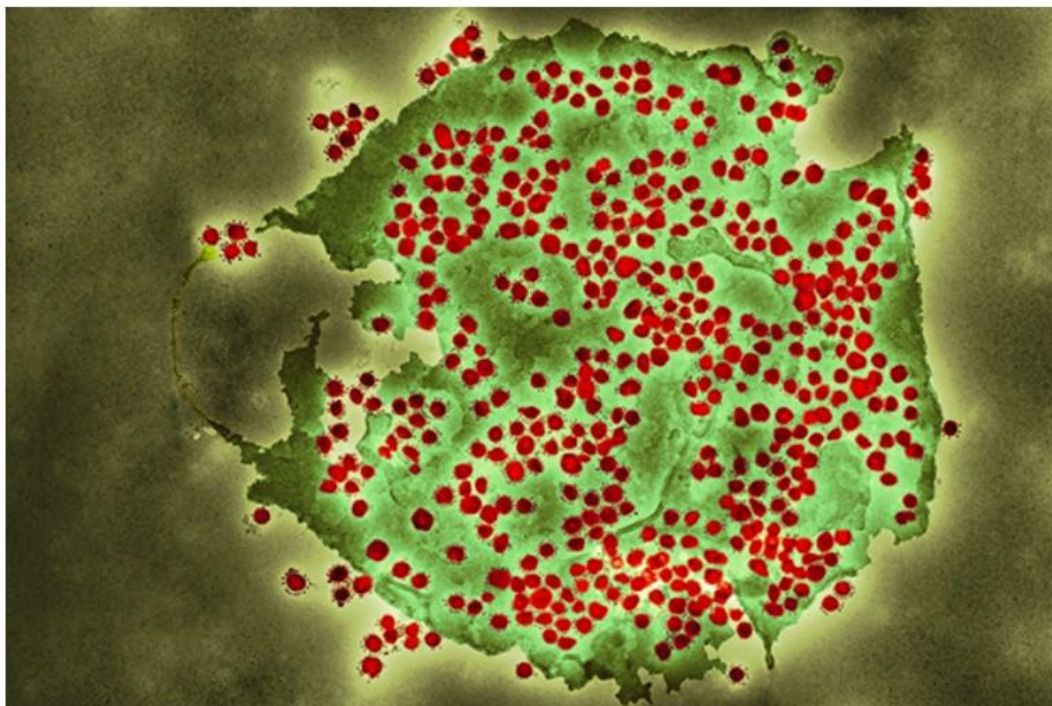


図9. 2021年10月27日の[英国健康安全保障庁](#)による滑稽な主張、SARS-CoV-2の“証明”。

続け、ウイルスについては次のように述べた。「複製するには、宿主細胞の生息環境が必要になります。したがって、どのようなウイルスであれ培地なしで分離することは不可能です。[中略]これらの培地も、また添加される製品のいずれも、すべてが無菌となっており、余分な遺伝物質を含んでいません」<sup>(184)</sup>と。そこに遺伝物質が含まれていないなら、じゃあ何が含まれているのだ！という点を、英国健康安全保障庁がどう考えているのか？については、もはや推測するしかない。CDCと同様、この対応チームもまた、イメージ上のSARS-CoV-2ウイルス粒子の物理的存在が、ナ・ズーらによる論文「中国の肺炎患者からの新型コロナウイルス, 2019年」によって保証されていると示唆しているようである。

私の仲間は英国健康安全保障庁に対し、ウイルスを証明するものが何もないことを指摘し、それゆえに“恐怖を植え付けることで全ての人々を不必要に傷つけ、その権利も一気に剥奪し、倫理的に非難されて当然の不要で有害な治療を強要する”ことで自らも加担していることになるのだと指摘した<sup>(185)</sup>。また、彼らはめげることなく数カ月後に再び英国健康安全保障庁に書面を送り、イングランド公衆衛生庁による論文「2020年1月から5月までの英国のCOVID-19症例における感染力の持続期間とRT-PCRサイクル閾値との相関関係」<sup>(186)</sup>で用いられた方法論である、細胞培養実験と比較対照群の全容についての開示請求を

<sup>(184)</sup> (英国健康安全保障庁 Information Rights チームからの電子メール, 「事例参照: 1409-情報公開請求, SARS-CoV-2 および変異体の精製 (CF)」, 2022年10月27日.)

<sup>(185)</sup> 英国健康安全保障庁への電子メールより, 「事例参照: 1409-情報公開請求, SARS-CoV-2 および変異体の精製 (CF)」, 2022年10月27日.



行った。2022年3月25日付の英国健康安全保障庁からの回答書には、コロナ詐欺の中核をなす“ウイルス培養”の不正の詳細を開示しようとしないう WHO と国民主権国家による悪巧みが見られ、また SARS-CoV-2 を“危険性の高いウイルス”と表現してしまう英国健康安全保障庁の深刻な無知の側面が露呈する内容ともなっていた<sup>(187)</sup>。

同法、第1条(1)(a)に従って、英国健康安全保障庁は、開示請求のあった上記の質問に関する情報を保有していることを確認しております。しかしながら、開示請求された情報は、第24条(1) - 国家安全保障の適用除外に基づき、開示が免除されております。第24条(1)では、国家安全保障のために、第1条(1)(b)の免除が必要であれば、情報開示が免除されると規定されています。ここでいう「必要」の解釈としては、免除の適用が合理的に欠かせないことを意味します。[後略]

免除の行使を裏付ける要因としては、以下が挙げられます。

- 情報の開示は、非常に詳細な技術情報、専門知識の譲渡に相当します。これは、2020年の世界保健機関 (WHO) によるイングランド公衆衛生庁 (PHE、現 UKHSA) への明確な要請であった、SARSCoV-2 の培養増幅に関する詳細を公開したり、大々的に入手可能にしたりしてはならないという求めに、真っ向から違反することになります。
- この開示は、危険度の高いウイルスに指定されているウイルス増幅に用いられた厳密な方法論の詳細を開示することにあたり、封じ込めレベル3が要求されるものとなります。これが、もし不特定多数の、あるいは素性の明らかでない一般人や悪意のある第三者に提供された場合、封じ込めレベル3を必要とし、国家および世界のバイオセキュリティに脅威を与える可能性があります。
- この開示は、状況次第ではバイオセキュリティ上の脅威となりうる、重要な“ノウハウ”という能力を提供することになります。<sup>(188)</sup>

私の仲間はこの判断に対する見直しを求めたが、2022年5月3日、英国健康安全保障庁は、細胞培養実験の詳細を提供するという“情報開示によって、国家安全保障上の脅威がより深刻になる”ことを口実に、この判断を支持することを表明した<sup>(189)</sup>。それらの実験の方法論

---

<sup>(186)</sup> Anika Singanayagam ほか、「2020年1月から5月までの英国の COVID-19 症例における感染力の持続期間と RT-PCR サイクル閾値との相関関係」, *Euro Surveill*, 25(32), 2020年8月13日: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

<sup>(187)</sup> 英国健康安全保障庁は、「2020年3月19日をもって、英国では COVID-19 は重大な影響をもたらす感染症 (HCID) とはみなされなくなった」と自ら宣言していた: <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

<sup>(188)</sup> 英国健康安全保障庁からの書簡、「25/01/2022/ag/2334, Re: 情報公開法: SARS-CoV-2 分離および配列決定実験のコントロール」, 2022年3月25日: <https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf>

の詳細を伏せておくことが、なぜ英国の“国家安全保障”の取り組みにとって不可欠なのかは不明である。ウイルス学者が有効な対照実験を行っておらず、“ウイルスの分離”という彼らの主張が科学論文では立証されていないことが明るみに出ているのだ。行政当局は、公式にそれを認めてしまうと、不正なウイルス学の実験に端を発した主張に基づいて遂行された犯罪に、より幅広い層の国民が気づいて暴動が起こるのではと懸念しているのだろうか？ バイオセキュリティを理由にこの情報の一般公開を公式に妨害しているが、“危険性の高いウイルス”の存在を証明できない以上、話が矛盾している。

英国健康安全保障庁の対応で、愚の骨頂であったのが、ワクチン・公衆衛生担当の国務次官 マギー・スループからの回答であろう。スループは 2022 年 6 月 27 日、同僚のレイチェル・マスケル下院議員に宛てた電子メールの中で、次のように述べていた。

「英国健康安全保障局 (UKHSA) は、新型コロナウイルス感染症において、コッホの原則を適用していません。なぜなら、それはあまりにも限定的で、因果関係よりも関連性を示すものだからです。コッホはまた、無症状の病原体保有者を発見した際、自身の仮説を取り下げてもいます。ウイルスと疾病を関連付ける場合は、ブラッドフォード・ヒルの判定基準の方が一般的に使用されています。しかしながら、動物モデルを用いた以下の論文で実証されているように、SARS-CoV-2 はコッホの原則を満たしていることを留意しておくべきです。」<sup>(190)</sup>

本稿のこのセクションの冒頭でも述べたように、仮説上の微生物の存在がいまだかつて立証されたことがないというのに、その原則が満たされると主張するのは荒唐無稽である。それに加えて、スループが言及した 2020 年の論文というのは、「ヒト化 ACE2 トランスジェニックマウスにおける SARS-CoV-2 の病原性」のことである<sup>(191)</sup>。この論文は、サンプル中にウイルスが存在することを証明などしていないし、有効なコントロールもなく、コッホの原則には従っておらず、またその他の不正行為の側面も露呈しているものだ<sup>(192)</sup>。しかし、スループの主張によると、別の研究<sup>(193)</sup>では「SARS-CoV-2 に初めて接触した時点から、感染を経て、ウイルスが排除されたと見られる時点までの新型コロナウイルス感染症の疾病の経過が立証

---

<sup>(189)</sup> 英国健康安全保障庁からの書簡、「01/0422/ag/005, Re: Case ref 2334 -情報公開法: SARS-CoV-2 分離および配列決定実験のコントロール」, 2022 年 5 月 3 日。

<sup>(190)</sup> Maggie Throup 下院議員から Rachael Maskell 下院議員への電子メール, Ref: ZA50772, 2022 年 6 月 27 日 : <https://www.parliament.co.uk/question/315/coronavirus>

<sup>(191)</sup> Linlin Bao ほか, “ヒト化 ACE2 トランスジェニックマウスにおける SARS-CoV-2 の病原性”, *Nature*, 2020 年 5 月 7 日 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

<sup>(192)</sup> Samantha Bailey, 「コッホの原則：バイキン学校をドロップアウト」, 2022 年 9 月 8 日 : <https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/>

されている」として、その後もウイルス学のでたらめを宣伝し続けている。繰り返しになるが、その論文は単にサンプル中にウイルスがあると断言しているだけのものであり、有効な対照群も一切なかった。また、この研究のさらなる非科学的な側面については、言うまでもなく他の媒体でも取り上げられており、この論文がプレプリントだった段階で、ViroLIEgyによって包括的に論破された<sup>(194)</sup>。つまるところ、スループのような政治家は、ウイルス学の妄言を意味も分からぬままオウムのように繰り返しているだけであり、それによって有権者たちは無益な状況に置かれ、そして時には、命に関わるような結果を理不尽なまでに被っているのである。

## メタゲノムシーケンシング ——ウイルス学の最後のあがきか？

還元主義者が分子生物学に抱く大志は、それらが生み出す膨大なデータによって、あるいは、それらコレクションの魅力にのめり込むことによってさえも、くじかれる危機に直面しているのだろうか？ — ジョン・マドックス卿<sup>(195)</sup>

配列決定にかかるコストは、2001年当時はメガベース(Mb)あたり5000米ドルを超えていたが、2007年にはMbあたり約500米ドルまで劇的に低下し、その後、2021年半ばにはMbあたり0.005ドルまで急激にコストダウンした<sup>(196)</sup>。それに加えて、2005年頃に次世代シーケンシング(NGS)が登場したことで、ゲノムの配列決定に必要な時間が大幅に短縮されるようになった。2017年の*Biology and Medicine*に掲載された論文には、次のように述べられている。

例えば、ヒトゲノムであれば30億bps [塩基対] で構成されている [中略] サンガーシーケンスを用いたヒトゲノムの配列決定には15年近くの歳月を要し、世界中の数多くの研究所の協力が不可欠であった中、その費用はおよそ1億ドルとなっていた。一方、「454ゲノムシーケンサーFLX」を使った次世代シーケンサーによる配列決定にかかった時間は2ヶ月で、費用はおよそ100分の1となった。<sup>(197)</sup>

---

<sup>(193)</sup> Ben Killingley ほか、「若年成人における SARS-CoV-2 ヒト暴露時の安全性、忍容性、ウイルス動態」, *Nat Med*, 2022年3月31日：<https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/>

<sup>(194)</sup> Mike Stone, 「SARS-COV-2への異議申し立て」, 2022年2月11日：<https://viroliogy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

<sup>(195)</sup> 「木々を介して森を見つける」, *Nature*, 1988年5月5日：<https://viroliogy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

<sup>(196)</sup> 国立ヒトゲノム研究所, 「DNAシーケンシングのコスト：データ」：<https://www.genome.gov/about-genomics/factsheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> (2022年4月23日アクセス)。

<sup>(197)</sup> Mehdi Kchouk ほか, 「シーケンス技術の世代：第一世代から次世代へ」, *Biology and Medicine*, 2017年3月6日：<https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generations-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generation-24326.html>

この論文は、続けてこう述べている。「残念ながら、次世代シーケンシングでは、ゲノムの完全な DNA 配列を読み取ることができず、小さな DNA 断片をシーケンスし、何百万ものリードを生成するのがせいぜいである。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、高性能なコンピューティングリソースを必要とするため、依然デメリットのままである」と。

ウイルス学に関しては、“コンピューティングリソース”より遥かに大きな懸念事項を指摘すべきだ。それは、起源が判明している遺伝物質（ヒト、細菌、真菌細胞など）のシーケンス用に使われる工程が、起源不明の遺伝子断片をアルゴリズム的にアセンブルするものへと変質してしまっていることである。これが、ウイルスハンターたちがウイルスだと主張するものを同定する根拠となってしまっているのだ。ウイルス学者にとっては、コンピューティングリソースは、もはや問題ですらない。というのも、未精製の検体を用いた完全なる反科学的な“ウェットラボ・パイプライン”の方法論から結果を引っ張ってきて、そして、それらの生成されたリードをフィルタリングせずに仮想上の“ドライラボ・パイプライン”とインシリコ・モデルに読み込ませるからである。

配列決定にかかる大幅なコスト削減と、所要時間の短縮が相まって、ウイルス学はさらなる反科学への墮落を加速させているようだ。好き放題にでっち上げられた存在しないウイルスが、偽りの治療介入と奴隷化の口実にされ、人類はそれに対して極めて甚大な代償を払っている状況なのだ。2019年10月に *Critical Reviews in Microbiology* 誌に掲載された論文では、「mNGS [メタゲノム次世代シーケンシング] は、希少な病原体、新しい病原体、検出困難な病原体、また同時感染している病原体を、臨床検体から直接同定する際に優れた性能を発揮する」<sup>(198)</sup> という主張がされた。しかしながら、新しい“ウイルス病原体”を同定することに“優れた性能を発揮する”というのは、やはりウイルス学の循環論法のスパイラルに陥っているため、何の意味もない話である。彼らがその論文に挙げていた“新しい病原体”のほとんどが、“培養に依存しない”というメリットを持つ現代技術だと謳われたメタゲノム次世代シーケンシングから導き出されたウイルスであった。しかし繰り返しになるが、もし誰もウイルスとされるものを培養したり、物理的に分離したりすることができないのであれば、環境試料に含まれるさまざまな遺伝子配列が、どうやってウイルス由来だと主張できるのだろうか？ これまで述べてきたように、武漢の“新型コロナウイルス”というファン・ウーらの発表は、すべてがこのような遺伝子配列を根拠としていたのである。ウイルス学では、

---

<sup>(198)</sup> Donsheng Han ほか, “臨床微生物検査室における mNGS : 成熟への道”, *Critical Reviews in Microbiology*, 2019年11月6日: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1040841X.2019.1681933>





図 10. イルミナ MiniSeq システム— ファン・ウーのチームやその他のチームが、コンピューターによるアルゴリズムを通して 21 世紀にインシリコ“ウイルス”を見つける方法。実際の感染症を引き起こす粒子の存在を立証することなく、ドライラボのパイプライン上で行われる。

この方法論をウイルス粒子の証拠にするべく装い、科学的方法に反した反証可能性のない仮説を持ち込んでいるのだ。

ゲノミクスの工程が専門性に特化し、オートメーション化も進み、患者の臨床診断からコンピューター画面上で生成されるヌクレオチド配列に至るまでの全体像を理解できる人がほとんどいない状況になりつつある。ウイルス学者たちは、ファーストステップの段階で、ウイルスの定義を満たす粒子が存在することを全く証明しておらず、‘ウイルスゲノム’の工程を無価値なものにしている。明らかに彼らは、‘ウイルス性’だと主張している配列がイメージ上の粒子の内部に由来していることを、一度も立証していない。その代わり、このような発表は、共通認識による合意で決定するものだと主張しており、それが‘非ヒト’と分類されるのか、あるいは‘新種’と分類されるのか、以前から遺伝子データバンク上に寄託されていた‘既知のウイルス’配列とどれくらい一致するのか？によってなされるのだという。けれども、自然というのは、人間が創作したシナリオに従うことはないのだ。

メタゲノミクスの技術は、このようなウイルス配列決定における *de novo* という発明を可能にし、ウイルス学のメリーゴーランドを 21 世紀まで回し続けることを許容してしまった。しかし、過去 1 世紀にわたってウイルス学が自らの前提条件を満たすことができなかったことから、今後の未来は、ほぼ間違いなくこのメタゲノミクスの悪用を中心に、あるいは、

少なくとも誤用を中心として、すべてが築かれることになるだろう。最近、複数の組織が有効な対照実験を行っていることを証明できなかったことから、ウイルス・パンデミックが科学的に破滅しかけている兆しだと期待する人もいるかもしれない。彼らが宣伝活動をしていられるのも、この最後の砦となっている不正行為が世間の目から隠されているからこそである。ウイルス学の最後のあがきとしては、正規の科学的証明も時代遅れになったのだという都合のよい主張と共に、メタゲノミクスを‘科学技術の進歩’だと見せかけて宣伝し続け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‘科学技術の進歩’における愚かさについては、科学的方法に則っているかどうかを確認するための簡単な質問ひとつで、大抵は露呈してしまうものだ。たとえば、カナダのチームは 2020 年、新型コロナウイルス感染症にかかっているとされる 2 人の人間から採取した鼻腔スワブから、“SARS-CoV-2 の全ゲノム配列決定”のためのさまざまな技術を比較していると主張した<sup>(199)</sup>。この論文の著者の一人は、カナダのマックマスター大学の生化学・生物医学の准教授であるアンドリュー・マッカーサー博士であった。彼が受けた質問というのが、この方法論を使って、「健康な対照群（健康な人、もしくは PCR 陰性検体）やウイルスを含まない未感染者の上清からも、RNA を抽出しようと試みたのかどうなのか？」という内容であった。それらによっても“SARS-CoV-2 ゲノム”が構築できるものなのか？を確認するためである。この質問に、マッカーサーはこう答えた。「健康な対照群のスワブはなかった。しかし、この研究には、アプリケーション内のライブラリーにネガティブコントロールが含まれていた。すなわち RNA 検体が入っているものではなかった」<sup>(200)</sup>と。確かに、その論文中には‘コントロール’に関する記述が一点だけあり、こう述べられていた。「ARTIC を利用した増幅では、SARS-CoV-2 の RNA 抽出物が入っていないネガティブコントロールのライブラリーが含まれていた」と。ここでもまた、“ウイルス”と主張するものを除いた状態のヒト由来の検体という有効なコントロールが欠けているため、この論文も、ウイルス学のメタゲノミクスのナンセンスの氷山の一角に位置づけられるものだ。彼らの論文では「COVID-19 は、2019 年 12 月に発生した新しいコロナウイルスである重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2 (SARSCoV-2) によって引き起こされる」とも主張しており、皮肉なことに、その引用元は本稿の冒頭で不正を明らかにしたペン・ジョウらの論文となっている。

---

<sup>(199)</sup> Jalees Nasir ほか, “アンプリコンベースのシーケンス、ランダムヘキサマー、およびベイトキャプチャを使用した SARS-CoV-2 の全ゲノムシーケンスの比較”, *Viruses*, 2020 年 8 月 15 日: <https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895>

<sup>(200)</sup> Andrew McArthur からの電子メールより, 2022 年 5 月 31 日: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

## なぜ戦争中にウイルスの存在について問題提起するのか？

筆者は、SARSCoV-2やその他の病原性ウイルスの存在証明について議論することは無意味だと訴える“ヘルス・フリーダム”運動をする多くの人々を目の当たりにし、また彼らとコンタクトを取ってきた。そうした主張の中には、「人道に反する犯罪から関心をそらしてしまう」「さらなる分断を引き起こすのだから戦略的に間違っている」「ウイルスの仮説（あるいは幅広い病原体の“理論”）に異論を唱えるなら、それに代わる理論を提示すべきだ」といった主張に発展したものもあった。このような主張を推し進める人物を列挙する必要はないものの、一例として、英国の研究者であるロジャー・ワトソン博士は 2022 年 3 月に次のように述べている。「サム・ベイリーが、どうしてそのような見解に至ったのかは理解しがたい。パンデミックの管理方法を厳しく批判するのに、ウイルス否定論者になる必要などない」<sup>(201)</sup>と。ワトソンの批判は、ウイルス学の主張を理解もせずにそのまま繰り返しているだけの不勉強な意見であることが露呈した典型例であろう。2020 年の“新型コロナウイルス”の発表を含め、これまでの歴史、反科学的な方法論、ウイルス学者らの見解を幅広く調査し、この不正行為を一般の人々にも分かりやすい言葉で伝える努力をしてきた人たちにとって、私たちの見解は理解しがたいものではないはずだ。

なかには、ウイルス学者と WHO の主張のうち、SARS-CoV-2 が病原性粒子として物理的に存在するという以外は、パンデミックに関することすべてが詐欺だと表明する評論家もいる。彼らは、それら不正の根底にあるものが、同じく不正であることが理解できていないのだ。ウイルスの存在を否定することは、自らのライフワークの大部分に疑問を投げかけるという代償を払うことになり、フリーダム運動をする人々にとっても困難な場合もあるのかもしれない。しかし、調査の途中で都合よくやめたり、現状の知識ではもう無理だという理由でやめたりするべきではない。むしろ、基礎的な“事実”がウイルス学の権威に左右されるなど、重大な過ちである。新型コロナウイルス感染症の不正行為の核心というのは、ウイルス学の主張に基づいているのだ。ウイルス学の虚偽を明らかにすることにエネルギーを向けることは、戦略的な間違いではない。そうしなければ、ウイルス学のでたらめをそのまま放置して新型コロナウイルス感染症の取り組みに対抗することになってしまい、将来に起こる数々の“ウイルス・パンデミック”の扉を開くことになってしまうからだ。不正全体に対して洞察を深めていくことで、伝染病に対する根拠のない恐れを取り除き、揺るぎない自由への道を、より強固なものにすることができるのだ。

---

<sup>(201)</sup> Samantha Bailey, 「ウイルスの教えを広めるコロナの‘懐疑論者’」, 2022 年 3 月 17 日 : <https://drsambailey.com/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/>

## あとがき

このテーマについて、どんなに長々と論文を書いたとしても、「じゃあ、あれについてはどうなの？」という形のさらなる疑問は必ず出てくるものだ。観察された現象を、ウイルスモデルに当てはめようとする衝動は、あらゆるレベルで強力にプログラムされている。本稿の目的は、人間のような生命における諸々の見解やさまざまな病気の原因を説明することではなかった。これまで詳しく述べてきたように、ウイルスの仮説自体が、自らの誤りを証明していることを明らかにできれば十分である。ウイルス学者たちは病原性ウイルスの直接的な証拠を何一つ提示しておらず、代わりに間接的な知見に依存しているが、それらも実験がコントロールされていない性質上、無効なものとなっている。ちなみに、科学的方法を遵守するという事は、これらの現象について代わりとなる説明を提供する義務が生じるということではない——その仮説が一回でも誤りだと証明されたなら、もうそれで終わりだということである。数々の「じゃあ、あれについてはどうなの？」という疑問に対する説明も、すでに他のところで回答済みではあるが、悲しいことに、大多数の人々にとっては、“ウイルス”の誘惑と、利害にまみれた制御不能な利権構造が、作為的な認知の壁となって立ちはだかっている状態だ。この点については、私は自分の思い描く最善の役目を果たせるよう努めると共に、人類が想像上のウイルスの呪縛から根本的に抜け出せるよう、私の寄稿が貢献することを願うばかりである。

*進歩というのは、真理を拡大することではなく、真理を覆っているベールから解放していくことだ。真理は、金の如く得られるものであり、それを大きくするのではなく、金ではないものをすべて洗い流すことによって得られるものだ。 — レオ・トルストイ<sup>(202)</sup>*

## 著者紹介

**Dr. Mark Bailey** (マーク・ベイリー)

MB Ch (内科学学士 および外科学学士)、PGDipMSM (整形外科療法のポストグラデュエート・ディプロマ)、MHealSc (健康科学修士)、以上オタゴ大学

微生物学、医療産業、健康管理の研究者であり、臨床試験を含む医療現場で20年にわたり働いてきた経験を持つ。

この日本語版は、[Moon のにほん語](#)の運営者によって翻訳されました。万が一、原文との間に相違がある場合には、Dr. Mark Bailey による原文の内容が優先いたします。

---

<sup>(202)</sup> 『トルストイの日記』, R. F. Christian 編訳, Flamingo 出版, 1994 年.