

# 新たなクロイツフェルト-ヤコブ病の出現: COVID-19 注射の数日後に発生した ヒト型狂牛病の 26 症例

Jean-Claude Perez, PhD <sup>1</sup>, Claire Moret-Chalmin, MD <sup>2</sup>, Luc Montagnier, MD, RIP <sup>3</sup>

<sup>1</sup> Biomathematics; Luc Montagnier Foundation; corresponding author, [jeanclaudeperez2@gmail.com](mailto:jeanclaudeperez2@gmail.com)

<sup>2</sup> Neurology; Luc Montagnier Foundation; [clmoret@gmail.com](mailto:clmoret@gmail.com)

<sup>3</sup> Virology; discoverer of the human immunodeficiency virus and Nobel Laureate 2008; the website for the Luc Montagnier Foundation is <https://montagnier.net/flm/fr/accueil/>

リュック・モンタニエ医学博士、ノーベル賞受賞者、尊敬する同僚、友人は、この著作の予備稿が完成して間もない2022年2月8日にこの世を去り、彼の共著者たちは、いくつかの事例や新しい情報を追加してこの最新の報告書に引き継いだ。これは、リュックの天才的な才能と精神を表現した、生涯で最も重要な仕事かもしれない。入院中も、彼はこの論文の出版を最も重要視していた。彼は、リュック・モンタニエ財団 *Quai Gustave-Ador 62 1207, Geneva, Switzerland* より名誉を授与された。

## 要約

クロイツフェルト-ヤコブ病は、以前はまれであったが例外なく死に至るヒトのプリオン病であり、正常では数十年かけて進行して死に至る。本稿の付録では、最初の SARS-CoV-2 のスパイクタンパク質および武漢ウイルスから構築された全ての「ワクチン」変異体にプリオン領域が存在することを強調する。SARS-CoV-2 のスパイク中のプリオン領域は、スパイクの残りの部分よりも変異の頻度が 8 倍高くなっているが、不思議なことに、オミクロン株ウイルスではプリオン領域全体が完全に消失する。本文では、2021 年に診断され、Pfizer 社、Moderna 社、または AstraZeneca 社による COVID-19 の注射後平均 11.38 日以内に最初の症状が出現した Creutzfeldt-Jacob 病の症例 26 例を提示する。急速に進行するクロイツフェルト-ヤコブ病の明らかに全く新しい型であるヒトプリオン病の非定型および新規症例の原因となる進行、すなわち病因病理発生(etiotopathogenesis)については、症候性発症の経緯に焦点を当てる。これは既往の観点から考察したものであり、COVID 以前の Creutzfeldt-Jacob 病の典型的な発症と、調査対象となった 26 症例における類似症状の極めて急速な発症を比較したものである。このようなアプローチにより、より急速に発生するこの新しいヒトプリオン病を理解する上で重要となる病因を解明したいと考えている。以前は亜急性で緩徐に発症していた疾患が過去に続いた一連の経過を思い出し、この新しく極めて急性で急速に発症したプリオン病(通常は 2 回の COVID-19 注射の直後に発症する)と比較することによって、これら 26 例の疾患は注射によって引き起こされたと推測するのが正しいと考える。もしそうであれば、それらはおそらく他の多くの症例も引き起こしているが、それらは急速に進行して死に至るため、診断されていない。2021 年末までに、20 名が原因となった注射から 4.76 カ月以内に死亡した。このうち 8 例は 2.5 カ月以内に突然死亡し、この加速型のクロイツフェルト-ヤコブ病の急速な進行が確認された。2022 年 6 月までにさらに 5 人の患者が死亡したが、本稿執筆時点で生存している患者は 1 人のみである。

キーワード: クロイツフェルト-ヤコブ病、CJD の発症、プリオンタンパク質、SARS-CoV-2 の変異株、スパイクタンパク質、COVID-19 mRNA ワクチン、精神神経疾患、COVID ウイルスの進化

## はじめに

プリオンは、独自の生物学的状態を安定的に持続させる、自己鋳型タンパク質の集合体である。1997年のノーベル生理学・医学賞の際には、当委員会はスタンリー・B・プルシナーが主導したプリオン研究のブレークスルーを次のように的確に定義した。

人および動物を侵すクロイツフェルト-ヤコブ病および関連疾患には、脳細胞の変性が関与している。1982年、Stanley Prusiner は感染因子と疑われるタンパク質を分離することに成功した。このタンパク質を Stanley Prusiner はプリオンと呼んだ。彼はプリオンタンパク質の背後にある遺伝子を同定したが、それは健康な人や動物にも存在することを明らかにした。Stanley Prusiner は、プリオン分子は正常なタンパク質とは異なる方法で折りたたまれ、プリオンの折りたたみ構造が正常なタンパク質にも受け継がれることを示した。これが病気の原因である。

プリオンは、非凝集状態から自己テンプレート性の高度に規則化された凝集状態へと切り替わることができるタンパク質である。この性質により、細菌は生物学的状態に安定した変化を与えることができ、その過程で動物やヒトに致死的な疾患を引き起こす。

### COVID-19 SARS-COV-2 および「ワクチン」中のプリオン領域

SARS-CoV-2 ウイルスが産生するスパイクタンパク質の全てにプリオン領域が存在することが示唆されている (Seneff & Nigh, 2021; Classen, 2021b; Tetz & Tetz, 2022)。COVID-19 の注射剤に埋め込まれた SARSCoV-2 スパイクにプリオン領域が存在することは、Tetz と Tetz(2022) によって正式に実証された (図 1)。また、Perez, Lounnas, Montagnier (2021) において、SARS-CoV-2 の武漢株の全ての変異株と COVID-19 ワクチンの全てにこのプリオン領域が存在することが示されたが、この領域はオミクロン株ウイルスでは完全に消失する (この消失の詳細については、本論文の付録を参照)。Massachusetts Institute of Technology (MIT) の Computer Science and Artificial Intelligence Laboratory に勤務するステファニー・セネフ PhD は、同僚の Naturopathic Oncology (オレゴン州ポートランド) の Greg Nigh と共同で、注入検

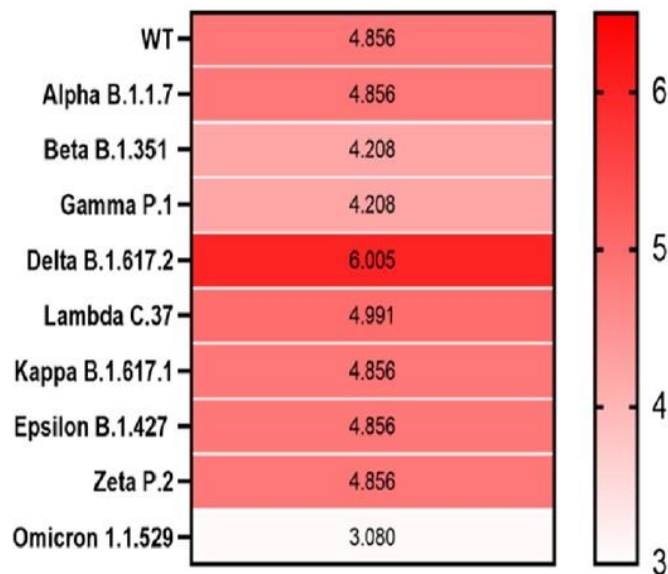


図 1. この図は実際には Tetz and Tetz の図 3 である (copyright 2022, their Figure 3)。SARS-CoV-2 変異株の S タンパク質内の PrD を示すヒートマップ。異なる SARS-CoV-2 変異株間で S タンパク質中に同定された PrD の LLC スコア間の相関を示す。S タンパク質の平均 LLC スコアは、白(最小)から飽和赤(最大)までの範囲のカラースケールを用いて示される。LLC スコアが高いほど、分析されたタンパク質がプリオンである可能性が高いことを示す。

体の mRNA 部分をコードする配列内に「GxxxG signature motif」を同定した。このモチーフはミスフォールディングのリスクを高め、プリオン病の基礎となる毒性のあるオリゴマーを生成すると言われている。著者らはこれを「グリシンジッパーモチーフ」と呼んでいる(2021)。それは、GxxxG として表される、3つの中間アミノ酸によって隔てられた2つのグリシン残基のパターンによって特徴づけられる。特に、狂牛病に関連したウシのプリオンもまた、10個の GxxxGs が連続して発生するという驚くべき連続現象を示している。同様に、SARS-CoV-2 のスパイク膜貫通タンパク質の配列には5つの GxxxG モチーフが含まれている。その結果、遺伝的観点からは、そのような配列がプリオンとして作用する可能性はもっともらしく、ありそうなことである。

**スパイクタンパク質はプリオンの挙動を示す**

ここでより詳細に報告された解析が実施される前から、SARS-CoV-2 注射剤のプリオン領域がスパイクタンパク質にプリオン挙動を引き起こす可能性があることが臨床的に実証されていた(Young et al.,2020;Idrees&Kumar,2021;Kuvandik et al.,2021)。ここでは、Pfizer 社または Moderna 社の注射剤を1回目または2回目の投与で使用した直後にフランスでクロイツフェルト-ヤコブ病が急速に発生した50例が報告される数週間前に分析を開始した26例すべてについて、この記録をさらに詳しく検討する。プリオン病の発症には通常何十年もかかるということを最初から念頭に置いて、ここでは次のような疑問に取り組んでいく。なぜ、またどのようにして、この致死的な疾患が注射後すぐに発症するのか？ここでは、Herrmann et al.(2015)、Seneff と Nigh(2021)、Classen(2021a)、Seneff と Nigh ら(2022)、Kyriakopoulos ら(2022)が多少とも予測しているように、おそらく新しい型のクロイツフェルト-ヤコブ病を取り扱っているのではないかと推測し、この仮説を慎重に検証する必要がある。

我々の知る限りでは、COVID-19 の「ワクチン接種」と、新しく急速に発展しているクロイツフェルト-ヤコブ病との関連性を示した最初の報告は、Kuvandik ら(2021)によってなされた。この報告は、中国の Sinovac ワクチン(CoronaVac,Sinovac Life Sciences,中国北京)の注射を受けた82歳のトルコ人患者に関するものであった。より伝統的でよく知られた緩徐に進行する病型でさえ、極めてまれである。1992年から2019年の間にフランスで診断された Creutzfeldt-Jacob 病はわずか28例であった。そのうちの1例は、2019年に研究技師が死亡した事例で、2010年にプリオンの研究が行われていた研究所で、この致死的な疾患に感染したと考えられていた(SantéPublique France,2021)。その後、2021年の夏には、プリオンの研究が行われていたフランスの公的研究施設で2人目の技術者が死亡した。この2人の死亡と、最初の技術者の死亡に続いて発生した訴訟のため、フランスにおけるプリオンに関する研究はすべて凍結された(Société,Toulouse,Haute-Garonne,2022)。

### COVID-19 の「ワクチン」接種後に発生した新たなクロイツフェルト-ヤコブ病

本稿の本文では、CreutzfeldtJakob 病の急速に進行する新しい型がほぼ自然発生的に出現したと思われる症例26例(表1参照)の説明に焦点を置く。これら26例の症状は、感染者が COVID-19 の「ワクチン」を接種され～最長30日の範囲でばらつきがみられた。これら26症例の疾患進

行の詳細を表 1 に示す。我々の症例は主にフランスからのものであったが(そのうち 23 例),間もなくヨーロッパの他の地域や米国でも新たな症例が発生し、それらは全て Pfizer 社、Moderna 社、または AstraZeneca 社の「ワクチン」の接種後に発生したようであった。以下の本文では、これら 26 症例の症状について、完全に記録された進展と発症時期を分析し、前回のプレプリント版の結果を更新する。また、急速に発症するこの新しい型のクロイツフェルト-ヤコブ病と、これまで同様の症状で知られていたが数週間では発症せず、約 1 年で死に至ることもないはるかに緩徐なプリオン病との驚くべき相違点を図 1-3 に要約する。むしろ以前に知られていた疾患は、約 10 年かそれ以上の潜伏期と、通常死の 6 カ月から 3 年続く症状期をもつ。<sup>12</sup>

## Princeps Case Doyer

新たに急速に発症した疾患の典型的な進行を示す中心的な症例(1 例は他の 26 例と区別されるが、それは夫が彼女のために、また同じ新たな疾患の影響を受けた他の患者のために勇気をもって主張したことによる)は、「Princeps Case D」と呼ばれる人物である。この女性は 72 歳のフランス人女性で、SARS-CoV-2「ワクチン」の 2 回目の接種からわずか 14 日後に最初の臨床徴候を示した。左足背の錯感覚と回転性めまいが生じ、「脳がかすむ」症状、疲労、抑うつが報告され、左の痛覚過敏坐骨神経痛が認められた。前庭 MRI により、進行したアルツハイマー病患者で観察されるような、古代の非常に古い白質梗塞病変に似た所見が明らかにされた。5 日間にわたって Beauvois 病院に入院した後、血液は正常に流れなくなり、一般的な注射器で採血して試験管に採取することは困難になった。帰宅後、新たな臨床徴候が出現した:歩行障害、右下肢の知覚過敏。また、排尿時の夜間灼熱痛も報告した。激しいミオクローヌスがみられ、てんかん発作が疑われた。急速な神経機能の低下が認められた。

American Hospital in Paris の Neurological Department は、Mauricette の Doyer がクロイツフェルト-ヤコブ病に罹患していたと結論した:この診断は、腰椎穿刺、タンパク 14-3-3 などの重要なバイオマーカー、脳波、拡散強調 MRI(dfMRI),および陽電子放出断層撮影(PET)スキャンによる FluidAttenuated 逆位回復法(FLAIR)によって確定されたが、これらは全て陽性であり、全体として非常に高い感度と特異度を有しているため、信頼性の高い妥当なクロイツフェルト-ヤコブ病の診断が可能である。10 週目に、患者は無動、無言、寝たきりとなり、クロイツフェルト-ヤコブ病の典型的な無動性無言症状態を伴う過眠がみられた。その後、不安発作、激越、ミ

<sup>12</sup>154 億人の接種者に接種された 127 億回分の COVID-19 ワクチンと比較すると、26 回分は少ないように思われるが、それでもこの数字は、長年の中心極限定理(central limit theorem)に基づいて全人口に一般化するための信頼できる統計的な概算値となっている(Le Cam,1986;Tate,1965)。

<sup>2</sup>ここで考察した結果の一部は、2022 年 3 月 24 日から 27 日にかけて London で開催された第 16 回 World Congress on Discussion in Neurology(CONy)にて Claire Moret-シャルマン(2022)が著者らに代わって発表したものである。

オクロノスのために自宅で入院し、静脈栄養を必要とし、間欠的な呼吸窮迫に苦しみ、緩和ケアのためにミダゾラムによる治療を受けた。著者らの観察から、この急速に発症するプリオン病患者の生存期間の延長は、Iwasakiら(2015)が説明したような改善的管理法を適用したことによる可能性が高いことが示された。広く報道された M.Doyer の事例では、我々にとって非常に重要な患者であった Princeps Doyer の家族がこの種の処置を実施し、動けなくなったり話せなくなったりした後も継続した。なぜ彼女が我々の研究にとってそれほど重要であったのかを説明するために、また、以下で詳細に考察する他の 26 症例の発見と分析について説明するために、彼女の夫が発表した声明を参照することが有用である。2021 年 10 月 31 日、Marc Doyer は次のように記した。

私は、すでに家族が集まっている VERITY France という団体の活動を支援し、参加することにした。私たちは真実を明らかにすることに尽力しており、私たちの家族が落ち込んでいる暗闇を照らすことを目的とした市民の力を生み出すために、大規模な集会を招集したいという願いを共有している。私としては、妻の Mauricette(Princeps Doyer)が恐ろしい病気(クロイツフェルト-ヤコブ病)で毎日少しずつ自分の半分を失っている。また、COVID-19 France Association の協力を得て、皆様に副作用症例を報告するための独立した国家的なプラットフォームを提供するべく、証言の収集を続けている。関係するすべての家族と同様に、私たちの生活は二度と同じではなくなりますが、真実を求める私の決意は、最後の息が尽きるまで力強く私とともにあります[<https://www.verityfrance.org/marc-doyer-rejoint-ヴァリティ-フランス/>での彼のフランス語による最初の声明を参照]。

Princeps Doyer における病気の進行は表 1 および図 2 において症例 4 として要約されている。

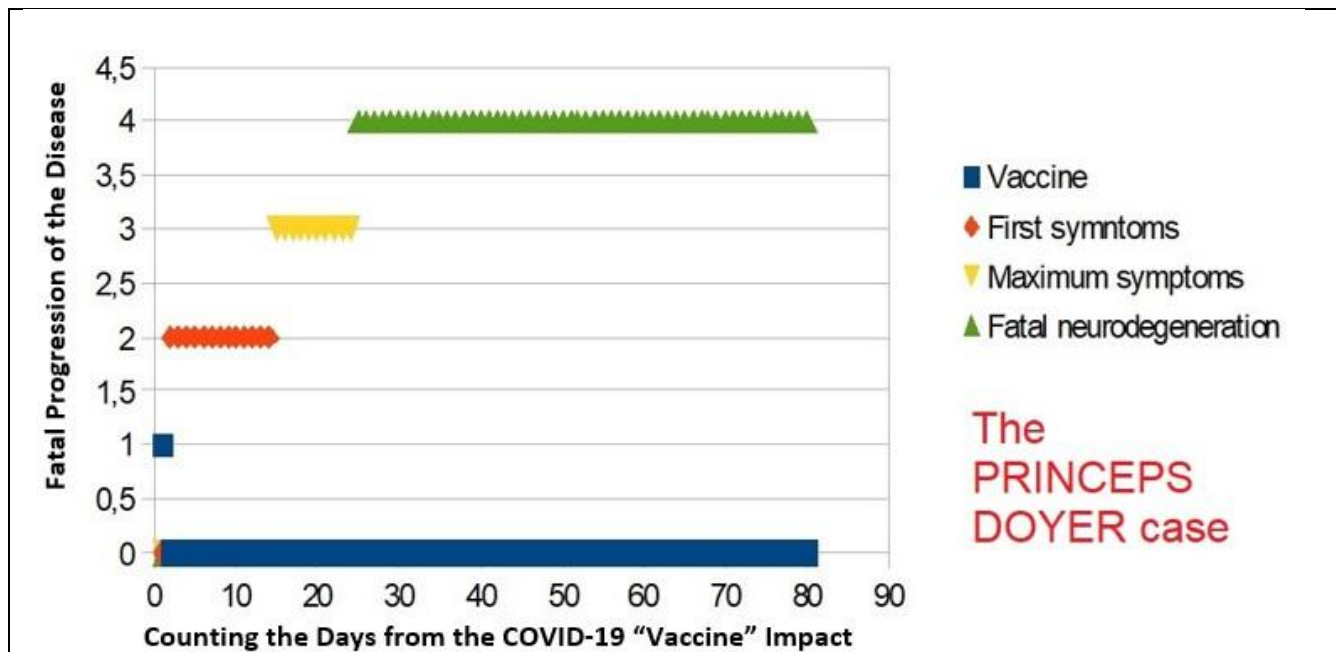


図 2.ここで考察した新しく急速に進行したクロイツフェルト-ヤコブ病の 26 症例のうち、彼女の夫であるマーク・Doyer が特定して選び出した第一の症例は Doyer Mauricette であり、「Princeps Case Doyer」と命名された。マーク・Doyer の妻である。その後、COVID-19 フランス協会(Verity France)に加入した。本稿で取り上げる新しい型のクロイツフェルト-ヤコブ病の症状は、72歳の時点で、Pfizer 社が COVID-19 に注射してからわずか 14 日後に初めて出現した。

2021 年 5 月 5 日に問題となる 2 回目の Pfizer 社製品の投与を受け、わずか 14 日後の 5 月 19 日までに症状が発現した。7 月 5 日には発症からわずか 61 日で重度の症状が出現し、この日に

診断が確定した。その後、致死的な神経変性が進行し、原因と疑われる Pfizer 社製ワクチンの接種からほぼ 1 年以内の 2022 年 5 月 3 日に死亡した。

図 3 に Princeps Doyer の脳スキャンの結果を示す。検査法としては、MRI,PET,脳波(DM),脳MRI(拡散強調画像),Fluid-Attenuated Inversion Recovery(FLAIR),(T2)などがある。検査の結果、左側優位の頭頂葉と帯状回に異常が認められた。FDG-PET では、右半球の代謝低下が右前頭葉および頭頂葉で主に認められた。脳波(図 33 の右下)では、特徴的な 6 Hz のバックグラウンド活動と右半球に 6 秒間持続する 1 Hz の 3 相性周期性スパイクが認められた。脳波の青い長方形の中の重要なパターンは、クロイツフェルト-ヤコブ病の診断を正当化する典型的な証拠を表している。

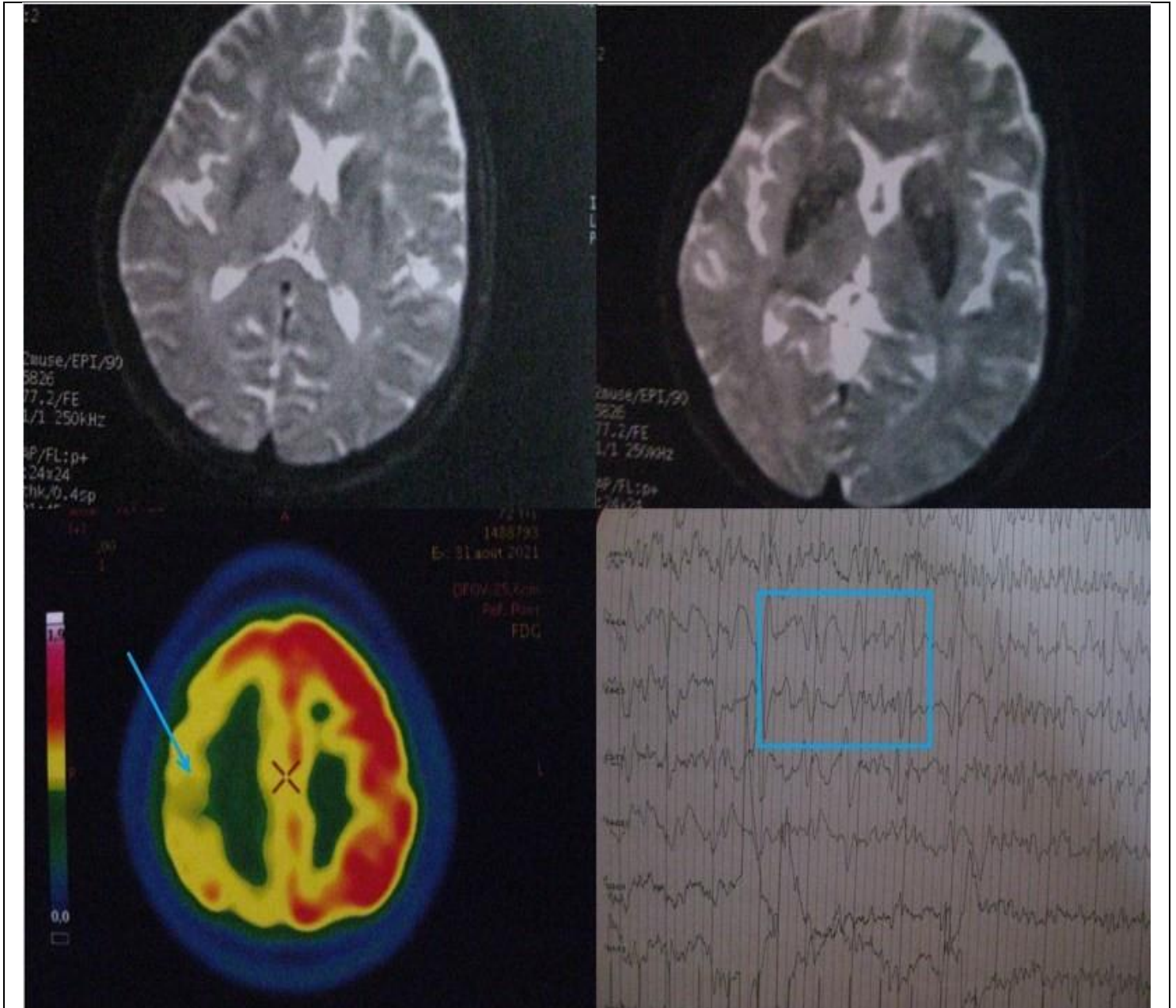


図 3.Princeps Doyer の脳スキャン: MRI 検査、PET 検査、脳波検査(D M),脳 MRI(拡散強調画像),(Fluid-Attenuated Inversion Recovery,FLAIR),(T2)検査で、左側優位の頭頂葉と帯状回の異常がみられる。FDG-PET では、右半球の代謝低下が右前頭葉および頭頂葉で主に認められる。脳波(右下)では、右半球に 6 Hz の背景活動と 6 秒間の 1 Hz の 3 相性周期性スパイクがみられる。脳波の青い長方形はクロイツフェルト-ヤコブ病の典型的な証拠であり、この症例では 6 秒間の 1 Hz の 3 相性周期性スパイクがみられる。

**Table 1**  
**Progression of the Rapidly Developing New Form of Creutzfeldt-Jacob Disease in the 26 Cases Under Study**

Case Number	Days to 1st	Days til Death	Country	Age	Sex	Dose & Source	Date Received	First Symptoms	CJD Diagnosis	Severe Symptoms	Deceased
1	10	76	France, Montpellier CHU	72	M	Pfizer 2nd	20-Apr-21	30-Apr-21	20-May-21	20-May-21	6-Jul-21
2	7	78	France, Bordeaux Pellegrin CHU	52	M	Pfizer 2nd	28-May-21	5-Jun-21	28-Jul-21	28-Jul-21	16-Sep-21
3	1	78	France, Rothschild Foundation	48	F	Pfizer 2nd	25-Aug-21	26-Aug-21	08-Oct-21	9-Oct-21	13-Nov-21
4	14	365	France, American Hospital (Princeps Doyer)	72	F	Pfizer 2nd	5-May-21	19-May-21	5-Jul-21	5-Jul-21	‡ 3-May-22
5	10	56	France, Tours CHU	73	M	Pfizer 2nd	30-Apr-21	10-May-21	07-Jun-21	7-Jun-21	23-Jun-21
6	8	68	France, Nantes CHU	75	M	Pfizer 2nd	18-Mar-21	26-Mar-21	18-Apr-21	8-Apr-21	26-May-21
7	15	113	France, Lille CHU (KJ16)	60	M	Pfizer 3rd	31-Aug-21	15-Sep-21	25-Nov-21	15-Oct-21	23-Dec-21
8	15	78	Israel, Jerusalem	62	M	Pfizer 2nd	22-May-21	7-Jun-21	19-Jun-21	19-Jun-21	10-Aug-21
9	1	187	France, Chambéry Hospital (KJ17)	50	F	Pfizer 1st	10-Jun-21	6/11/2021	06-Dec-21	1-Sep-21	17-Dec-21
10	1	66	Belgium, Charleroi CHU	69	M	Pfizer 1st	8-Apr-21	9-Apr-21	12-May-21	12-May-21	14-Jun-21
11	15	202	Switzerland, Lugano	67	F	Moderna 2nd	22-May-21	7-Jun-21	01-Dec-21	18-Jun-21	14-Dec-21
12	15	72	France, Amiens CHU	70	F	Pfizer 3rd	18-Nov-21	3-Dec-21	11-Jan-22	2-Jan-22	1-Feb-22
13	30	115	France, Cherbourg CHU	77	F	AstraZeneca 2nd	30-Jul-21	31-Aug-21	01-Oct-21	1-Oct-21	25-Nov-21

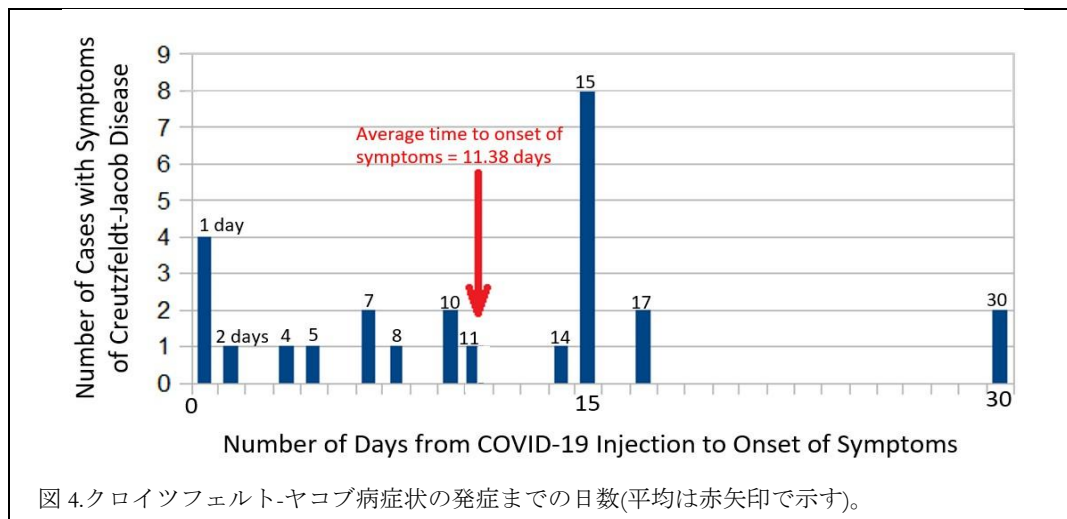


14	5	232	France, Ivory Center Francilien	62	M	Pfizer 1st	6-Jul-21	11-Jul-21	10-Dec-21	still living	‡ 28-Feb-22
15	15	395	France, Salpêtrière Hospital	72	F	Pfizer 1st	7-Jun-21	22-Jun-21	20-Aug-21	11-Nov-21	‡ 12-Feb-22 (palliative care; alive Aug-22)
16	15	210	France, Cahors (KJ10)	72	M	Pfizer 2nd	31-May-21	15-Jun-21	08-Oct-21	8-Oct-21	30-Dec-21
17	15	335	France, Toulouse CHU (Patient 1 4 22)	38	F	Pfizer 2nd	20-Jul-21; 11-Dec-21 Delta	10-Jan-22 (after end COVID)	08-Mar-22	25-Mar	‡ before 22- Jun-22
18	15	370	France, Strasbourg CHU (Patient 2 4 22)	68	F	Pfizer 2nd	15-May-21	30-Jun-21	01-Dec-21	1-Aug-21	‡ before 22- Jun-22
19	17	235	France, Clermont Ferrand (Patient 4 4 22)	75	M	Pfizer 2nd	17-Apr-21	4-May-21	5-Dec-21	15-Sep-21	15-Dec-21
20	7	365	France, Caen CHU (Patient 12 4 22)	64	F	Pfizer 2nd; Moderna 3rd	21-Jun-21; 27-Dec-21	28-Jun-21	21-Aug-21	21-Aug-21	‡ before 22- Jun-22
21	17	210	France, Chateauroux CHU (Patient 15 4 22)	64	F	AstraZeneca 2nd	28-May-21	15-Jun-21	7-Dec-21	20-Nov-21	28-Dec-21
22	30	186	Bordeaux, R. P.	75	M	AstraZeneca	11-Jun-21	11-Jul-21	16-Dec-21	11-Nov-21	17-Dec-21
23	2	276	Chateauroux Saint Antoine	F	78	Pfizer 2nd	1-Mar-21	3-Mar-21	15-Nov-21	1-Jul-21	8-Dec-21
24	11	87	USA (Cheryl C., reported by Redshaw, 2022)	F	64	Pfizer 2nd	25-Apr-21	6-May-21	12-Jul-21	19-Jun-21	22-Jul-21
25	1	142	USA (Carol B., Redshaw, 2022)	F	70	Moderna 2nd	17-Mar-21	18-Mar-21	15-Jul-21	15-Jul-21	2-Aug-21
26	4	150	USA (Jennifer D. S., Redshaw, 2022)	F	60	Pfizer 2nd	21-Sep-21	25-Sep-21	23-Jan-22	24-Dec-21	21-Feb-22

‡ The **bolded** characters represent the 6 patients who were still alive when we first drafted this table in February 2022. We updated their status in August 2022. By that time 5 of the survivors had died. Only one remained alive in August 2022. In our shared professional judgment, we believe this last patient benefited from the antioxidant protocol prescribed by our late colleague, Luc Montagnier.

## 表 1 の全 26 症例の診断に移る

Lemstra ら(2000)は、クロイツフェルト・ヤコブ病の確実な診断法を示した画期的な研究において、112 人の患者の蛋白質 14-3-3 を検査した。クロイツフェルト-ヤコブ病の感度と特異度は、非常に典型的な半陰陽の状況で使用し、症例を調査した場合、感度 97%、特異度 87%であった。クロイツフェルト-ヤコブ病患者における T-tau 値の上昇と T-tau/P-tau 比の上昇の組み合わせも、ルーチンの臨床応用において高い特異度を示す。すなわち、臨床医および研究者は、調査対象の患者においてプリオン病が正確に診断されたことを確信できる。最近開発された RT-QuIC 検査は、ヒトの髄液中のクロイツフェルト-ヤコブ病を高感度かつ特異的に検出することができ、クロイツフェルト-ヤコブ病症例の 11~23%を見逃す可能性があるという事実にもかかわらず、重要な診断ツールでもある(Orrúet al.,2015;Green,2019;Rhoads et al.,2020)。十分な注意を払って、26 例の症例に対して使用した他の診断手順と組み合わせて総合的に適用すると、このような実証済みの方法は、クロイツフェルト-ヤコブ病の症例を診断および認証するための一種のゴールドスタンダードとなる。これらの症例について、疾患の発症と進行



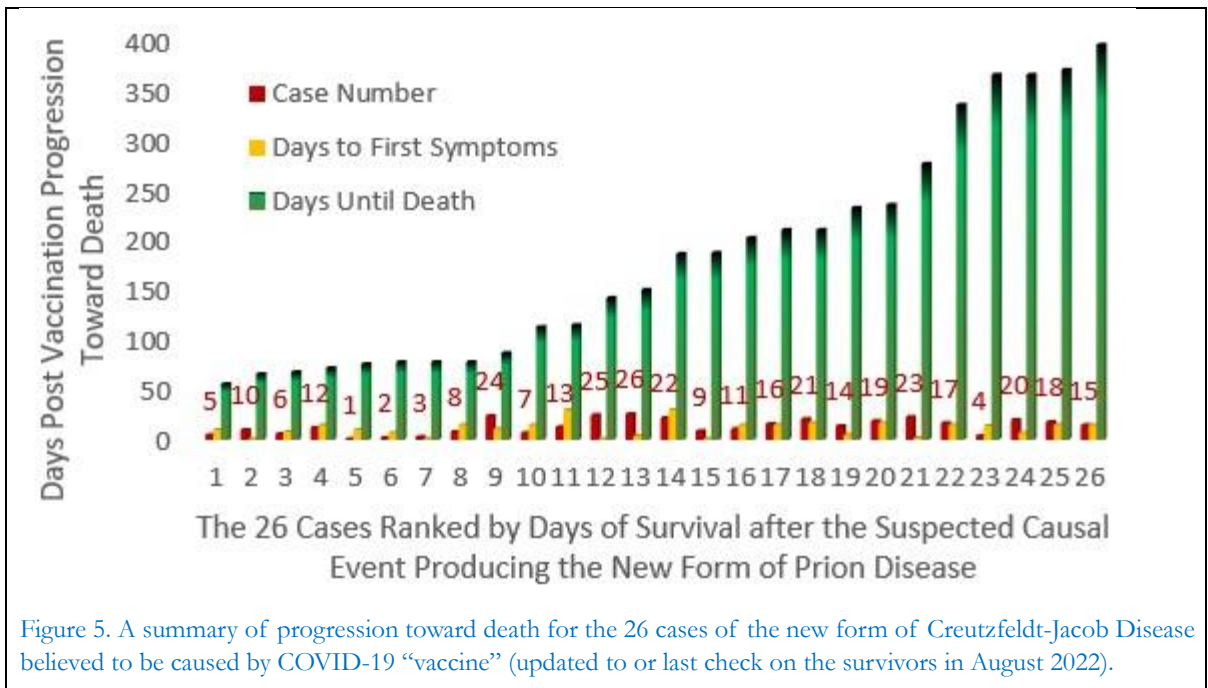
に関する重要な詳細情報とともに表 1 に記載し、それぞれの発症と死亡への進行を特徴づける追跡分析を図 4 と図 5 に示す。

図 4 では、この新種の致死性プリオン病の劇的な発症速度を要約し、図 5 では、この新種のプリオン病が急速に進行して死に至った事例を示している。この新種のプリオン病は、明らかに COVID-19 の「ワクチン」の 1 回または複数回の注射によって 26 例に発生したものである。

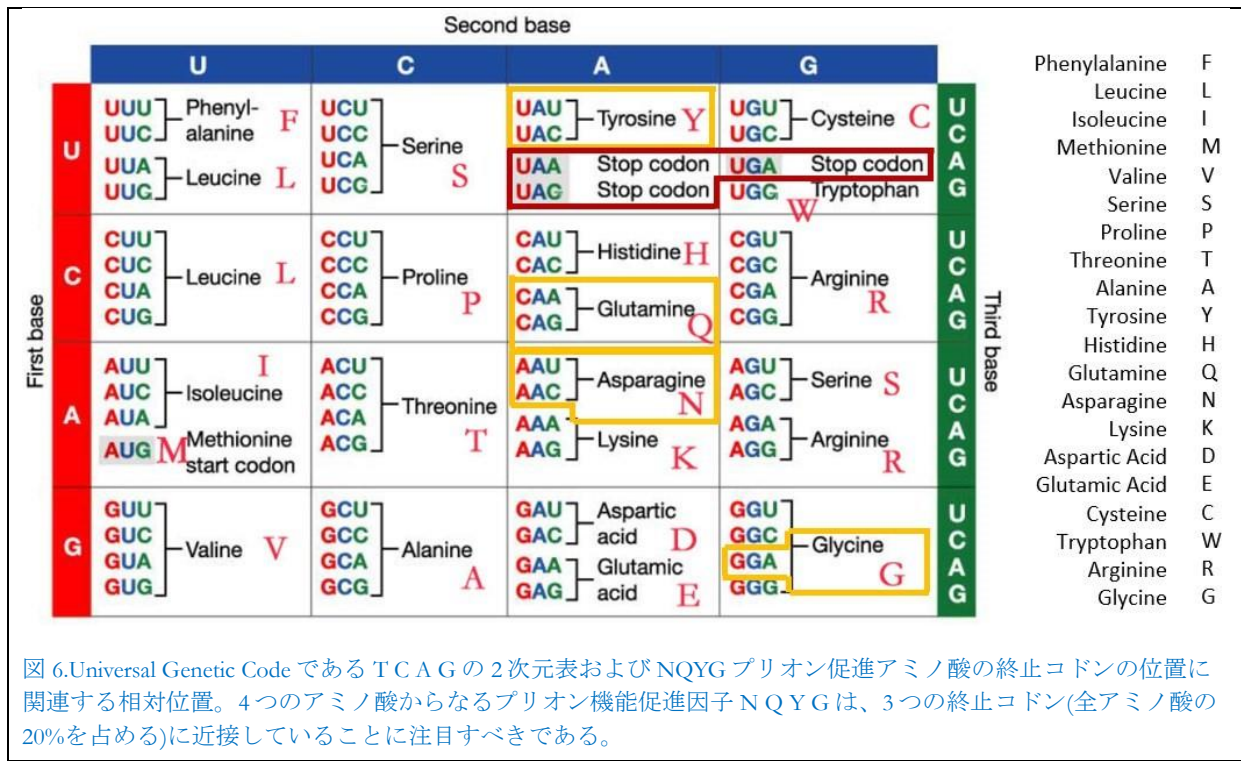
Vaccine Adverse Event Reporting System(VAERS)によると、2020 年 12 月 14 日から 2022 年 4 月 1 日までの間に、COVID-19 ワクチンによるクロイツフェルト-ヤコブ病の症例が 20 例報告され、19 例の死亡が記録された。これらの VAERS の症例の大半は 65~75 歳の年齢層で発生してお

International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research 3(1), 2023 年 1 月 12 日 Page  
<https://doi.org/10.56098/ijvtr.v3i1.66>

り、今回の研究で注目した 26 例と同様に、COVID-19 の注射後数週間以内(多くても 1 カ月以内)に非定型的な症状の突然の発症がみられ、これは今回のデータサンプルの全症例で観察された。ここまで詳細に検討して報告してきた 26 症例の疾患進行を検討したところ、Pfizer 社と Moderna 社が製造した mRNA を接種後に発症した症例では約 2 週間以内に症状が出現する傾向がみられたのに対し、AstraZeneca 社のウイルスベクターDNA 送達システムを受けた患者では、疾患の症状が出現し始めるまでに 30 日もの長い期間を要したことが判明した。



\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っておりません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。



要約すると、解析対象となった26例のうち、クロイツフェルト-ヤコブ病の最初の症状が出現したのはCOVID-19の「ワクチン」を接種してから平均11.38日後であった。これら26例のうち20例は、この記事の最初の草稿の時点で死亡しており、その時点では感染者のうち6例が生存していた。20例の死亡は、注射からわずか4.76カ月後に発生した。このうち8例は2.5カ月以内に死亡した。これら全ては、この新しい型のクロイツフェルト-ヤコブ病の根本的に異なる性質を確認するものであるが、古典的な型の症状は数十年を要する。図5は、生存例が1例のみであった2022年8月に更新されたものである。

プリオンの影響を理解するための可能な道筋

経験的証明をできるだけ間接的に確立するためには、図6で強調したように、よく知られた世界遺伝コードの表からいくつかの事実を検討することによって、議論のこの部分を始めることが有用である。どのように進めるかという考えは、万国遺伝コードに関する2つの観察から始まった。1つは、mRNAコドンからタンパク質を構築する際に避けるべき畏があることである:3つの終止コドンのうちの1つに誤って着地しないようにすることであり、もう1つは、プリオン機能に関与するアミノ酸の20%を占めるアミノ酸N,Q,Y,Gのコドンに注目すると、これらのアミノ酸は、その生物物理学的性質から、他の点では安定なDNAらせんの弱い結合を説明できる可能性が高いように思われる。このことから、遺伝暗号の2次元表から、3つの終止コドンが「穴」のようなものを表し、その付近のヌクレオチドのわずかな変異が問題となるようなトポロジーが得られるという考え方が生まれた。その後、表2に示すように、3つの終

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvzv/>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

止コドンによって形成される"穴"(くぼみ)を基準として4つのアミノ酸NQYGの位置を決定することにした。

我々の直感は幾何学的なものであった。すなわち、遺伝コード表の2次元トポロジー(図6)には、たん白質のエンドコードに対応する3つの終止コドンが存在する。最もプロプリオン性の高い4つのアミノ酸はYQNGであるが、それらは3つの終止コドンを構成する「プロテオミクスのブラックホール」に近い、あるいは非常に近い一種の「縮重」を引き起こすのではないかと考えた。ここでは、YQNG上の1つのヌクレオチドの変異が終止コドンに切り替わるような限定的な場合に焦点を当てる。我々の答えは「はい」であり、それは起こりうることである。表5は、アミノ酸NQYGが二次元表の終止コドンに「トポロジー的に」近接していることを示している。ストップ $\Leftrightarrow$ NQYG変異の7例中5例では、1つの変異塩基で十分であろう。

これはプリオンの3つのアミノ酸であるQYとGの例を示している。したがって、プリオンがどのように作用するかをよりよく理解するためには、この論文をさらに検討する必要があると結論した。しかし、この詳細な検討については、本稿の付録に記載した。<sup>3</sup>

## 考察

著者らの論文の重要な点は、武漢株のスパイクタンパク質にプリオン領域が存在することが(発見ではないとしても)決定的に証明されたことであり、Omicronではそのようなことはなかった。さらに、COVID-19の注射可能製剤には武漢スパイクタンパク質のmRNAコード配列が含まれているため、我々の研究はこれら全ての注射可能製剤の有害なプリオン部分にまで及ぶ。前述のプレプリントは、Seneff, Kyriakopoulosら(2022)によって次のように引用されている。

Montagnierらは、プリオン様の特徴を有すると考えられるスパイクタンパク質の領域を同定した。その断片の中に5つのアミノ酸を含む断片があり、YQAGS[著者らの研究結果を引用して、以下のように記載している]「ヒトのプリオンタンパクにも同じ断片があり...真ん中のYQRGSを除いて、他の4つのアミノ

表2  
普遍的遺伝コード表の終止コドン付近に起こったアミノ酸変異

NQYGプリオン機能を増加させる4つのアミノ酸				
中止	無	問い	有	G群
UAA型	AAU試験	CAA試験	UAU試験	
UAG試験	AAC型	CAG	UAC	
中止				
UGA試験				GGA試験
コドン別の突然変異数	2点	1個	1個	1個

<sup>3</sup>この論文を他の11名の査読者とともに読んだステファニー・セネフ博士は、「Y,Q,Gはすべて、プリオン蛋白のC末端ドメインと分子擬態によって結合するYQAGS配列に存在する」とコメントした。

酸は全てヒトのプリオンタンパクのC末端付近にあるこの断片と同一である。本当に完璧であるそれに対する抗体が得られれば、基本的には死刑判決となる。」[脚注3の彼女のコメントも参照のこと。]

私たちの研究は、コントロールできない大きな障害によって制限されてきた。一つには、COVID-19の注射に起因すると公式に認められた「副作用」は、実際に発生したものよりも数が少なく、重症度も低いことが知られている。公式に公表された唯一の研究である、米国連邦当局の後援を受けたが後に完全に無視された研究(Lazarus et al.,2010)では、公式の規制当局に「報告されているワクチン有害事象は1%未満である」ことが明らかにされた。したがって、特にイスラエル、オーストラリア、米国、英国、および欧州のようにワクチン接種率が非常に高い国では、新種のプリオン病の症例が実際に何例発生しているかを明らかにすることは不可能である。

さらに、今日ではクロイツフェルト-ヤコブ病またはプリオン病の診断の公式の根拠は依然として剖検であるため、Creutzfeldt-Jacob病が疑われる症例の剖検例数はせいぜいわずかであり、大多数の症例では完全に不足していることに留意すべきである。欧州では、2021年7月27日(Société,Toulouse,Haute-Garonne,December 9,2022;LADEPECHE.fr,March 17,2022)以降、プリオン病が疑われる組織検体であっても、剖検やその他の診断検査を実際に行う最良の機関はすべて、その分析を妨げられている。

フランスのすべての認定機関(INRAE、ANSES、CNRS、INSERM、CEAなど)は2021年7月27日、トゥールーズ獣医大学で勤務していた33歳の技術者が死亡したことを受けて、プリオン病を扱ったすべての研究を「凍結」した。この患者は、ここで報告しているような急速に進行する疾患に罹患したと報告された(Moore,August 2021;Société,Toulouse,Haute-Garonne,December 9,2022)。しかし、この患者はCOVID-19の注射剤ではなく、自身の研究室での研究によって感染したと考えられた。死亡した若年女性がプリオン病の症状を呈して死亡する前にCOVID-19の注射を受けていたかどうかについては、主流の出版物のいずれからも指摘されていない。前述の限界を念頭に置くと、クロイツフェルト-ヤコブ病の新しい型の実際の症例数は、欧州のどの機関(または他のどの当局)が報告したよりも多い可能性が高い。

## 結論

要約すると、今回の研究で解析された26例のうち、クロイツフェルト-ヤコブ病の最初の症状は、COVID-19の「ワクチン」の接種後平均11.38日以内に出現した。20例の死亡はこのような注射のわずか4.76カ月後に発生し、そのうち8例は2.5カ月以内に突然死亡した。我々のプレプリント記事(2022年2月)が掲載される前に死亡しなかった6名の患者については、2022年8月されたレビュー(図5の更新版を参照)において、5名が死亡し、生存していたのは1名のみであったことが判明した。この最後の患者は、他の数人の患者と同様に、2022年2月8日に自身も死亡したリュック・モンタニエ医師が処方した抗酸化プロトコルに従って治療されたことに注目しなければならない。

この記事で報告された臨床上の事実は、注射に関連した不自然で新しい形の CreutzfeldtJacob 病を確認するものである。典型的なワクチン接種後の症状は、ワクチン接種(通常は2回目の接種)のほぼ直後または直後に出現することから、1回目の接種は感染を増強させる事象であり、その後は疾患が急速に進行して最終的には死に至ることが示唆される。2021年1月12日のルクセンブルグ議会での演説(World Freedom Alliance,2021)および2021年5月18日のインタビュー(RAIR Foundation USA,2021)において、インターネット上で多くの文献が引用されたわずか2つの例を除き、メディアで広く言及されたリュック・モンタニエの事前警告は、異なる種のタンパク質における病原性プリオン領域に関する彼の先見の明のある遺伝学的研究に基づいていた。これらの徹底的な遺伝子研究から、現在実証されている COVID-19 の「ワクチン」によるクロイツフェルト-ヤコブ病の「副作用」が発生するという仮説が導かれた。著者は、SARS-CoV-2 のスパイクタンパク質に病原性プリオンが挿入されたという研究結果に基づいて、この新たな神経変性疾患であるクロイツフェルト-ヤコブ病の原因を予測した。彼は自身のチームとともに、遺伝子研究の成果からこの新しい型のクロイツフェルト-ヤコブ病の臨床効果に至るまで、すべての研究をモニタリングした。

## 謝辞

第一に、Creutzfeldt-Jacob Disease Association of France の会長を務めた Marc Doyer に感謝する。親愛なる妻のクロイツフェルト-ヤコブ病を診断して我々に紹介したことに加えて、Princeps Doyer の初代である Mauricette は、数カ月のうちに VERITY クロイツフェルト-ヤコブ病として知られる協会を設立し、個人的な逆境に直面しながらも、賞賛に値するエネルギーと粘り強さをもって、最初は40例以上のクロイツフェルト-ヤコブ病の症例を収集した。そのうち16例はリュック・モンタニエの生涯の症例であり、2カ月後にはさらに50例が収集され、そのうち23例の確定症例がここで報告されている。また、Professor Richard M.Fleming,PhD,Md,JD,alcoholer-nuclear-cardiac-attorney,<https://www.amazon.fr/COVID-19-にも感謝する。>

Bioweapon-Scientific-Forensic-investigation/dp/1510770194 は、2020年にすでにスパイクタンパク質とプリオン病との関連を示唆していた。Amos D にも感謝の意を表す。Korczyn は、第13回 World Congress on Discussion in Neurology において CONy の会長を務め、<https://CONy.comtcmed.com/korczyn/>にある Tel Aviv University Department of Neurology Professor in Neurology でもあり、本稿の執筆を奨励してくれた。最後に、MIT コンピュータ科学・人工知能研究所

「<https://worldcouncilforhealth.org/multimedia/stephanie-seneff-COVID-Vaccines-Disease/>」のステファニー・セネフ博士に感謝する。COVID-19 ワクチンとクロイツフェルト-ヤコブ病の間に関連性がある可能性を示した世界的な参照症例として、Princeps・Mauricette・Doyer を報告したのは彼女である。

## 付録:プリオン領域に適用される相補的方法

以下では、相補的な2つのプリオン解析法を用いる。1つ目は PLAAC のソフトウェア (Lancaster et al.,2014;図7に図示)であり、これにより、あるアミノ酸配列からプリオン機能が発現する可能性の高い領域を検出することができる。2つ目は「Master Code of DNA」であり、これにより、注目するプリオン配列のゲノムとプロテオミクスの相互作用を統一した Master



Code の特性曲線の特定の構造やパターンを強調表示することで、プリオン機能の仮説を検証し、場合によっては確認することができる。

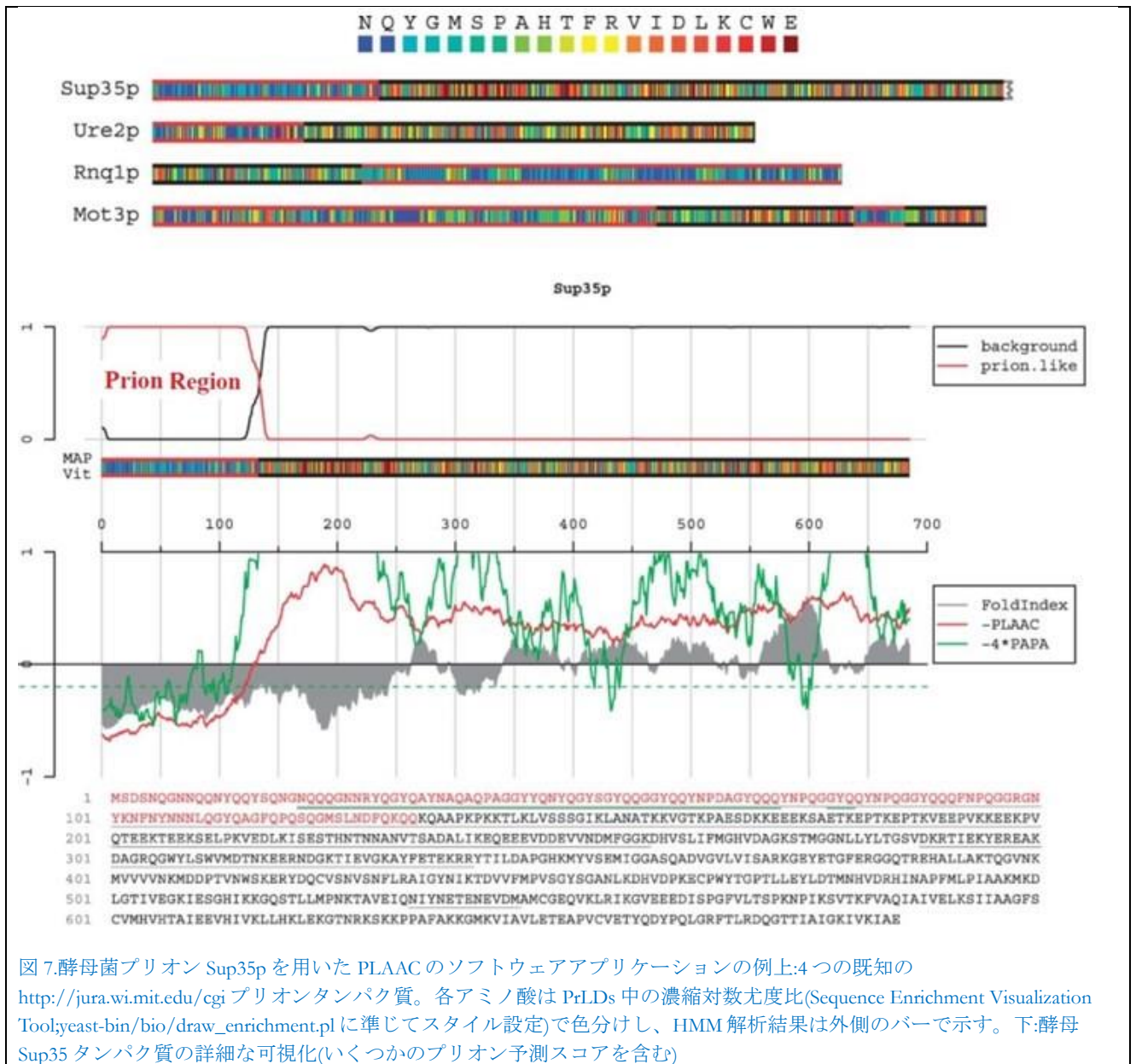


図 7.酵母菌プリオン Sup35p を用いた PLAAC のソフトウェアアプリケーションの例上:4つの既知の http://jura.wi.mit.edu/cgi プリオンタンパク質。各アミノ酸は PrLDs 中の濃縮対数尤度比(Sequence Enrichment Visualization Tool;yeast-bin/bio/draw\_enrichment.pl に準じてスタイル設定)で色分けし、HMM 解析結果は外側のバーで示す。下:酵母 Sup35 タンパク質の詳細な可視化(いくつかのプリオン予測スコアを含む)

### 方法

#### PLAAC 分析

ここでは、酵母菌 Sup35 プリオン(図 7)、特に *Saccharomyces cerevisiae* S288C translation termination factor GTPase eRF3(Sup35),partial mRNA(NCBI reference sequence:NM\_001180479.3 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/398365952)を用いた PLAAC 法を説明する。図の一番上では、Sup35p と Ure2p,Rnq1p,Mot3p とを、紙面を水平に横切る明るい色のリボンで比較している。これらのリボンのすぐ下の図 7 では、中央のページの幅の広い 3 つの列で、Sup35p に焦点

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>)という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

を当てたより詳細な PLAAC 分析を行っている。PLAAC のソフトウェアは、SUP35 タンパクの最初の 120 個のアミノ酸からプリオン領域を検出する。このことは、Sup35p 標識のすぐ下の黒い文字の赤色曲線によって確認される。図の一番下に 1,101,201,301,401,501 と記したアミノ酸配列のすぐ上に、緑、赤、灰色の波線を描く。

**Table 3**  
**PLAAC Conventions Explained Briefly**

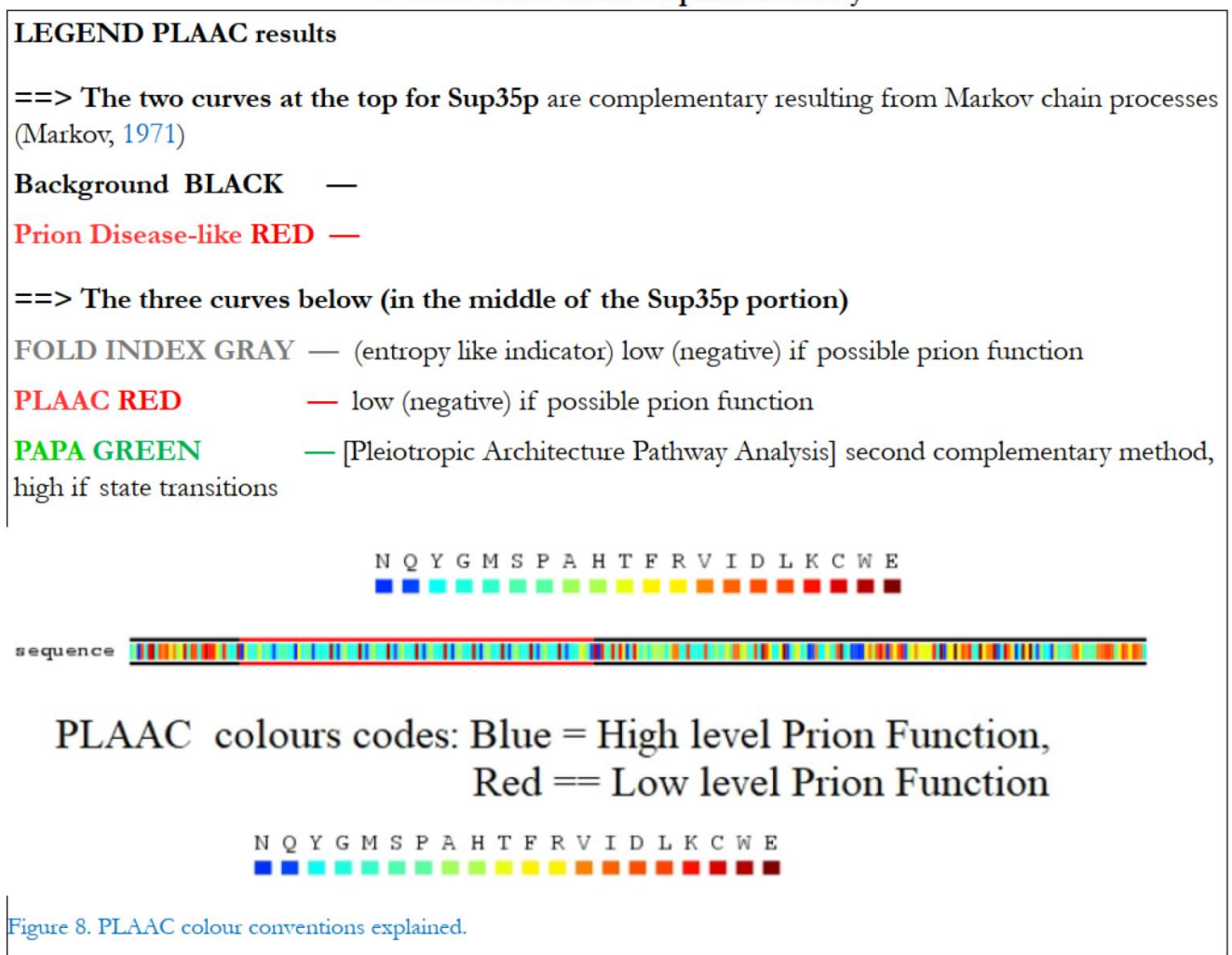


Figure 8. PLAAC colour conventions explained.

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

## マスターコードの分析

「マスターコード」法は、DNA, RNA 及びアミノ酸に共通する唯一の原子量から、DNA, RNA 及びアミノ酸配列の3つのコードを統合した一種のメタコードを数値的に際立たせる方法である。特に、マスター・コード曲線は、DNA 中の配列がタンパク質をコードしているか否かにかかわらず、あらゆる配列のゲノム(DNA)およびプロテオミクス(アミノ酸)発現を統一する結合または相関のレベルを測定する。

Perez(2009,2015,2017a,2017b)では、2000年代初期から狂牛病のプリオンをはじめとするすべての種類のプリオンについて、植物、酵母、ヒト、ウシ、ヒツジなどのあらゆるプリオンを対象として分析を行ってきたが、その当時すでに、すべてのプリオンに共通する一種の「署名」(一定しない形の波形)に注目していた。すなわち、マスターコードの典型的な署名は、特徴的な形である「W」(あるいは反転すれば対称性によって「M」)をとっていたのである。著者らは、この解析をアルツハイマー病におけるアミロイド形成にまで拡大した(Perez&Montagnier,2021)。

一方ではPLAACのソフトウェア(図7)を「マスターコード」とともに適用することで、Sup35pのプリオン機能を検出し、その存在の可能性(可能性が高い場合も含む)を確認することができる。図8では、PLAACを用いて推定されるプリオンの機能を示し、図9に示すように「マスターコード」を用いることで、PLAACによって前方に移動した領域の「W」構造、またはその対称形である「M」を確認することができる。追跡調査の結果、PLAAC由来のこれらのプリオン領域は、「マスターコード」曲線の「継続的減少」によって常に確認されることが観察された。不変の「W」または「M」サイン波形の実証は、例えば、以下のセクション、特に図10に示すように、ヒトPRNPプリオンの特徴でもある。

## 結果と考察

本節ではまずプリオンに関する様々な研究を提示する:ヒトのクロイツフェルト-ヤコブ病、ウシの狂牛病、およびヒツジのそれと同等の研究である。第2段階では、SARS-CoV2から自然に進化したと考えられる最後のオミクロン株ウイルスのプリオン機能が消失した可能性を証明する。一方で、このプリオン機能は武漢の親株だけでなく、他のすべての変異株や、Pfizer社やModerna社などの「注射可能な」製品(デービッド・ヒューズ、2022が引用したShimon Yanowitzの論文を参照)でも注目されている。次に第3段階として、武漢の最初のウイルス株から(プリオン機能が奇妙なことに消失する最後のOmicron変異株まで)進化していると考えら

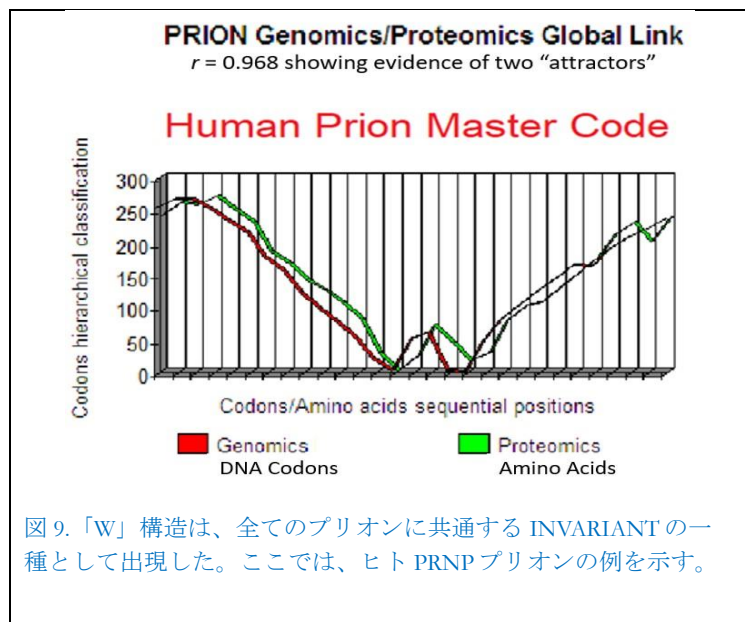


図9。「W」構造は、全てのプリオンに共通する INVARIANT の一種として出現した。ここでは、ヒト PRNP プリオンの例を示す。

れる、または「ワクチン」の技術者によって由来されたと考えられる 25 種類のスパイクタンパク質について、プリオン機能の可能性を検索する。

ヒト(PRNP),ヒツジ(TDP-43),およびウシ(狂牛病)のプリオン

本節では、以下の順序に従って、ヒト、ヒツジ、ウシで詳細に研究されている既知のプリオンについて述べる。

### ヒト PRNP プリオン

ヒトの PRNP プリオンを考えるにあたっては、National Center for Biotechnology Information(NCBI)によって GenBank データベース

(URL:<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AF085477.2>)に記録されている完全なコード配列(cds)を"Homo sapiens prion protein(PRNP)gene"のタンパク質前駆体配列に翻訳することから始めよう。

```
MANLGCWMLVLFVATWSDLGLCKKRPKPGGWNTGGSRYPGQGSPGGNRYPPQGGGGWGQP
HGGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWG
QPHGGGGWGQGGGTHSQWNKPSKPKTINMKHMAGAAAAGAVVGGLGGYMLGSAMSRPIHFG
SDYEDRYRENMHRYPNQVYYRPMDEYSNQNNFVHDCVNITIKQHTVTTT*TKGENFTETDVK
MMERVVEQMCITQYERESQAYYQRGSSMVLFSPPVILLISFLIFLIVG
```

PLAAC のソフトウェアを <http://plaac.wi.mit.edu> に適用すると、図 11 のような結果が得られる。その結果を図 12 に示す「Master Code」と組み合わせることで、それぞれの署名の波形を確認することができる。

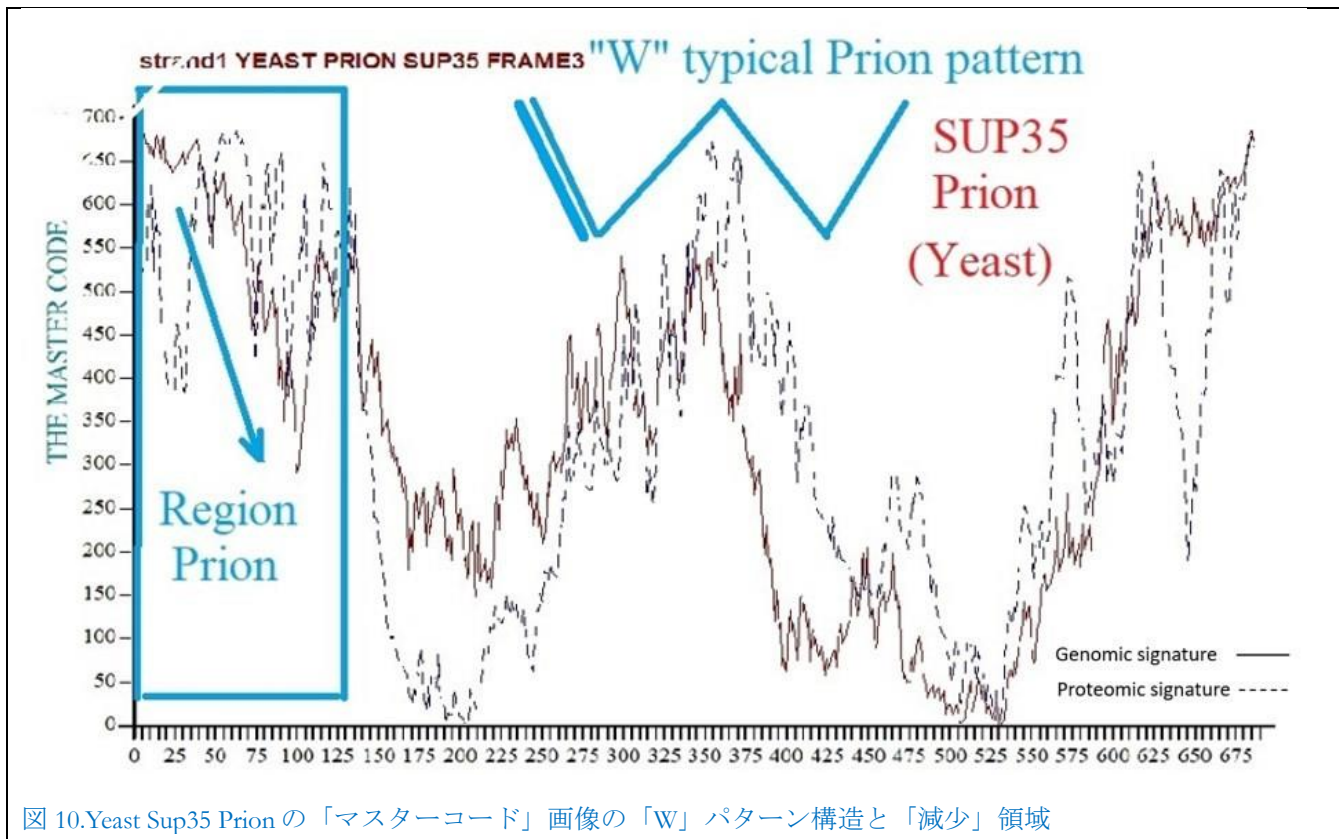


図 10.Yeast Sup35 Prion の「マスターコード」画像の「W」パターン構造と「減少」領域

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzczyv>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

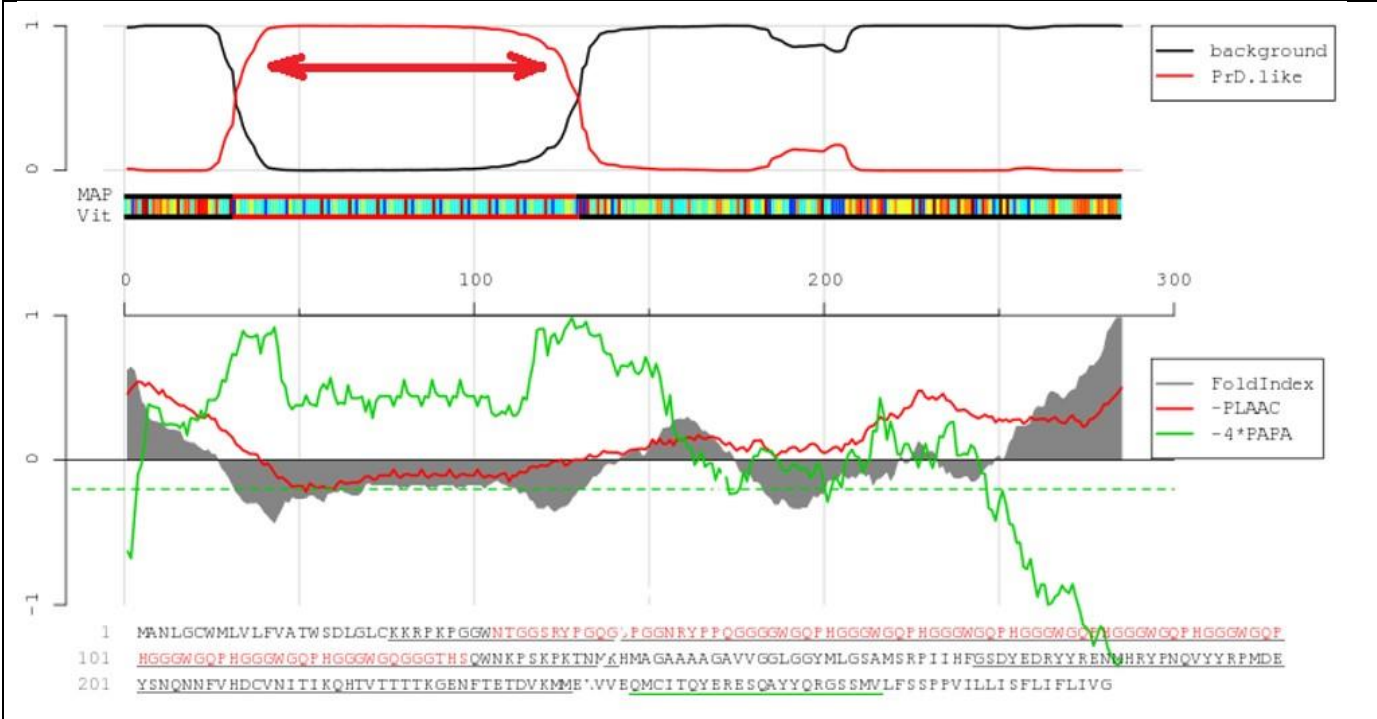


図 11. アミノ酸 30~120 のヒト PRNP プリオン領域の PLAAC 分析

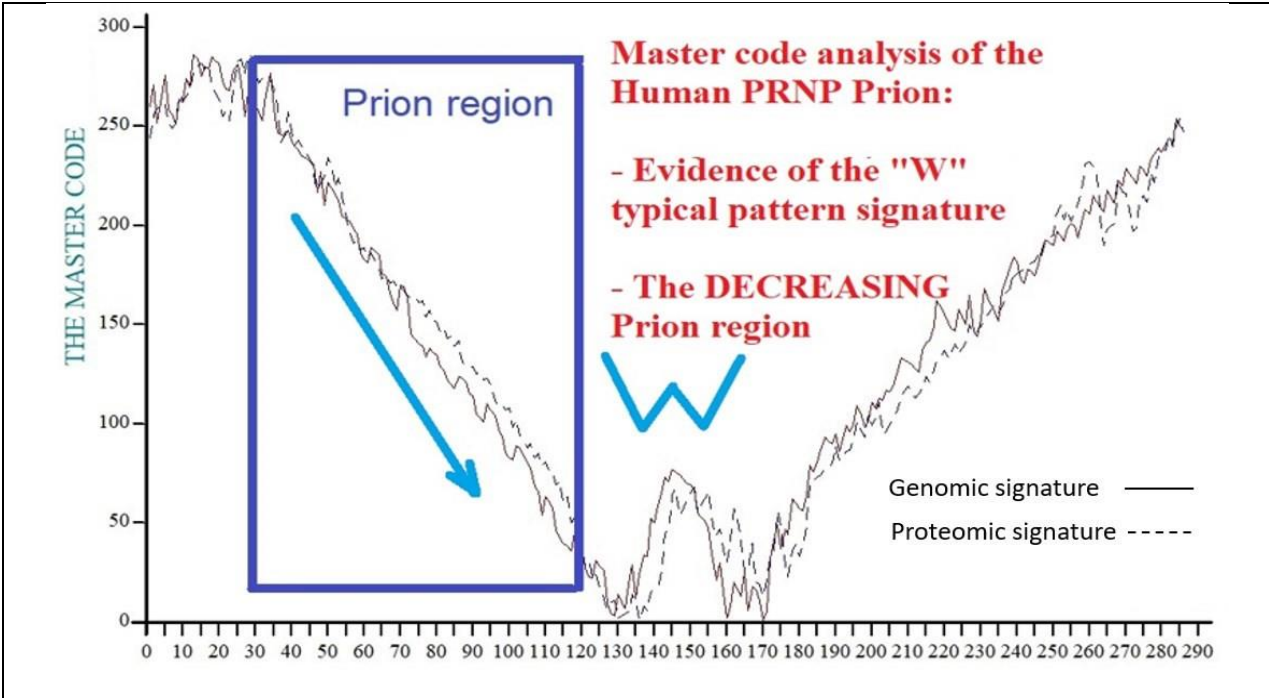


図 12. 「マスターコード」によるヒト PRNP プリオン領域の確認

12. 「マスターコード」によるヒト PRNP プリオン領域の確認  
Ovis プリオン(ヒツジ)プリオン

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

図 13 と図 14 では、ヒツジのプリオンである *Ovis aries* プリオンタンパク質 (PRNP) に対して、すでにヒトの PRNP に適用したのと同じ分析システムを適用している。

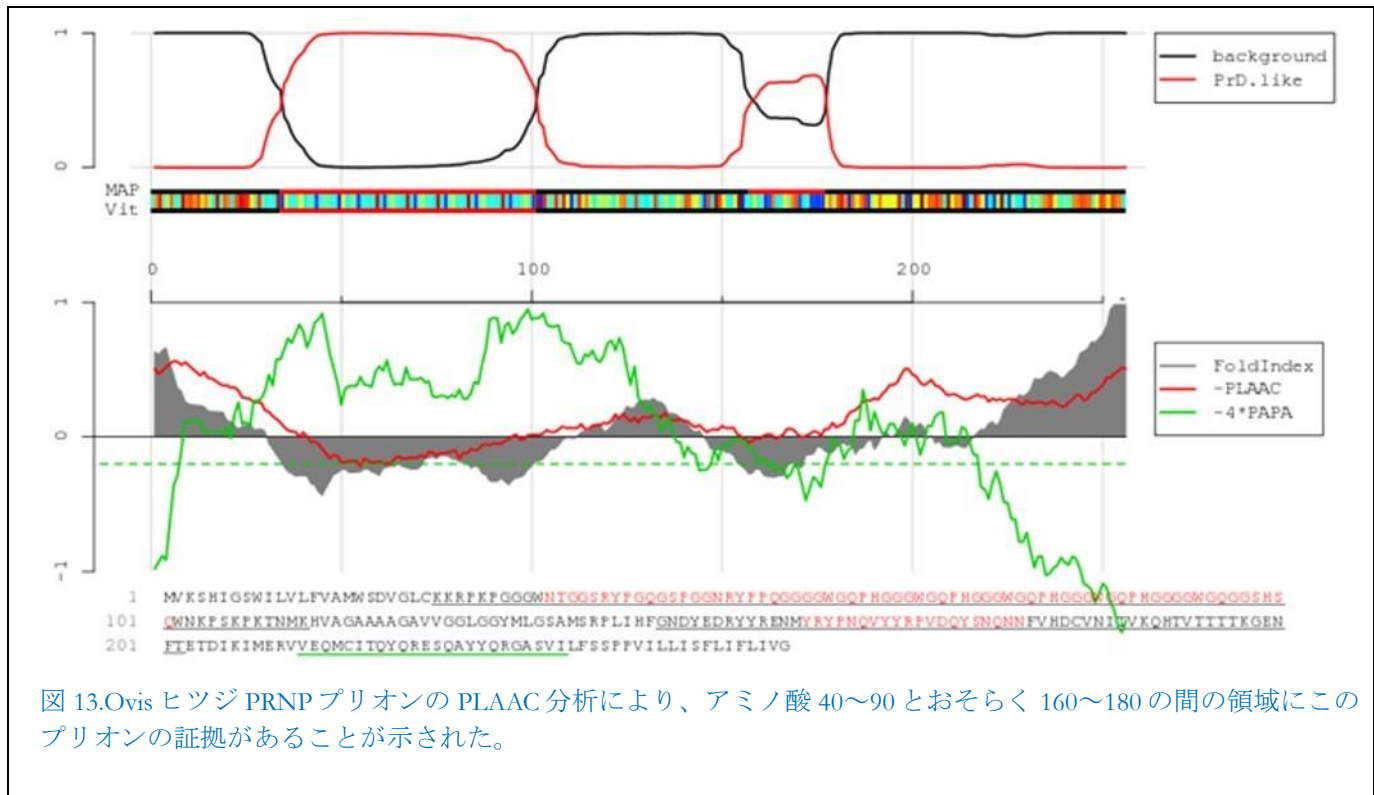


図 13. *Ovis* ヒツジ PRNP プリオンの PLAAC 分析により、アミノ酸 40~90 とおそらく 160~180 の間の領域にこのプリオンの証拠があることが示された。

以下に示すのは、NCBI が [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP\\_001009481.1?report=fasta](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_001009481.1?report=fasta) の GenBank に記録したヒツジの *Ovis aries* プリオンタンパク (PRNP) の主要前駆体である mRNA の参照配列 NM\_001009481.1 (複数の同義語がある) の翻訳結果である。

CDS 161~931 年

/遺伝子="PRNP"

/gene\_synonym="プリオン;Prp;PRPC;SIP"

/note="major prion protein;prion protein(p27-30)(クロイツフェルト-ヤコブ病、Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome,致死性家族性不眠症)"

/codon\_start=1

/product="主要プリオンタンパク質前駆体"

/protein\_id="NP\_001009481.1"(タンパク質 ID="NP\_001")

/db\_xref="GeneID:493887"/translation="MVKSHIGSWILVLFVAMWSDVGLCKKRPKPGGGWNTG  
GSRYPGQ

GSPGGNRYPPQGGGGWGQPHGGGWGQPHGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQGGSHS  
QW

NKPSKPKTNMKHVAGAAAAGAVVGGGLGGYMLGSAMSRPLIHFGNDYEDRYRENMYRY  
PNQVYYRPPVDQYSNQNNFVHDCVNITVKQHTVT\*TT\*TKGENFTE\*TDIKIMERVVEQMC  
TQYQRESQAYYQRGASVILFSSPPVILLISFLIFLIVG"

GenPept Identical Proteins Graphics の結果にも注目すること:

>NP\_001009481.1 主要プリオンタンパク質前駆体[Ovis aries]

MVKSHIGSWILVLFVAMWSDVGLCKKRPKPGGGWNTGGSRYPGQGSPGGNRYPPQGGGGWG  
QPHGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQPHGGGGWGQGGSHSQWNKPSKPKTNMKHVAG  
AAAAGAVVGGGLGGYMLGSAMSRPLIHFGNDYEDRYRENMYRYPNQVYYRPPVDQYSNQNNF  
VHDCVNITVKQHTVT\*TT\*TKGENFTE\*TDIKIMERVVEQMCITQYQRESQAYYQRGASVILFSSPP  
VILLISFLIFLIVG

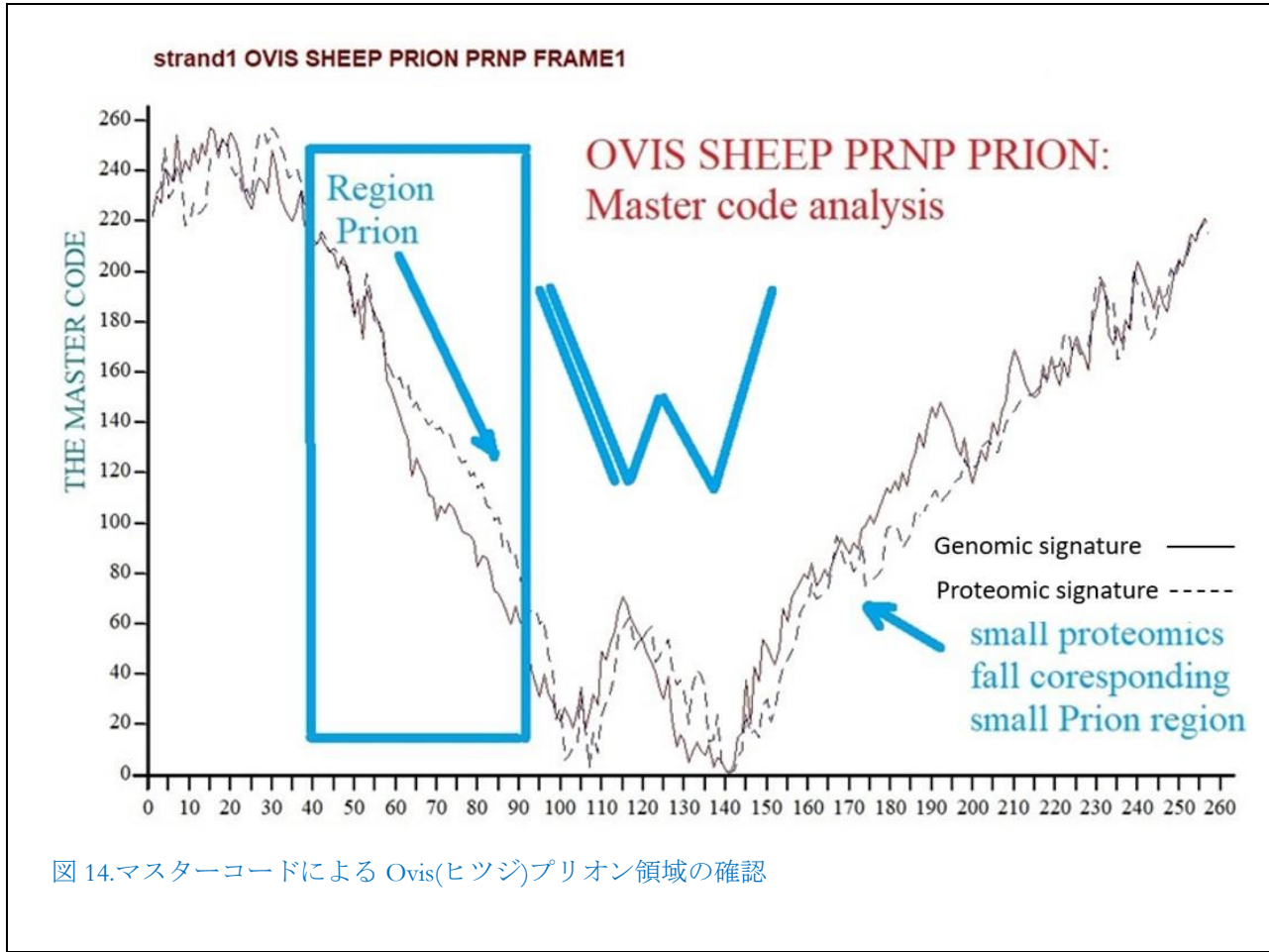


図 14.マスターコードによる Ovis(ヒツジ)プリオン領域の確認

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcyv/>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っていません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。



次に、ヒトのプリオンの場合と同様に、「マスターコード」と組み合わせた <http://plaac.wi.mit.edu> の PLAAC のソフトウェアを適用すると、ヒツジの PRNP について図 13 および図 14 に示す結果が得られる。

### Bos Taurus(ウシ)プリオン

次に、図 15 と図 16 で分析したように、<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AB457178.1> の Bos taurus(ウシ)プリオンに移る。GenBank の参照配列 AB457178.1 には以下のような配列がある：

遺伝子 1~1352

/gene="prn"CDS 11.805 年

/遺伝子="prn"

/note="選択的スプライシング:Acc#AB457179.1 も参照"

/codon\_start=1

/product="プリオンタンパク質"

/protein\_id="BBD75290.1"

/translation="MVKSHIGSWILVLFVAMWSDVGLCKKRPKPGGGWNTGGSRYPGQ  
GSPGGNRYPPQGGGGWGQPHGGGWGQPHGGGWGQPHGGGWGQPHGGGWGQPHGGGG  
WGQGGTHGQWNKPSKPKTNMKHVAGAAAAGAVVGGGLGGYMLGSAMSRPLIHFGSDYEDRY  
YRENMHRYPNQVYYRPVDQYSNQNNFVHDCVNITVKEHTVITTTKGENFTETD

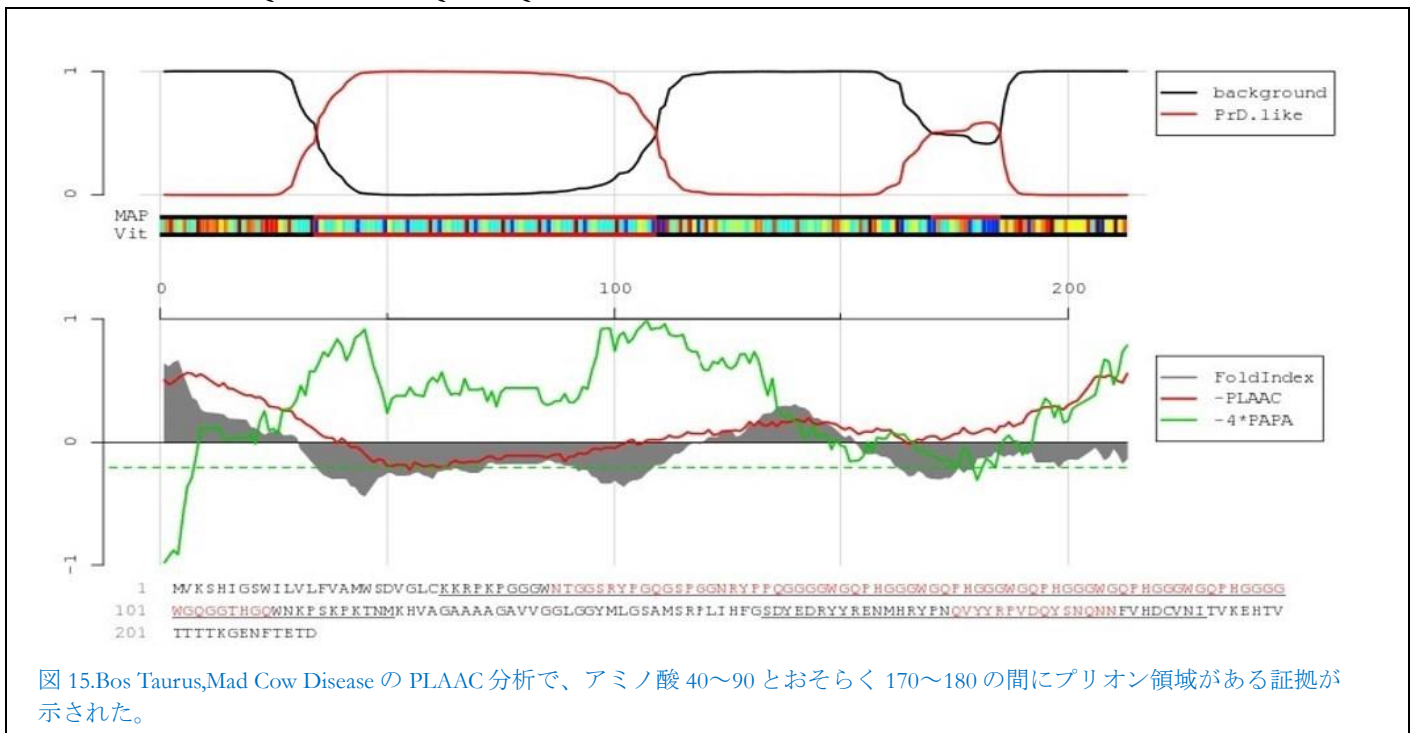


図 15. Bos Taurus, Mad Cow Disease の PLAAC 分析で、アミノ酸 40~90 とおそらく 170~180 の間にプリオン領域がある証拠が示された。

<http://plaac.wi.mit.edu>,の PLAAC を用いた試験では、図 15 に示す結果が得られ、「マスターコード」を用いて図 16 図 16 で確認した。

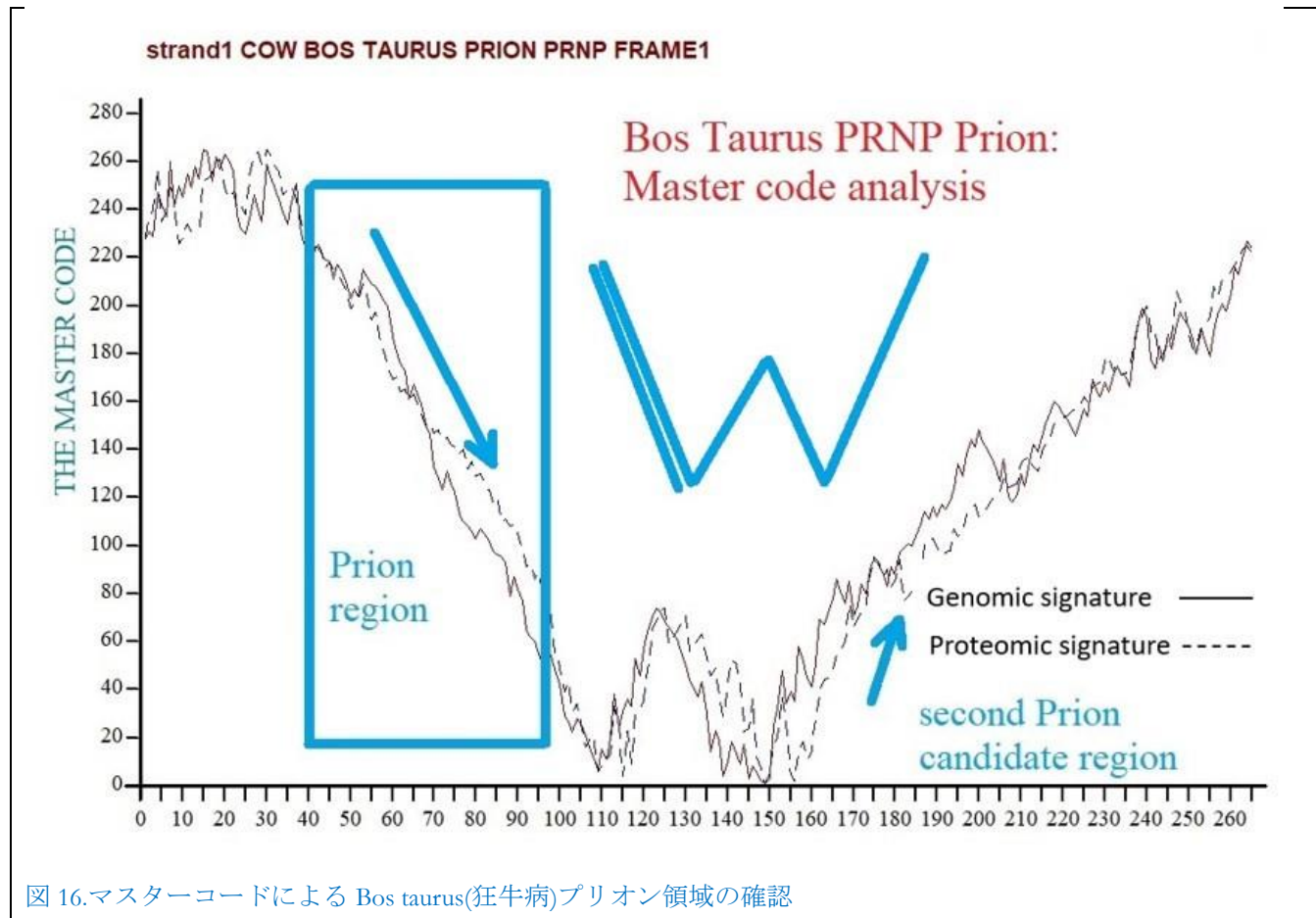


図 16. マスターコードによる Bos taurus(狂牛病)プリオン領域の確認

### 別のプリオンリスク:TDP-43 プリオン

Classen(2021a)は、標的とされたスパイクタンパク質が相互作用することで、細胞内の RNA 結合タンパク質である TAR と DNA 結合タンパク質である TDP-43 が肉腫(FUS)の中で融合し、病的なプリオン構造をとる可能性を示唆した。ここでは、Nonaka ら(2013)および McAlary ら(2019)が以前に指摘した TDP-43 プリオンの特性を分析する。NCBI ウェブサイトの URL より:  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene?term=\(tdp43\[遺伝子\]\)%20AND%20\(Homo%20sapiens\[orgn\]\)%20AN](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene?term=(tdp43[遺伝子])%20AND%20(Homo%20sapiens[orgn])%20AN)

D%20alive[prop]%20NOT%20newentry[gene]&sort=weight TARDBP TAR DNA 結合タンパク質[ホモサピエンス(ヒト)]については以下のことがわかる。遺伝子 ID:23435

図 17 および図 18 にそれぞれ示すように、先の事例と同様に分析する

[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM\\_007375.4](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM_007375.4)。NCBI の参照配列 NM\_007375.4 から以下のものが得られる:

CDS 103~1347 年

/遺伝子="TARDBP"

/gene\_synonym="ALS10;TDP-43"

/note="TAR DNA-binding protein-43"

/codon\_start=1

/product="TAR DNA-binding protein 43"(DNA 結合タンパク質 43)

/protein\_id="NP\_031401.1"(タンパク質 ID="NP\_001")

/db\_xref="CCDS:CCDS122.1"

/db\_xref="GeneID:23435"

/db\_xref="HGNC:HGNC:11571"

/db\_xref="MIM:605078"

/translation="MSEYIRVTEDENDPEIEIPSEDDGTVLLSTVTAQFPGACGLRYR  
NPVSCMRGVRLVEGILHAPDAGWGNLVYVVNYPKDNKRKMDETDASSAVKVKRAVQK  
TSDLIVLGLPWKTTEQDLKEYFSTFGEVLMVQVKKDLKTGHKSGFGFVRFTEYETQVK  
VMSQRHMIDGRWCDCKLPNSKQSQDEPLRSRKVFVGRCTEDMTEDELREFFSQYGDVM  
DVFIPKPFRAFAFVTFADDQIAQSLCGEDLIIKGISVHISNAEPKHNSNRQLERSGRF  
GGNPGGFGNQQGFGNSRGGGAGLGNQGSNMGGGMNFGAFSINPAMMAAAQAALQSSW  
GMMGMLASQQNQSGPSGNNQNQGNMQREPNAFGSGNNSYSGSNSGAAIGWGSASNAG  
SGSGFNNGGFGSSMDSKSSGWGM"

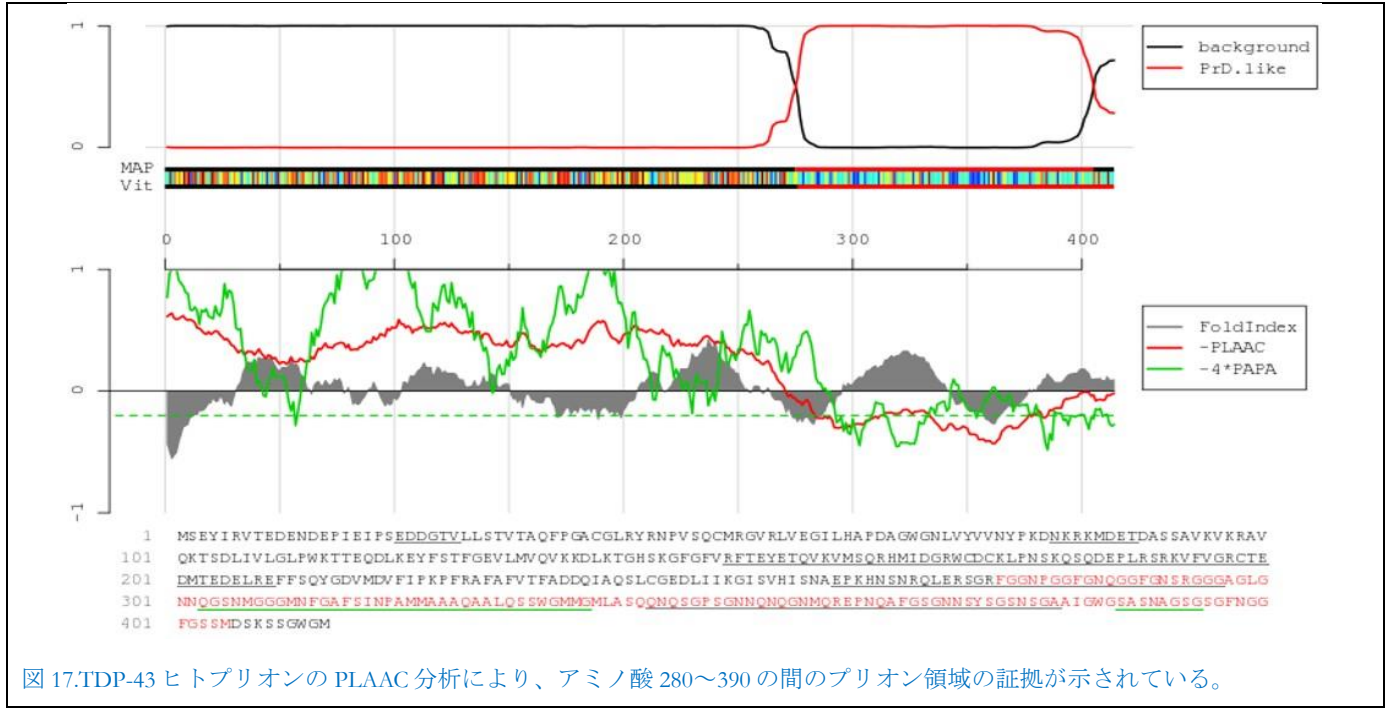
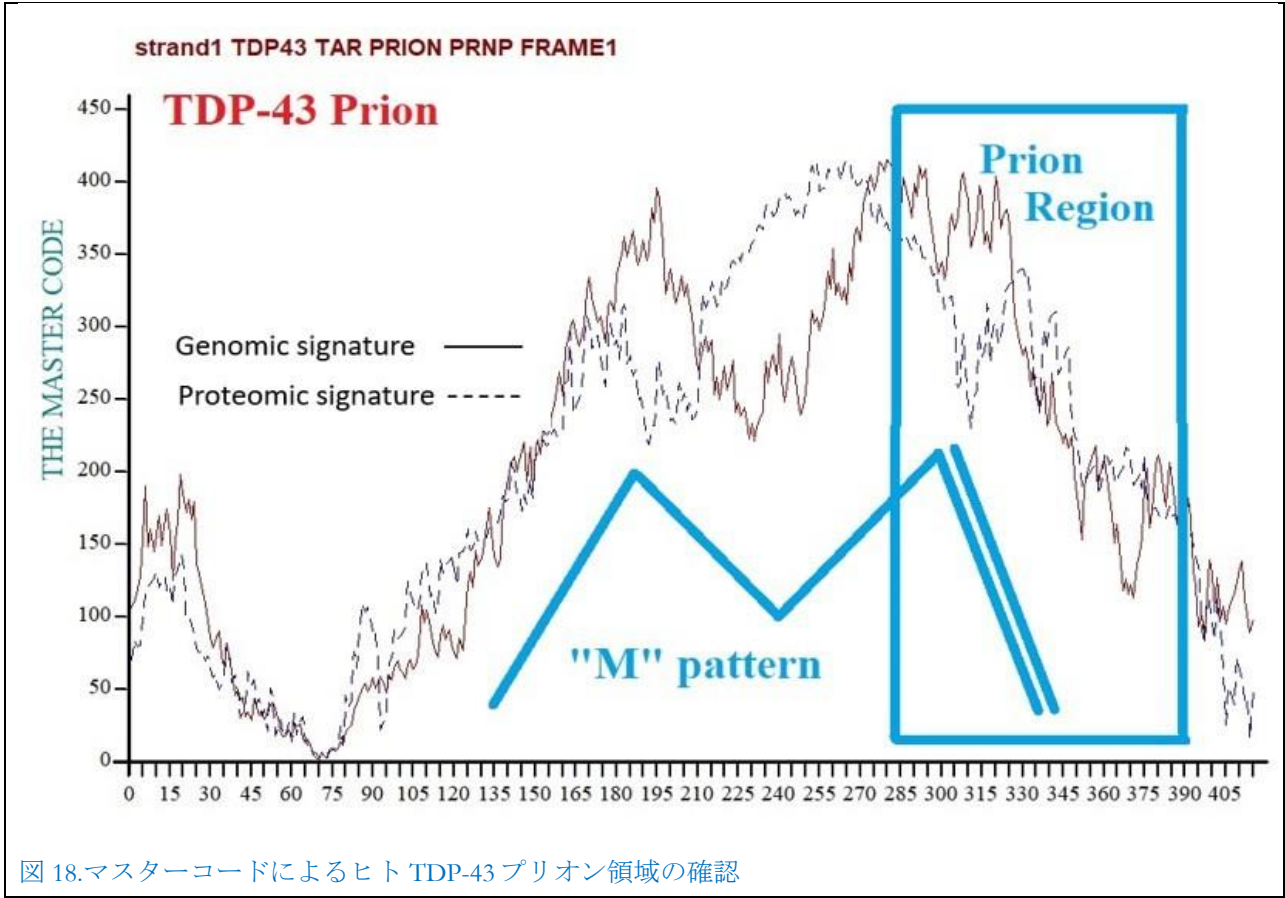


図 17.TDP-43 ヒトプリオンの PLAAC 分析により、アミノ酸 280~390 の間のプリオン領域の証拠が示されている。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzczyv>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っていません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。



リオンF塗油 D現れる Oミクロン

武漢のスパイク起源から自然変異または「ワクチン」工学のいずれかによって誘導された SARS-CoV-2 の変異体は全てプリオン領域を示すのに対して、オミクロン株ウイルスは、解析ではプリオン領域を示さない。図 19 は、PLAAC のソフトウェアを用いて解析された SARS-CoV-2 武漢ウイルスのプリオン領域を示したものである。

<http://plaac.wi.mit.edu> 武漢スパイクの"window prion"が存在することを示す 38 個のアミノ酸配列 (473-510) の PLAAC ズームを以下に示す:

SKVGGNYNYLYRLFRKSNLKPFERDISTEIQAGSTPCNGVEGFNCYFPLQSYGFQPTNGVGYQ  
PYRVVLSFELLHAPATVCGPKKSTNLVKNKCVN

その存在は図 20 においてメーザーコードを用いて確認される。

しかし、PLAAC のソフトウェア(図 21 に示す <http://plaac.wi.mit.edu>)を用いて Omicron スパイク中の WINDOW PRION を検索するために 38 個のアミノ酸(473~510)に対して ZOOM を行うと、WINDOW PRION は消失する。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

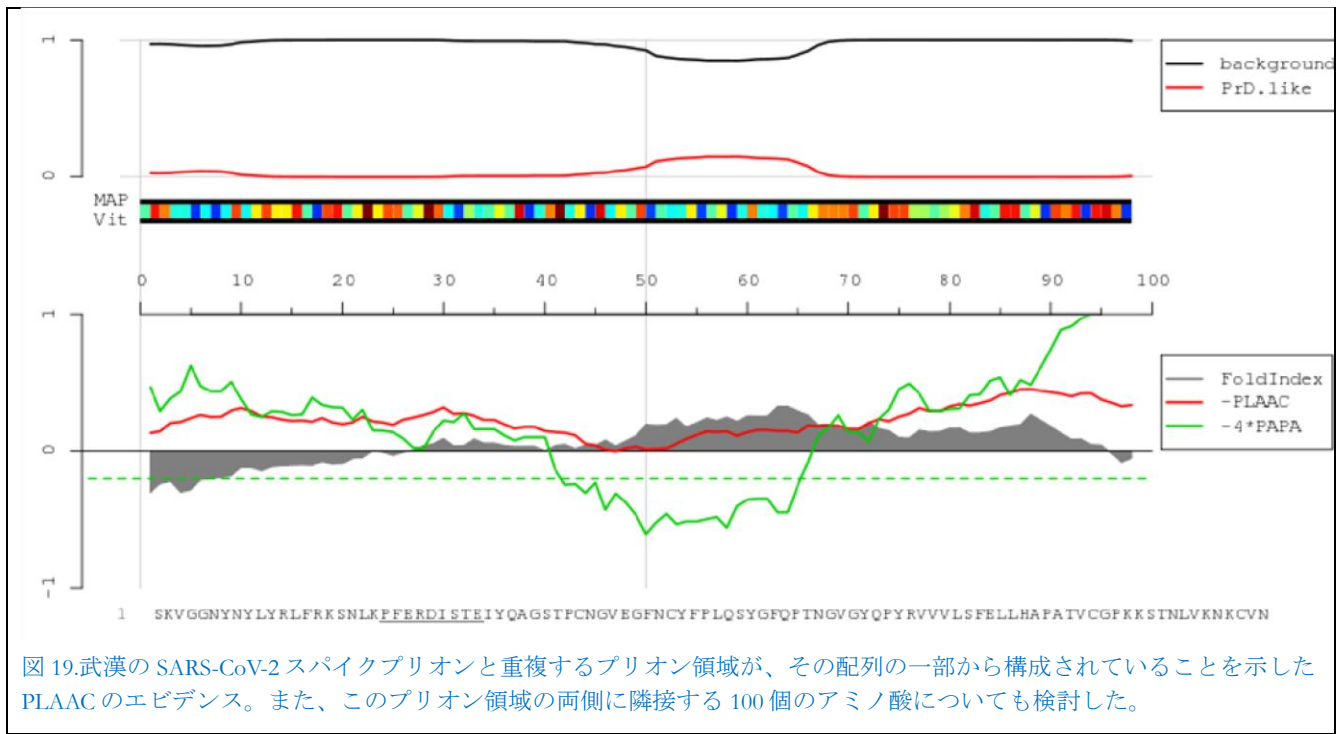


図 19.武漢の SARS-CoV-2 スパイクプリオンと重複するプリオン領域が、その配列の一部から構成されていることを示した PLAAC のエビデンス。また、このプリオン領域の両側に隣接する 100 個のアミノ酸についても検討した。

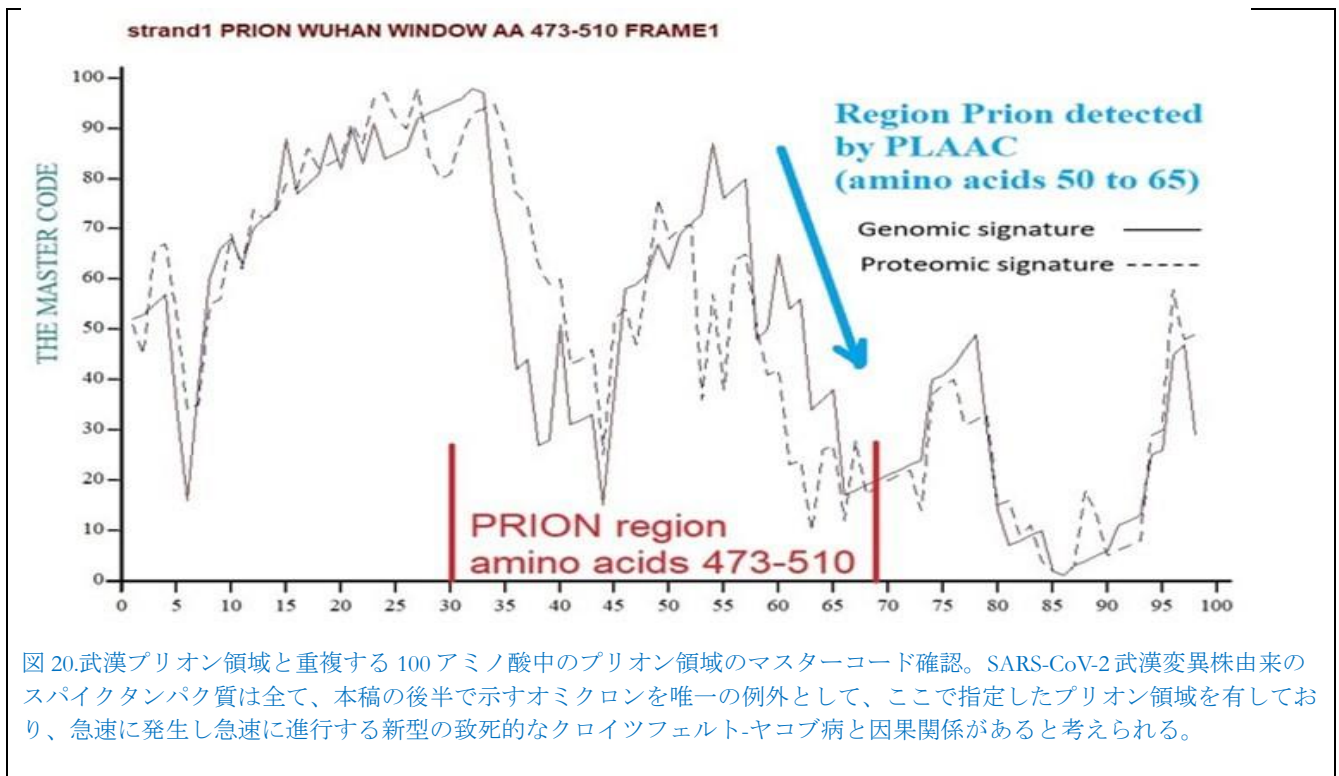


図 20.武漢プリオン領域と重複する 100 アミノ酸中のプリオン領域のマスターコード確認。SARS-CoV-2 武漢変異株由来のスパイクタンパク質は全て、本稿の後半で示すオミクロンを唯一の例外として、ここで指定したプリオン領域を有しており、急速に発生し急速に進行する新型の致命的なクロイツフェルト-ヤコブ病と因果関係があると考えられる。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

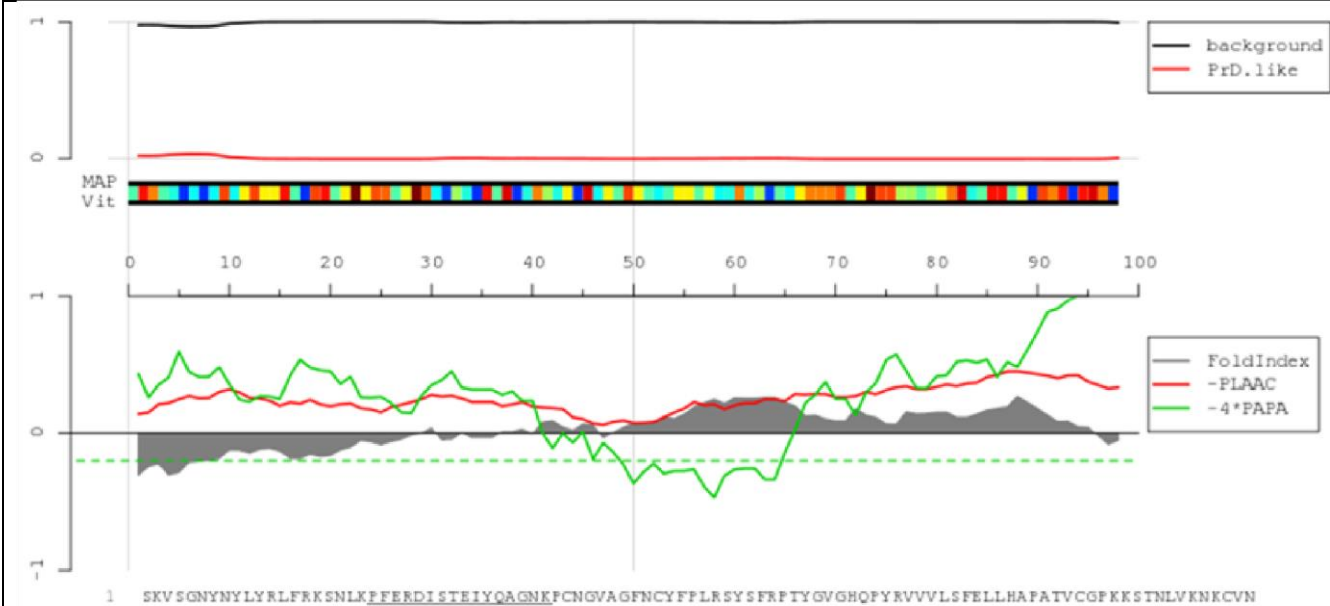


図 21.オミクロンの SoCal(南カリフォルニア)変異株(文献で報告された米国初のオミクロン症例)における 100 アミノ酸の「窓」において、プリオン領域が完全に消失することを示した PLAAC のエビデンスがある。問題は、どうすれば完全に消去できるかということである。これは、我々自身の DNA に組み込まれている自然免疫、適応免疫、補体系のヒト免疫防御システムの働きなのか(Santiago,2022b)、それとも他に何があるのか？これらの疑問は、解決すべき未解決の謎の重要な部分を占めている。

図 19,図 20 および図 21 の武漢ウイルスとオミクロンウイルスのスパイクを比較すると、プリオン領域に位置する 8 つのアミノ酸変異(473,474 など、510 まで)の発生率を詳細に分析する必要があるように思われる。これらは武漢親株と最新のオミクロン株ウイルスを鑑別するアミノ酸である。問題となっている 8 つの変異は、<https://covariants.org/variants/21K.Omicron> が報告した以下のものである:

- 1. S:S477N
- 2. S:T478K
- 3. S:E484A
- 4. S:Q493R
- 5. S:G496S
- 6. S:Q498R
- 7. S:N501Y
- 8. S:Y505H

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

オミクロンのプリオンスパイクの 38 個のアミノ酸は、DNA の 114 塩基の中で以下のように特定されている:

TATCAGGCCGGTAACAAACCTTGTAAATGGTGTTCAGGTTTAAATTGTTACTTTCCTTTACGATCATATAGTTTCCGACCCACTTATGGTGTGGTCCACCAACCATACAGAGTA

また、473~510 までの番号を付したものの間の位置に印を付ける。

473 510

YQAGNKPCNGVAGFNCYFPLRSYSFRPTYGVGHQPYRV

XX 期 X X X X X 期

1 2 3 4 5 6 7 8

図 22 に見られるように、これら 38 個のアミノ酸の存在は Omicron スパイク蛋白に保存されているが、同じ 38 個のアミノ酸配列の PLAAC 分析はプリオン機能の完全な消失を示している。

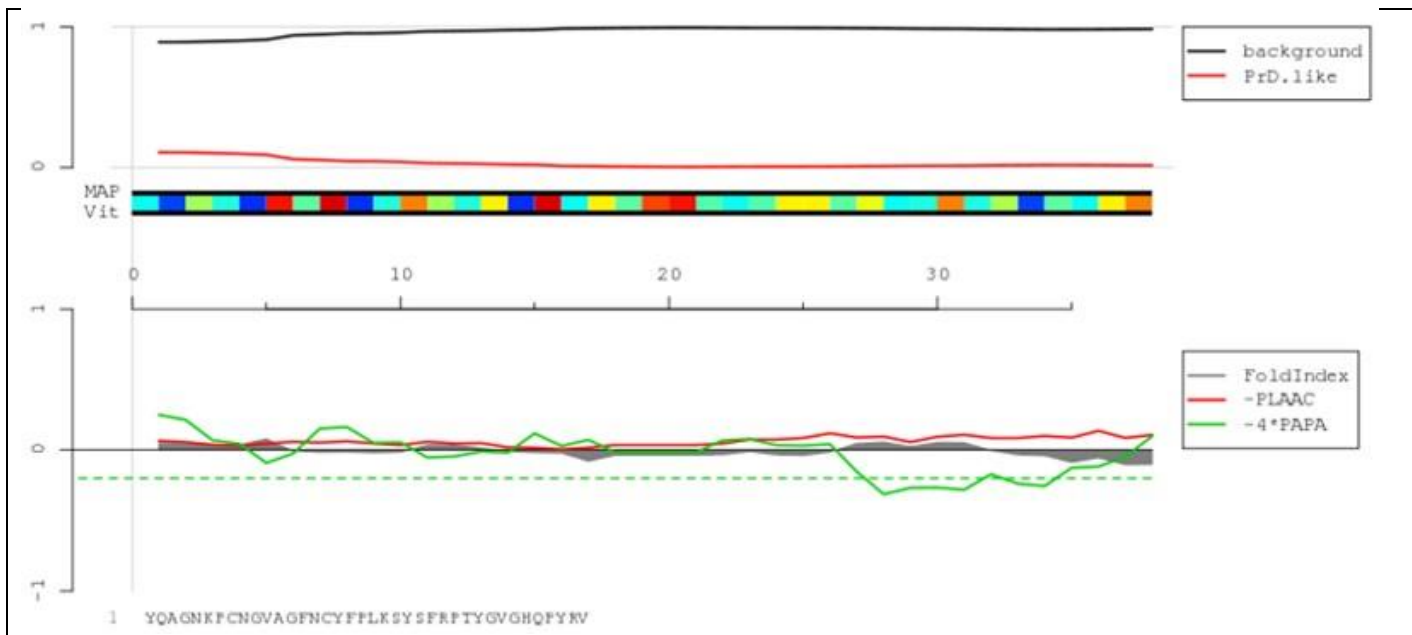


図 22.ここでは、オミクロン株ウイルスの中でプリオンが存在すると予想される領域を拡大して示しているが、ご覧のように、プリオンの機能は完全に消失している。SoCal オミクロン株ウイルスからは姿を消した。この名称のすぐ上に記載されている 38 個のアミノ酸配列中にはもはや存在しない。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。



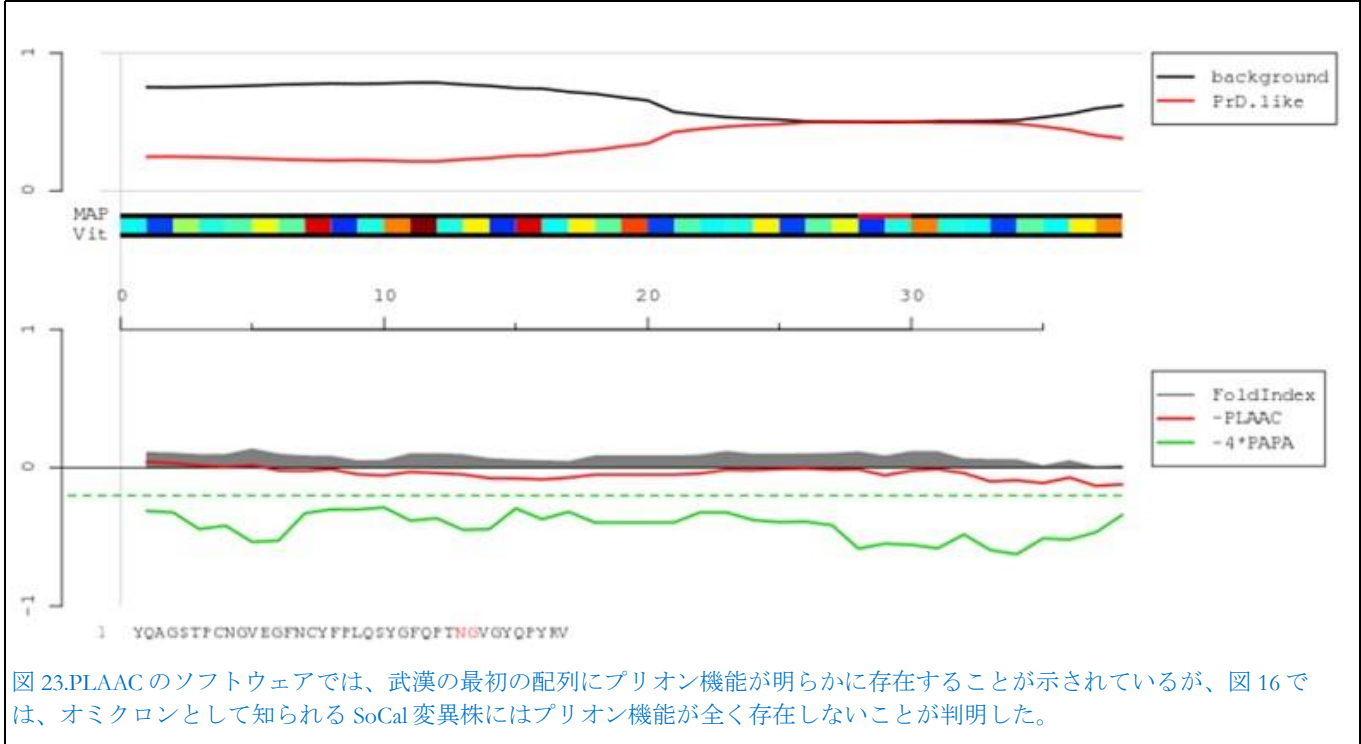


図 23.PLAAC のソフトウェアでは、武漢の最初の配列にプリオン機能が明らかに存在することが示されているが、図 16 では、オミクロンとして知られる SoCal 変異株にはプリオン機能が全く存在しないことが判明した。

次に、全ての COVID-19 「ワクチン」 (54 億人のヒトに接種されたものと同じワクチン [Pharmaceutical Technology,2022]) が同じ武漢スパイク配列から構築されていることを念頭に置いて、武漢の親株について同じ解析を行う。図 23 では、オミクロン株ウイルスに欠けているものとは対照的に、プリオンの潜在的な機能が PLAAC のソフトウェアによって十分に明らかにされている。しかし、最初の武漢のスパイクと比較したオミクロン株ウイルスの 2 つのそれぞれの結果の間の「PLAAC 距離」はどれくらいかを尋ねるのが妥当であると思われる。直ちに続くのは、114 塩基のヌクレオチドプリオン領域からなる武漢プリオンスパイクの特性解析である。図 24 では、2 つのスパイク間のコントラストがその後続く。

ZOOMPRIONWUHAN SPIKREF[1416 on 114]

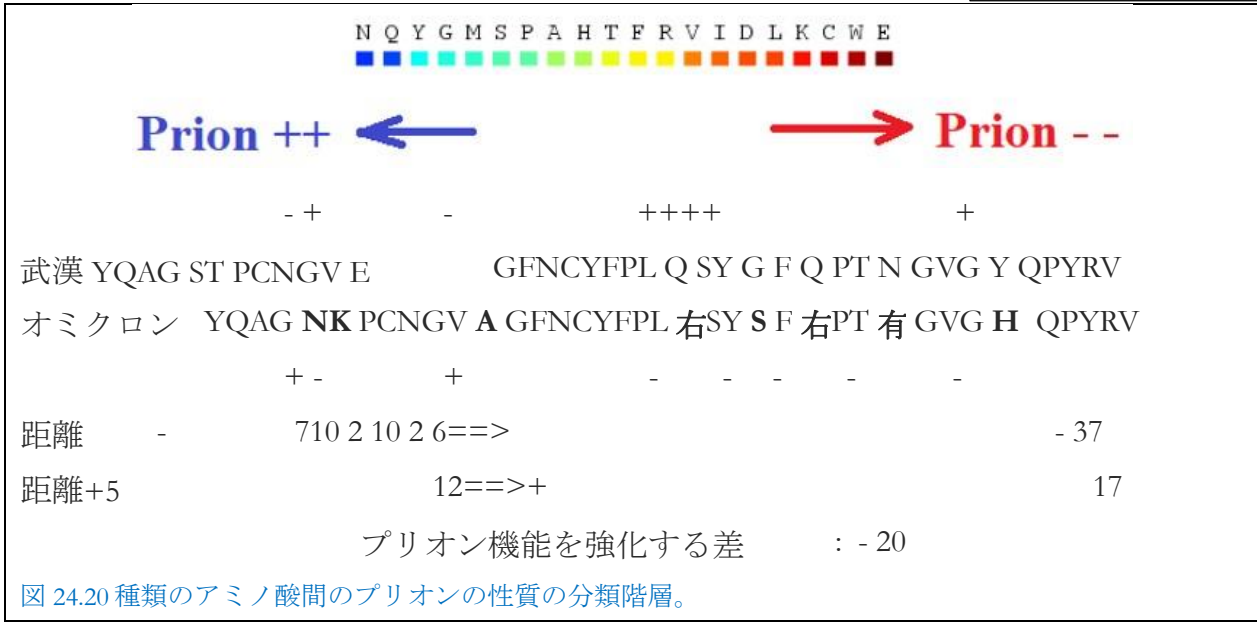
ZOOMPRIONWUHAN

TATCAGGCCCGGTAGCACACCTTGTAATGGTGTGTTGAAGGTTTAAATTGTTACTTTCCTTTACAA  
TCATATGGTTTCCAACCCACTAATGGTGTGTTGGTTACCAACCATACAGAGTA

図 24 の解析結果から、問題の小領域の 21% を占める 8 つのアミノ酸の変異が、実際には SoCal オミクロン株ウイルスによるプリオン機能の完全な消失の原因であると結論づけることができる。

次に 2 つの疑問が生じ、注意が必要となる:

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。



1/このプリオン領域は、武漢ウイルスが出現したときに「自然」であったのか(一部の主張、特に Fauci の共同研究者[Kennedy,2021]による記録)、それとも Fleming,2021 や、以前に本誌で Oller,2021,Hughes 2022,Santiago,2022a、Kyrie and Pittsburgh,2022a,2022b)によって公表された記事に沿った「キメラ」(危害を加えることを意図した何らかの人工生物兵器)であったのか。Broudy

2/プリオン機能の抑制はウイルスの「ヒト型化」後の自然な現象であったのか、それとも人為的な操作によるものであったのか。もし後者なら、何のために?オリジナルの武漢ウイルスの事前操作を隠蔽するため?あるいは、ヒトの免疫防御複合体はスパイク中のプリオン領域をこれほど正確に破壊できるのであろうか。後者の場合、なぜ Omicron 以前の武漢変異株には適用されなかったのであろうか。

前述の問題は依然として「未解決」であり、まだ決定的な答えは出ていない。

**SARS-COV2 ウイルスパンデミックの進化を代表する SARS-COV2 株、変異株、または「ワクチン」由来のスパイクタンパク質 25 種類におけるプリオン機能の可能性**

我々は、25 の SARS-CoV-2 ゲノムのスパイク配列を研究した。これらのスパイクにおいて、プリオンの機能性を有する可能性のある領域を検索した。そのためには、PLAAC のバイオインフォマティクスソフトウェア(Lancaster et al.,2014)と「マスターコード」を使用する。図 25 では、プリオン領域を武漢の SARS-CoV-2 およびオミクロンのスパイクと区別する 8 つのアミノ酸変異を思い出してほしい。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>)という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

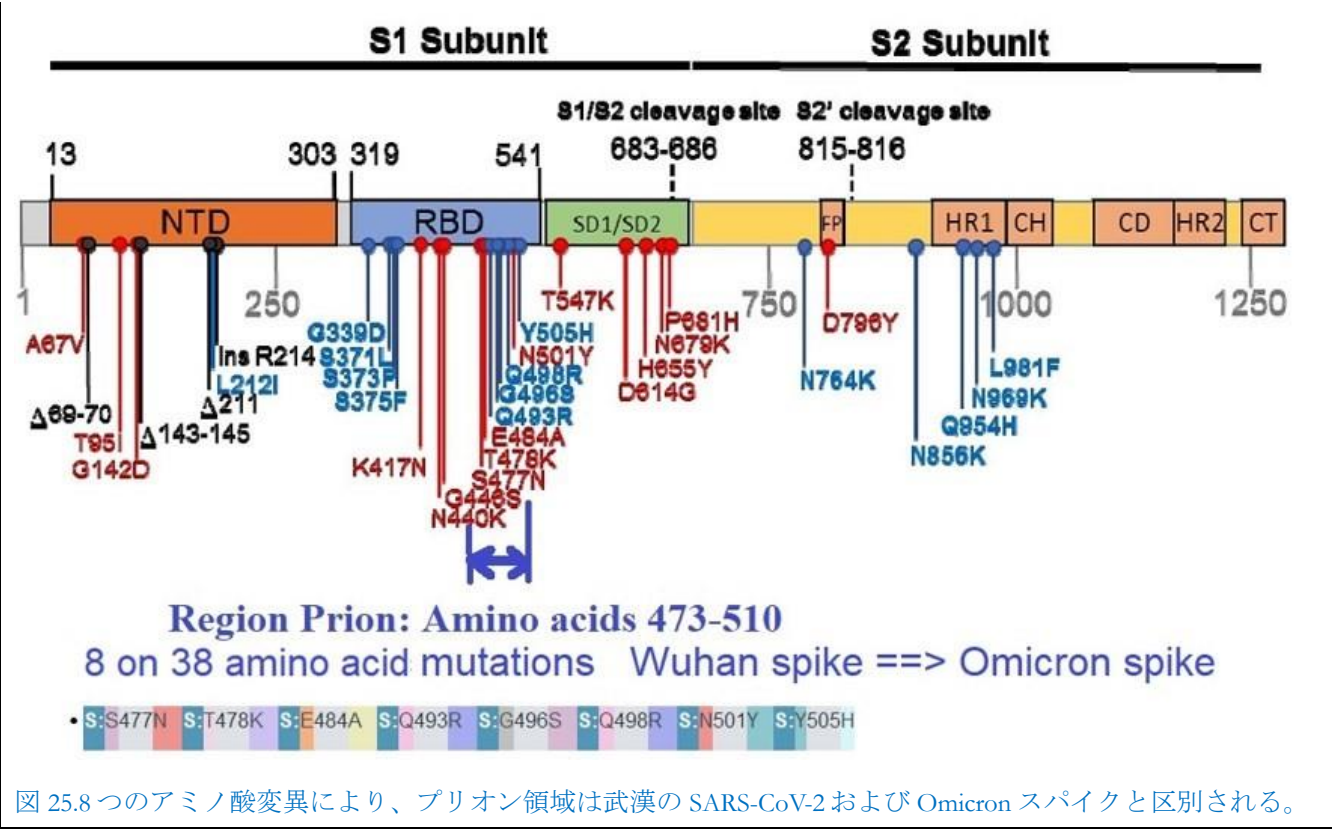


図 25 は、38 個のアミノ酸からなる小さなプリオン領域に隣接する 100 個のアミノ酸からなる領域に関するマスターコードのゲノム/プロテオミクス画像を示している。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っていません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

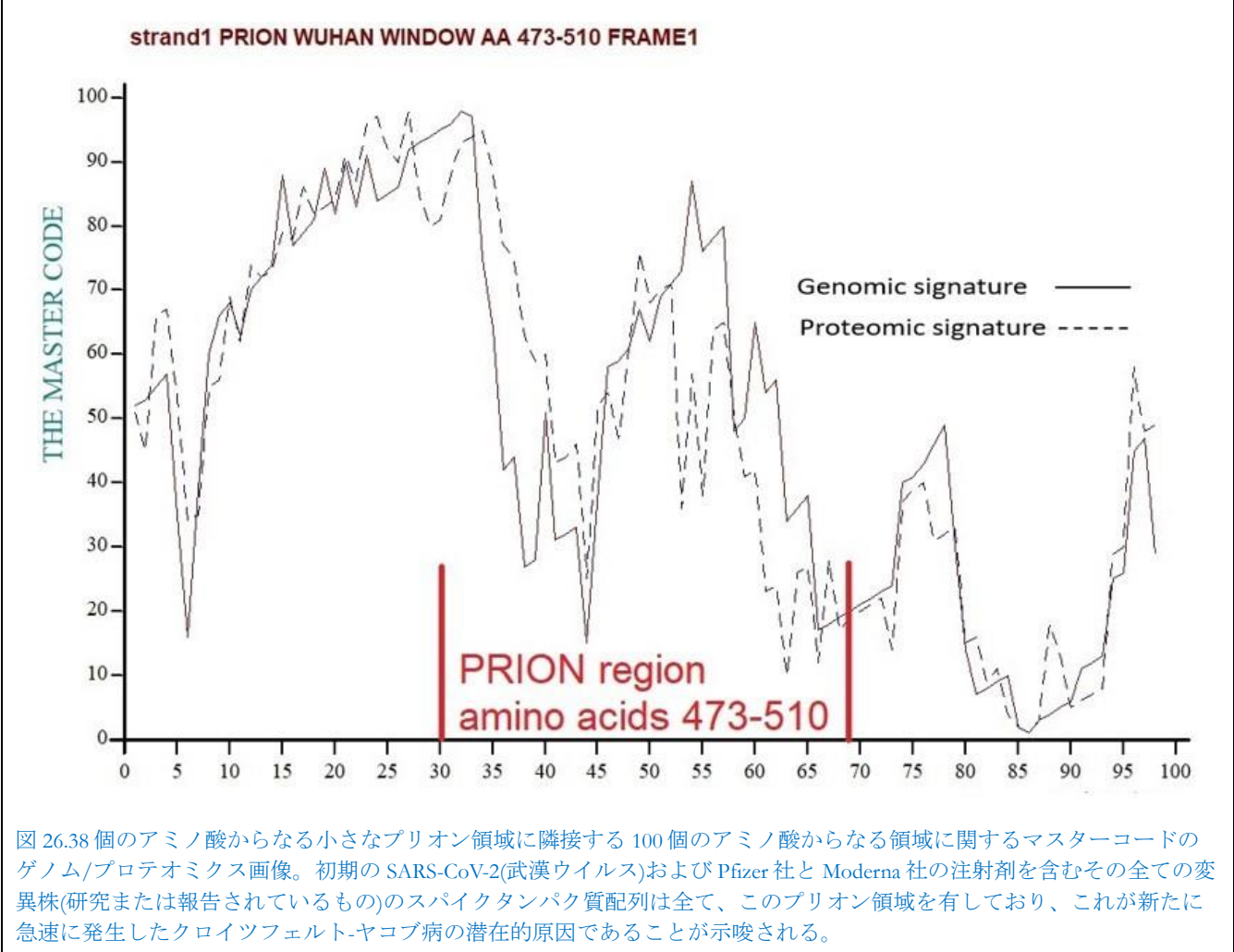


図 26.38 個のアミノ酸からなる小さなプリオン領域に隣接する 100 個のアミノ酸からなる領域に関するマスターコードのゲノム/プロテオミクス画像。初期の SARS-CoV-2(武漢ウイルス)および Pfizer 社と Moderna 社の注射剤を含むその全ての変異株(研究または報告されているもの)のスパイクタンパク質配列は全て、このプリオン領域を有しており、これが新たに急速に発生したクロイツフェルト-ヤコブ病の潜在的原因であることが示唆される。

26.38個のアミノ酸からなる小さなプリオン領域に隣接する100個のアミノ酸からなる領域に関するマスターコード **SARS-CoV-2の主な10変異株の代表的な菌株の解析** (武漢ウイルス)およびPfizer社とModerna社の注射剤を含むその全ての変異株(研究または報告されているもの)のスパイクタンパク質配列は全て、このプリオン領域を有しており、これが新たに急速に発生したクロイツフェルト-ヤコブ病の潜在的原因であることが示唆される。

図 23~26は、PLAACのソフトウェアおよびマスターコード法の両方を用いて、図 21に見られるようなスパイクの 500 番目のアミノ酸を中心とする(またはそれに非常に近い)プリオン領域の存在を示す。このプリオンは SARS-CoV-2 のデルタ変異株に存在するだけでなく(図 23),Pfizer 社および Moderna 社の「ワクチン」スパイクにも存在することがわかっている(図 24-26)。COVID-19 の「ワクチン」は武漢の SARS-CoV-2 のスパイクから作られたものであるため、論理的には全ての COVID-19 の「ワクチン」に含まれているはずである。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzczyv/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っておりません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

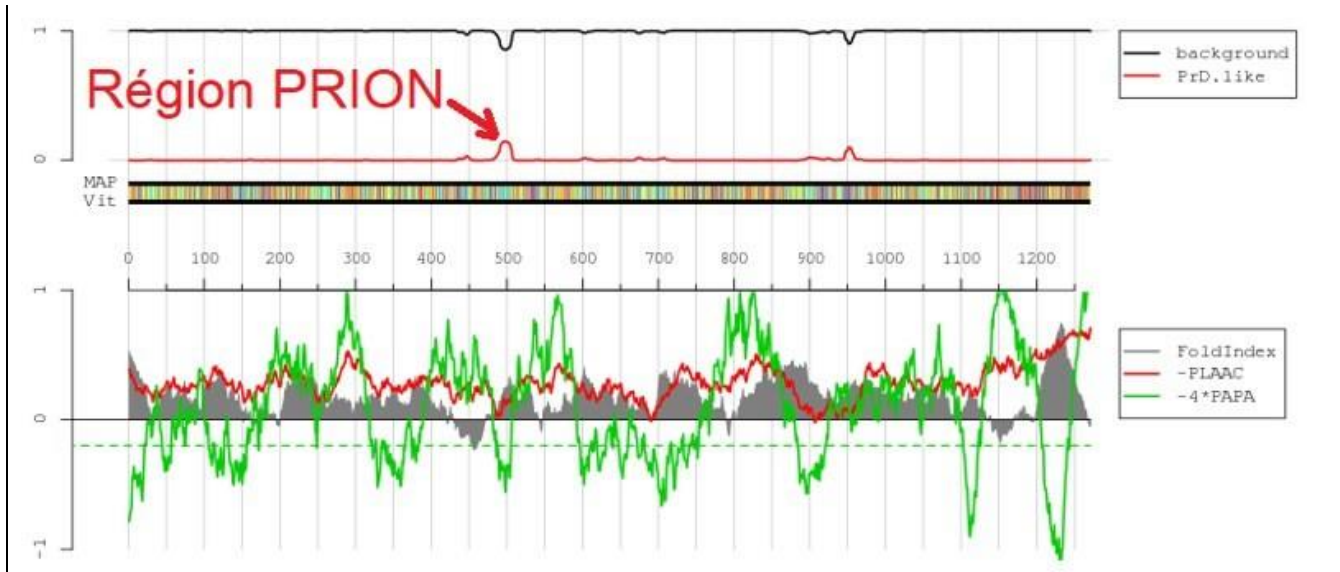


図 27.PLAACのソフトウェアは、Modernaのスパイクのアミノ酸500付近にプリオン領域が存在することが実証されている。

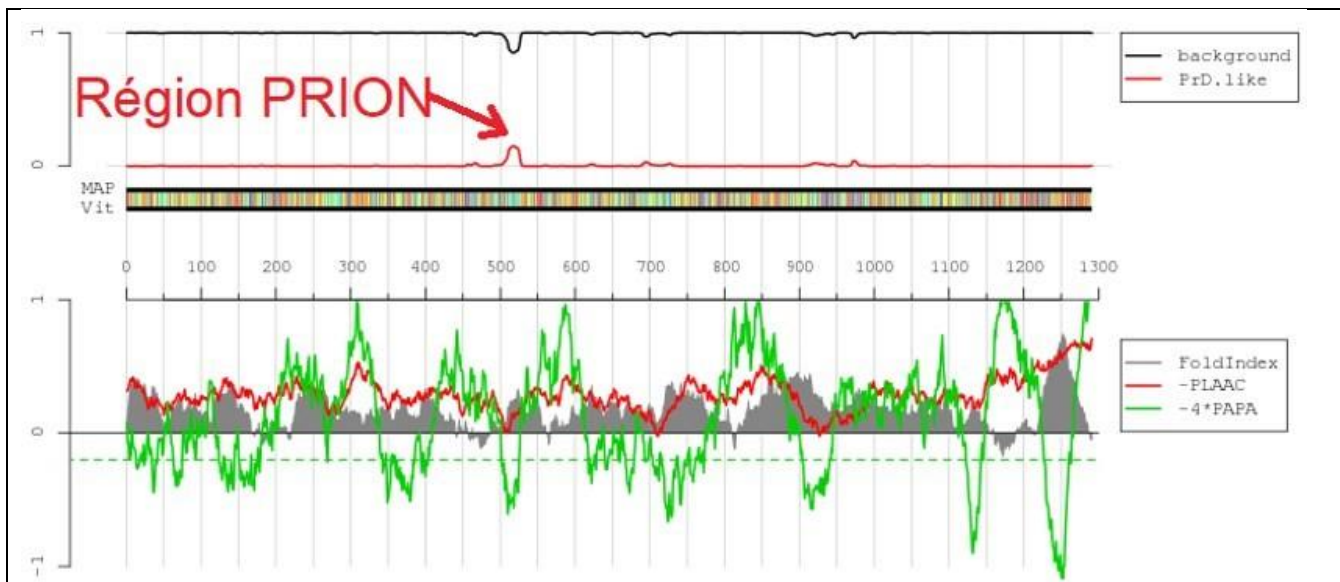


図 28.PLAACのソフトウェアにより、Pfizer社のCOVID-19「ワクチン」のスパイクの500番目のアミノ酸付近にプリオン領域が存在することが実証された。

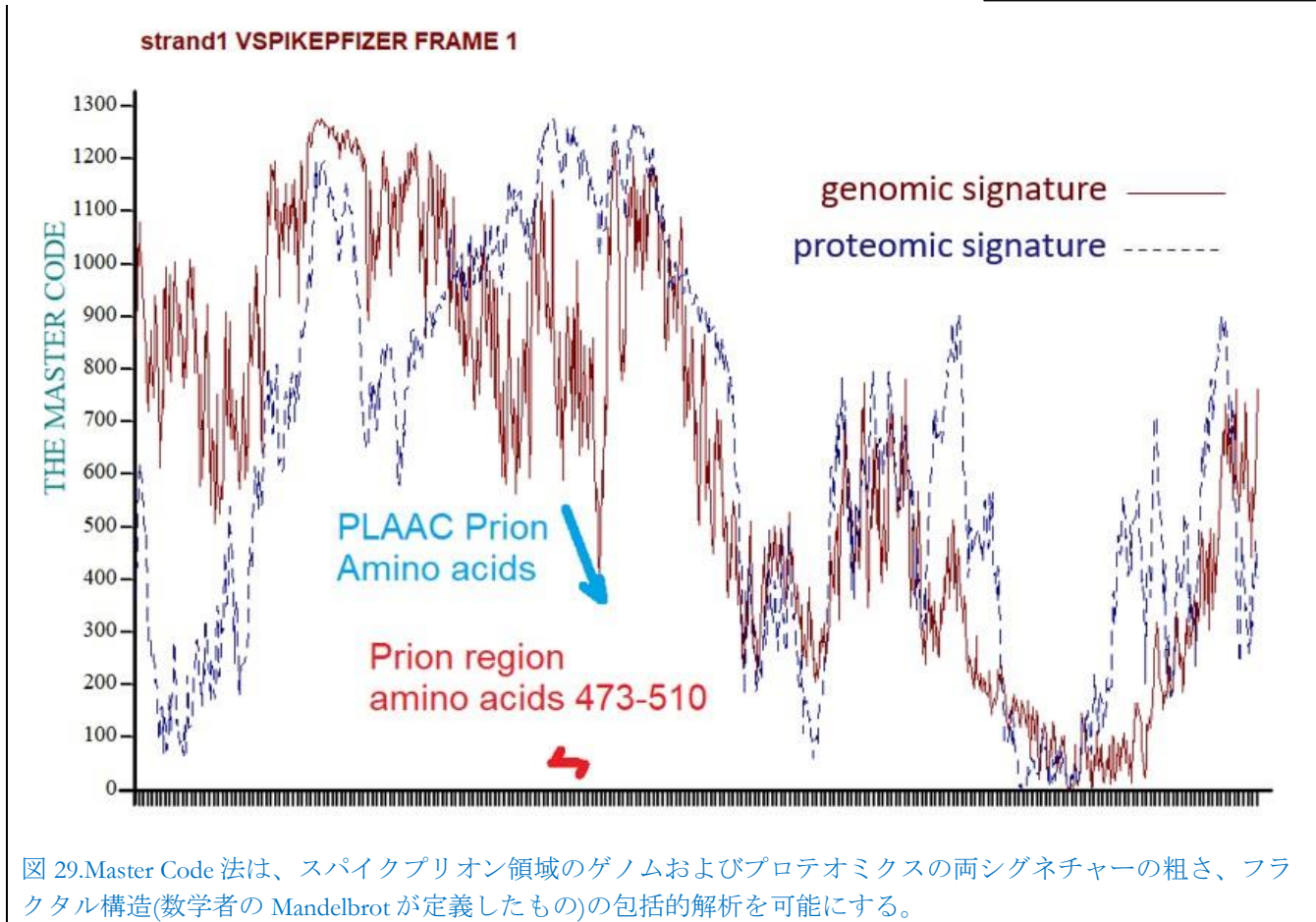


図 29.Master Code 法は、スパイクプリオン領域のゲノムおよびプロテオミクスの両シグネチャーの粗さ、フラクタル構造(数学者の Mandelbrot が定義したもの)の包括的解析を可能にする。

Perez(2021)が実証したように、図 29 の武漢スパイクプリオン領域と比較すると、Pfizer 社のワクチンのプリオン領域は、特にゲノムシグネチャーにおいて、フラクタルラフネスを伴う無秩序なマスターコード曲線を示すことが分かる

(Mandelbrot,1975,1982,2010;Pellionisz,2008,2012)。この粗さは、Seneff ら

(Pittsburgh&Nigh,2021;Seneff,Kyriakopoulos,et al.,2022;Seneff,Nigh,et al.,2022)が本誌で以前に考察したように、この配列に「G」塩基をドーピングすることによって生じるものであり、その目的はアミノ酸の配列を変えずに mRNA の安定度を増すことにあるようである。

SeneffPerez(2021)が指摘しているように、ゲノムシグネチャーのフラクタル特性は、コドンと特定のアミノ酸を連結する翻訳において許容される曖昧さ(「wobble」と呼ばれることもある;例えば、Mauro&Chappell,2014)に依存する。<sup>4</sup>

<sup>4</sup>編集者注:Pellionisz への言及は、Andras J.Pellionisz(コンピュータ、生物、物理の各分野で PhD を取得している)に感謝の意を表して編集者が追加したものである。我々はまた、この研究がここ IJVTPR に現れる前にレビューを行ってくれたことに感謝している。International Interdisciplinary Research Team のメンバーの皆様にも深く感謝いたします。メンバーの中には、場の量子論の著名な理論家である Ulrike Granögger 氏、University of Queensland,Australia の医学博士(退職)で MBBS の Gerry Brady 氏、1990 年の Bio-Pharmaceutical

PLAAC で実施された Moderna の「ワクチン」スパイクの解析では、Pfizer,Delta,Wuhan のスパイクでも認められたプリオン領域が再び明らかにされた。

---

Research&Development Company の共同設立者、2015 年の BOOM Finance and Economics が含まれている。二人のおかげである。

MFVFLVLLPLVSSQCVNLT\*TRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHSTQDLFLPFFSNVTWFH  
 AIHVS GTNGTKRFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNIIRGWIFGTTLDSKTQSLIVN NATNVVIKVC  
 EFQFCNDPFLGVYYHKNNKSWMESEFRVYSSANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLREFV  
 FKNIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINTRFQTLALHRSYLTPGDSSSGWTA  
 GAAAYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETKCTLKSFTVEKGIYQTSNFRVQPTES  
 IVRFPNITNLCPFGEVFNATRFASVYAWNRKRISNCVADYSVLYNSASFSTFKCYGVSP TKLNDLC  
 FTNVYADSFVIRGDEV RQIAPGQTGKIADYNYKLPDDFTGCVIAWNSNNDLSKVGGNYNLYR  
 LFRKSNLKPFERDISTEYQAGSTPCNGVEGFNCYFPLQSYGFQPTNGVGYQPYRVVLSFELLH  
 APATVCGPKKSTNLVKNKCVNFNENGLTGTGVLTESNKKFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTL  
 EILDITPCSGGVSVITPGTNTSNQVAVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTWRVYSTGSNVFQTRA  
 GCLIGAEHVNNSYECDIPIGAGICASYQTQTN SPRRARSVASQSIIAYTMSLGAENSVAYSNNNSIAI  
 PTNFTISVTTEILPVSMTK\*TSVDCTMYICGDSTECSNLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKNTQ  
 EVFAQVKQIYKTPPIKDFGGFNFSQILPDPSPKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGDCLGDIA  
 ARDLICAQKFNGLTVLPPLLTDEMI AQYTSALLAGTTTSGWTFGAGAALQIPFAMQMAYRFNGIG  
 VTQNVLYENQKLIANQFN SAIGKIQDSLSTASALGKLQDVVNQNAQALNTLVKQLSSNFGAIS  
 SVLNDILSRLDPPEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATKMSECVLGQSKRV  
 DFCGKGYHLM SFPQSAPHGVVFLHVTVVPAQEKNF\*TTAPAICH DGKAHFREGV FVSN GTHW  
 FVTQRNFYEPQIIT\*TDN\*TFVSGNCDVVIGIVNNTVYDPLQPELDSFKEELDKYFKNHTSPDVDL  
 GDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQYIKWPWYTWLGFIAGLIAIVMVT  
 IMLCCMTSCCSCLKGCCSCGSCCKFDEDDSEPVLKGVKLHYT

PLAAC のソフトウェアを用いて解析したところ、図 30 に示す武漢の SARS-CoV-2 のスパイク  
 プリオンは、Moderna スパイクの 500 番目のアミノ酸付近に予測どおり正確に存在していた。

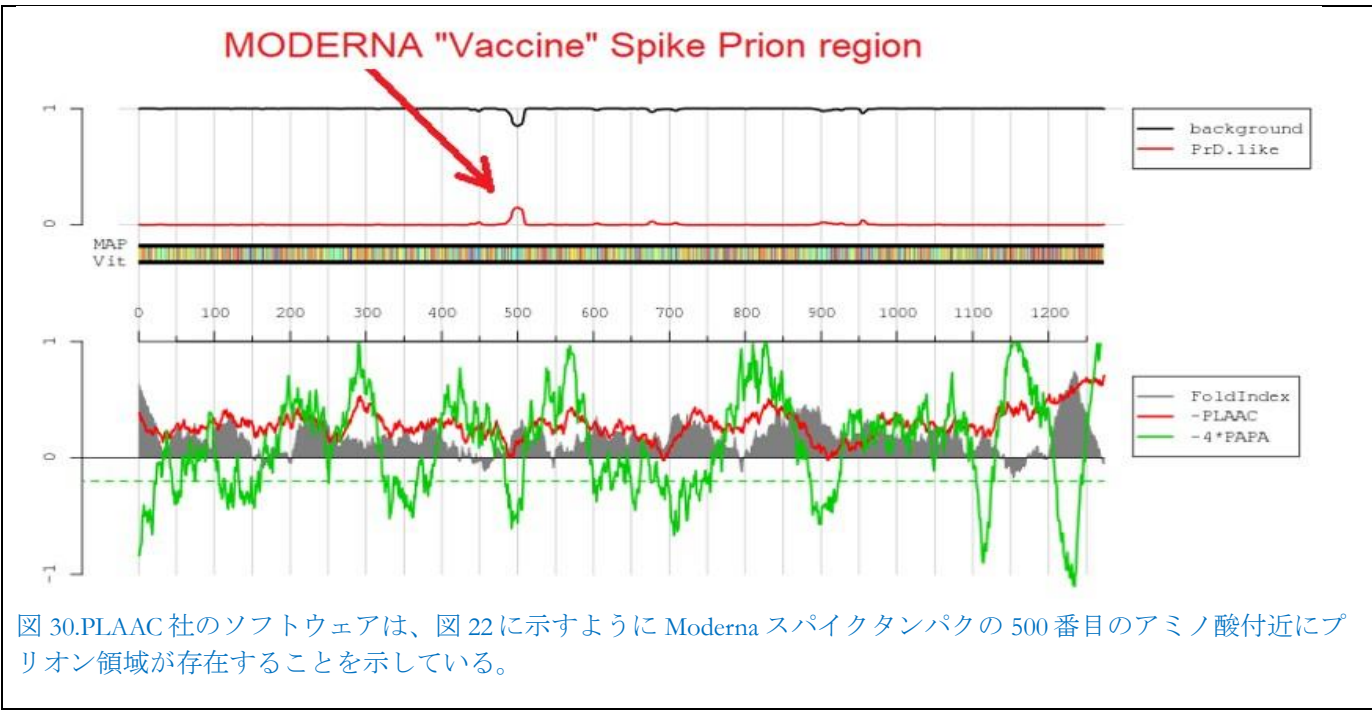


図 30.PLAAC 社のソフトウェアは、図 22 に示すように Moderna スパイクタンパクの 500 番目のアミノ酸付近にプ  
 リオン領域が存在することを示している。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等は行  
 っておりません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただき  
 ますようお願いいたします。



しかしながら、表4では、このプリオン領域は Bat RaTG13 には存在されていた Bat RaTG13 には存在しないことに注目している(例えば、Cohen,2020 および Swarajya Staff,2020 参照)。不思議なことに、それは ScovZC45 と ScovZXC21 に存在するが、それらのスパイクの最初の 50 個のアミノ酸の中であって、500 番目のアミノ酸の領域にはない。

表4 コウモリ RaTG13 を除く過去の SARS-CoV-2 によるスパイク検体におけるプリオン領域の有無

Identification of main SARS-CoV2, variants and vaccines	PRION region amino acids 473-510	Notes
SARS-CoV2 Wuhan	YES	
ALPHA (UK)	YES	
BETA (South Africa)	YES	
GAMMA (Brazil)	YES	
DELTA (India)	YES	
mRNA vaccins Pfizer	YES	
mRNA vaccins Moderna	YES	
batRaTG13	NO	Prion region totally absent
ScovZC45	YES (shifted)	In the 50 first amino acids
ScovZXC21	YES (shifted)	In the 50 first amino acids

#### オミクロンの世界初の7症例の分析

この節では、南アフリカ、ヨーロッパ、米国、カナダにおけるオミクロン感染症の最初の症例について検討する。これらの ALL 症例では、プリオン領域が消失している(表5)。

表5  
プリオン領域が検出されなかった最初のオミクロン感染症例7例

Ref	Identification of first Omicron worldwide patient strains	Prion region
SOSA1	One of the 3 first cases in South Africa	none
SOSA2	One of the 3 first cases in South Africa	none
SOSA3	One of the 3 first cases in South Africa	none

SOBEL	First case in Belgium	none
SOCAN	First case in Canada	none
SOMIN	Second case in USA and first case in Minesota	none
SUK	First case in UK	none
<b>Results</b>		<b>None</b>

GENBANK からランダムに選択された米国 OMICRON の患者 8 名の分析

このサブセクションでは、米国の様々な州でオミクロンの感染がみられた 8 人の患者の症例を検討するが、これら 8 人全員でプリオン領域が消失している。

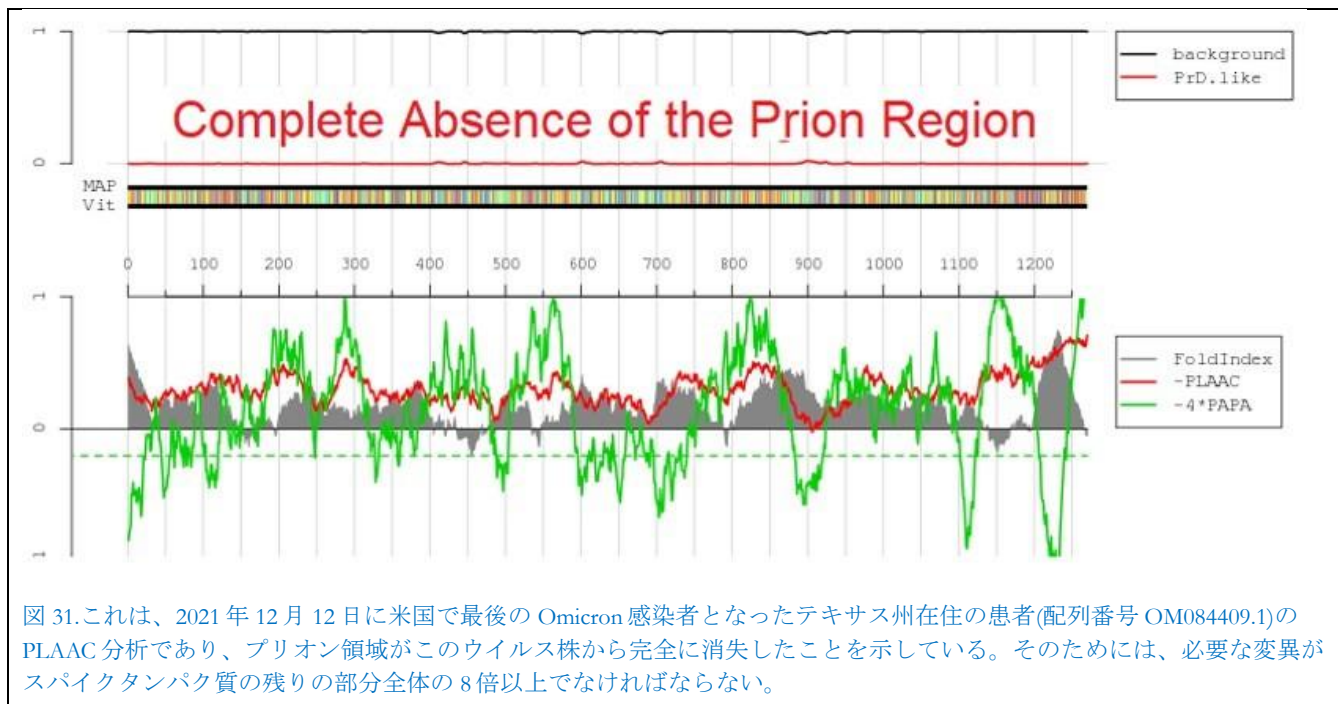


表 6

プリオン領域が全ての州から完全に消失したことを示した米国各州のオミクロン 7 症例の PLAAC 解析

Ref	Identification Omicron USA patient strain	Prion region
SUSA1	Sequence ID: <a href="#">OM084744.1</a> USA/KY	none
SUSA2	Sequence ID: <a href="#">OM084702.1</a> USA/KY	none
SUSA3	Sequence ID: <a href="#">OM084601.1</a> USA/TN	none

SUSA4	Sequence ID: <b>OM084601.1</b> USA/TN	none
SUSA5	Sequence ID: <b>OM084538.1</b> USA/KY	none
SUSA6	Sequence ID: <b>OM084529.1</b> USA/IN	none
SUSA7	Sequence ID: <b>OM084430.1</b> USA/OH	none
SUSA8	Sequence ID: <b>OM084409.1</b> USA/TX	none
<b>Results</b>		<b>None</b>

表 7  
SARS-CoV2 の様々な変異株およびワクチンのプリオン領域

Identification of main SARS-CoV-2 variants	PRION region amino acids 473-510 detected by PLAAC	PRION region amino acids 473-510 not detected by PLAAC
SARS-CoV-2 Wuhan (D614G)	YES	
ALPHA (UK)	YES	
BETA (South Africa)	YES	
GAMMA (Brazil)	YES	
DELTA (India)	YES	
<b>OMICRON (South Africa)</b>		<b>YES</b>
Identification of SARS-CoV-2	PRION region	PRION region
<b>mRNA vaccine Pfizer</b>	<b>YES</b>	
<b>mRNA vaccine Moderna</b>	<b>YES</b>	
<b>Astra Zeneca vaccine</b>	<b>YES</b>	
<b>Janssen vaccine</b>	<b>YES</b>	

プリオンマスターコード画像の W または M 構造の意味

著者らは、全てのプリオンが「W」または「M」の形をしたマスターコードの画像パターンを示すことを観察した。また、PLAAC で検出されたプリオン領域は、これらの画像の下行部と一致していた。数年前、我々は普遍的な遺伝コードの 64 個のコドンの配列によって形成される一種の仮説的遺伝子を想像するというアイデアを思いついた。その場合、マスターコード

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等を行っていません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

中のゲノム/プロテオミクスの特徴は何となるか？それは図 7>>に示すものである。不思議なことに、この図も「M」字型をしている。

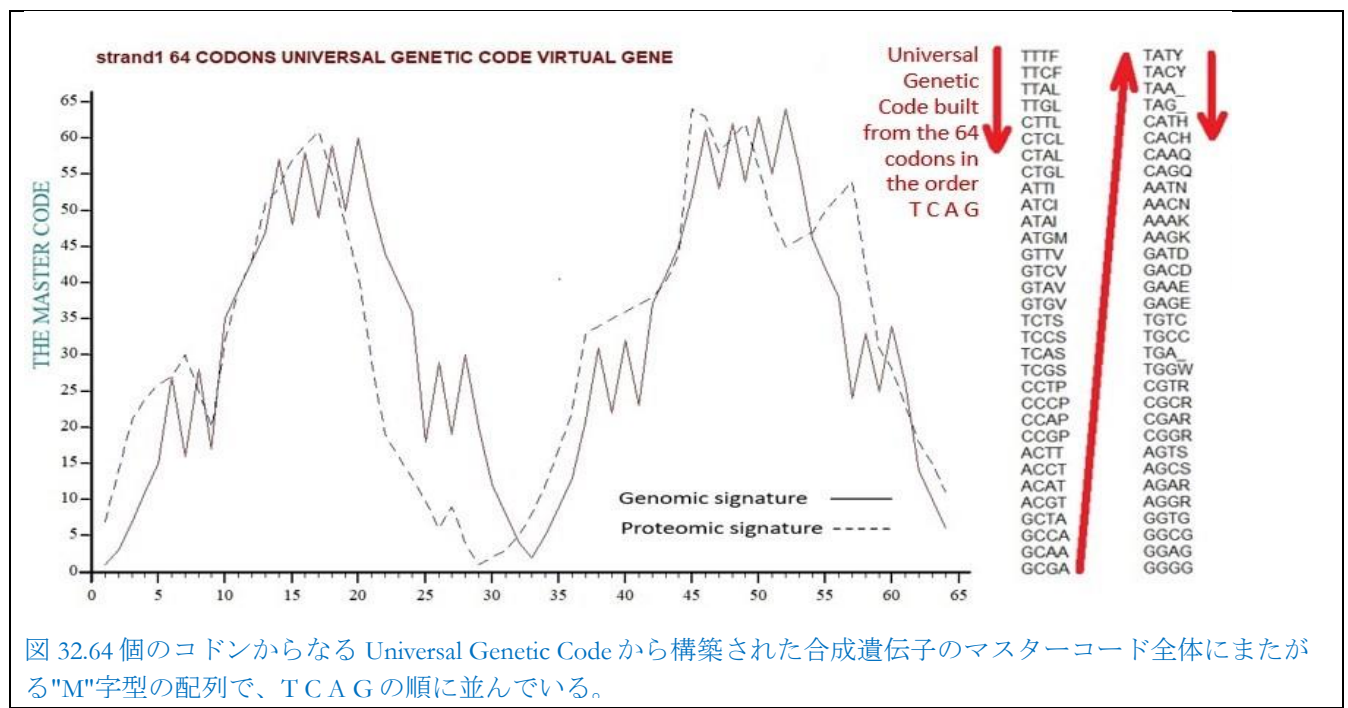


図 32.64 個のコドンからなる Universal Genetic Code から構築された合成遺伝子のマスターコード全体にまたがる "M" 字型の配列で、T C A G の順に並んでいる。

遺伝暗号の表(図 5 の右側)では、コドンは TCAG の順に分類されている。また、TCAG メタオーダーに続くマスターコード画像のメタ構造を決定するのは、コドントリプレットの 2 番目の塩基であることも観察される(図 5 の左側)。その結果、両 "M" パターンの下行部は C と G 塩基に富んでいる。したがって、PLAAC によって検出されるプリオン領域は、二本鎖 DNA の CG の豊富さが増すにつれて規則的な「下行性」の形状を示す領域である。最後に、Pfizer 社と Moderna 社の mRNA ワクチンには、対応するアミノ酸を修飾することなく(遺伝コードで許容されている曖昧さを利用して)CG 塩基が添加されていたことに注目したい。したがって、そのプリオン領域は最初の武漢スパイク株のプリオン領域とアミノ酸レベルでは同一のままであるが、mRNA からアミノ酸への翻訳の過程で、例えば COVID-19 の注射剤を調査した様々な研究者によって最近議論されたように(Sarlangue ら、2021),電磁気源などから何らかのエネルギー動態が導入されれば、この CG 塩基のドーピングによってワクチンのプリオン効果が増幅される可能性があると考えられる。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz>) という機械(AI)翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

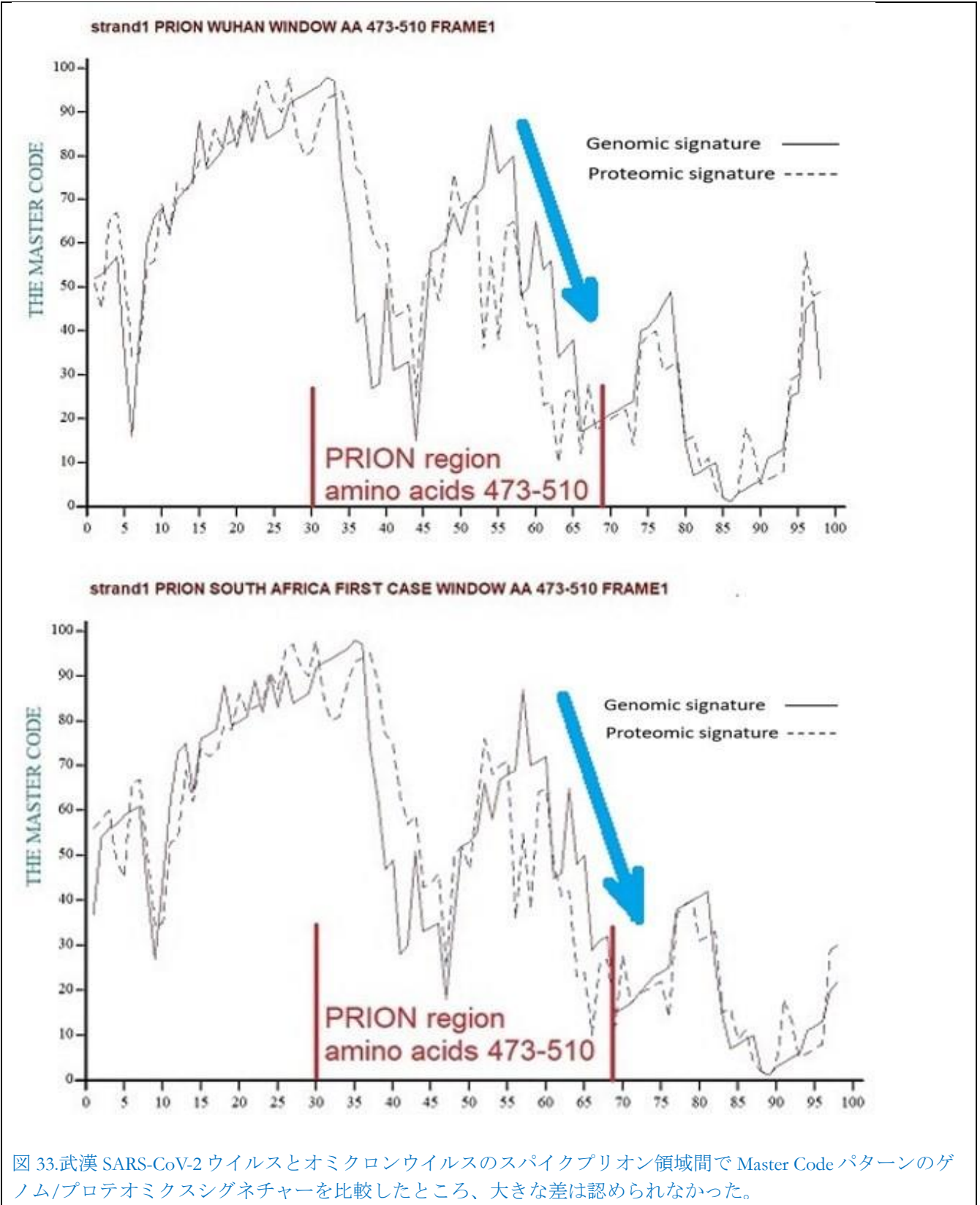


図 33.武漢 SARS-CoV-2 ウイルスとオミクロンウイルスのスパイクプリオン領域間で Master Code パターンのゲノム/プロテオミクスシグネチャーを比較したところ、大きな差は認められなかった。

\*本翻訳は MediTRANS (<http://www.mcl-corp.jp/meditrans/cvzcvz/>) という機械 (AI) 翻訳エンジンによるものであり、人による翻訳内容の検証等はありません。従いまして本翻訳の利用に際しては、原著論文が正であることをご理解の上、あくまでも個人の理解のための参考に留めていただきますようお願いいたします。

図 33 では、SARS-CoV-2 武漢とオミクロンのそれぞれのプリオン領域のマスターコード画像は非常に類似しているように見えるが、武漢からオミクロンへのこの領域の移行は、このプリオン領域の 8 つのアミノ酸変異に起因しており、ゲノム/プロテオミクス結合が 88.45%⇒90.63%から 2%以上改善されたことに注目する。これは、Omicron ウイルスがヒト宿主によりよく適応した結果であると解釈される。全ての COVID-19 ワクチンのスパイクに加えて、全てのプレオミクロン変異株のスパイクでもこのプリオン領域を強調することで、このプリオン領域の妥当性と一貫性について議論することは興味深い。このような示唆的な定性的比較の弱点は、結果が定性的なままであることである。関連するすべての事例を定量的に評価することができれば、比較はより決定的なものとなるであろう。SARS-CoV-2 のプリオン領域の PLAAC 強度がヒトのプリオン PRNP と比較して低いままであることを考慮すると、武漢の症例とオミクロンの症例でそのような対照が存在するとすれば、それは抑制または否定による一種の経験的証明となる。実際、このプリオン領域がどの変異によってどのように消失するかを実証するのである。そして実際、この論文で分析したすべてのオミクロン変異株からどのようにして消失したのかを明らかにした。そうすることで、我々の経験的証明は非常に強固なものとなる。それは、物体の影を使って光の存在を証明することに似ている。残念なことに、COVID-19 ワクチンの接種直後に一部の人に新たな形態のクロイツフェルト-ヤコブ病が急速に発生した実際の症例(本稿の本文で提示した症例)は、我々が検出したと考えている仮想的な原因プリオン機能が実際に存在することを示しているように思われる。

## References

- Broudy, D., Bergman, T., & Ed Rankin. (2020, February 20). Telecom Jackboot: A 5G Kick to the Groin. *OffGuardian*. <https://off-guardian.org/2020/02/20/telecom-jackboot-a-5g-kick-to-the-groin/>
- Classen, J. B. (2021a). COVID-19 RNA based vaccines and the risk of prion disease. *Microbiology & Infectious Diseases*, 5(1), 1–3. <https://principia-scientific.com/covid-19-rna-based-vaccines-and-the-risk-of-prion-disease/>
- Classen, J. B. (2021b). US COVID-19 vaccines proven to cause more harm than good based on pivotal clinical trial data analyzed using the proper scientific endpoint, “all cause severe morbidity.” *Trends in Internal Medicine*, 1(1), 1–6. [available here](#)
- Cohen, J. (2020). Wuhan coronavirus hunter Shi Zhengli speaks out. *Science*. <https://science.sciencemag.org/content/369/6503/487.full>
- Doyer, M. (2021, October 31). *Marc Doyer rejoint VERITY France*. Verity-France. <https://www.verity-france.org/marc-doyerrejoint-verity-france/>
- Fleming, D. R. M. (2021). *Is COVID-19 a Bioweapon? A Scientific and Forensic Investigation*. Skyhorse. <https://www.simonandschuster.com/books/Is-COVID-19-a-Bioweapon/Richard-M-Fleming/Children-s-HealthDefense/9781510770195>
- Green, A. J. (2019). RT-QuIC: A new test for sporadic CJD. *Practical Neurology*, 19(1), 49–55.
- Haute-Garonne, S., Toulouse, & Haute-Garonne, Ps., Toulouse,. (2022, March 27). *L'Inrae reconnaît que la technicienne toulousaine morte de Creutzfeldt-Jakob a été victime d'un accident de laboratoire [Inrae recognizes that the dead Toulouse technician from Creutzfeldt-Jakob was the victim of a laboratory accident]*. ladepeche.fr. <https://www.ladepeche.fr/2022/03/17/linrae-reconnait-que-latechnicienne-toulousaine-morte-de-creutzfeldt-jakob-a-ete-victime-dun-accident-de-laboratoire-10176126.php>
- Herrmann, U. S., Sonati, T., Falsig, J., Reimann, R. R., Dametto, P., O'Connor, T., Li, B., Lau, A., Hornemann, S., & Sorce, S. (2015). Prion infections and anti-PrP antibodies trigger converging neurotoxic pathways. *PLoS Pathogens*, 11(2), e1004662. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1004662>
- Hu, B., Guo, H., Zhou, P., & Shi, Z.-L. (2020). Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. *Nature Reviews Microbiology*, 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-00459-7>

- Hughes, D. A. (2022). What is in the so-called COVID-19 “vaccines”? Part 1: evidence of a global crime against humanity. *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 2(2), 455–586. <https://doi.org/10.56098/ijvtpr.v2i2.52>
- Idrees, D., & Kumar, V. (2021). SARS-CoV-2 spike protein interactions with amyloidogenic proteins: Potential clues to neurodegeneration. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 554, 94–98. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2021.03.100>
- Iwasaki, Y., Akagi, A., Mimuro, M., Kitamoto, T., & Yoshida, M. (2015). Factors influencing the survival period in Japanese patients with sporadic Creutzfeldt–Jakob disease. *Journal of the Neurological Sciences*, 357(1), 63–68. <https://doi.org/10.1016/j.jns.2015.06.065>
- Kennedy, R. F., Jr. (2021). *The Real Anthony Fauci: Bill Gates, Big Pharma, and the Global War on Democracy and Public Health*. Skyhorse Publishing. <https://www.simonandschuster.com/books/Thimerosal-Let-the-Science-Speak/Robert-FKennedy/9781632206015>
- Kushnirov, V. V., Kochneva-Pervukhova, N. V., Chechenova, M. B., Frolova, N. S., & Ter-Avanesyan, M. D. (2000). Prion properties of the Sup35 protein of yeast *Pichia methanolica*. *The EMBO Journal*, 19(3), 324–331.
- Kuvandik, A., Özcan, E., Karaduman, S., & Sungurtekin, H. (2022). Creutzfeldt-Jakob Disease After the Coronavirus Disease2019 Vaccination. *Turkish Journal of Intensive Care*, 20(1), 61–64. <https://doi.org/10.4274/tybd.galenos.2021.91885>
- Kyrie, V., & Broudy, D. (2022a). Cyborgs R Us: The bio-nano panopticon of injected bodies? *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 2(2), 355–383. <https://doi.org/10.56098/ijvtpr.v2i2.49>
- Kyrie, V., & Broudy, D. (2022b). The Covid-19 concoction: A recipe for successful psychological operations. *Propaganda in Focus*, 7901. <https://propagandainfocus.com/the-covid-19-concoction-a-recipe-for-successful-psychological-operations/>
- Lancaster, A. K., Nutter-Upham, A., Lindquist, S., & King, O. D. (2014). PLAAC: A web and command-line application to identify proteins with prion-like amino acid composition. *Bioinformatics*, 30(17), 2501–2502. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu310>
- Lazarus, R., Klompas, M., Bernstein, S., & Harvard Pilgrim Health Care, Inc. (2010). *Electronic Support for Public Health–Vaccine Adverse Event Reporting System (ESP-VAERS)* (p. 7). Harvard Pilgrim Health Care, Inc. <https://healthit.ahrq.gov/sites/default/files/docs/publication/r18hs017045-lazarus-final-report-2011.pdf>
- Lemstra, A. W., Van Meegen, M. T., Vreyling, J. P., Meijerink, P. H. S., Jansen, G. H., Bulk, S., Baas, F., & Van Gool, W. A. (2000). 14-3-3 testing in diagnosing Creutzfeldt–Jakob disease: A prospective study in 112 patients. *Neurology*, 55(4), 514–516. <https://n.neurology.org/content/55/4/514.short>
- Mandelbrot, B. (1975). Stochastic models for the Earth’s relief, the shape and the fractal dimension of the coastlines, and the number-area rule for islands. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 72(10), 3825–3828. <https://doi.org/10.1073/pnas.72.10.3825>
- Mandelbrot, B. (1982). *The Fractal Geometry of Nature*. Times Books. [https://www.goodreads.com/book/show/558059.The\\_Fractal\\_Geometry\\_of\\_Nature](https://www.goodreads.com/book/show/558059.The_Fractal_Geometry_of_Nature)
- Mandelbrot, B. (2010). *Fractals and the art of roughness*. (2010, July 6). <https://www.youtube.com/watch?v=ay8OMOs6AQ>
- Markov, A. A. (1971). Extension of the Limit Theorems of Probability Theory to a Sum of Variables Connected in a chain. In R. Howard (Ed.), *Dynamic Probabilistic Systems, Volume 1: Markov Chains* (p. Appendix B). John Wiley & Sons. Available [here](#).
- Mauro, V. P., & Chappell, S. A. (2014). A critical analysis of codon optimization in human therapeutics. *Trends in Molecular Medicine*, 20(11), 604–613. <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2014.09.003>
- McAlary, L., Plotkin, S. S., Yerbury, J. J., & Cashman, N. R. (2019). Prion-like propagation of protein misfolding and aggregation in Amyotrophic Lateral Sclerosis. *Frontiers in Molecular Neuroscience*, 12. <https://doi.org/10.3389/fnmol.2019.00262>
- Montagnier, L. & RAIR Foundation USA (Directors). (2021, May 18). *Nobel Prize Winner Prof. Dr. Luc Montagnier – COVID Vaccines Are Creating the Variants and Deaths*. <https://www.bitchute.com/video/TciZzrFDpMxf/>
- Montagnier, L., & World Freedom Alliance. (2021, November 10). Luc Montagnier: “They Are Not Vaccines, They Are Poisons” – Speech To The Luxembourg Parliament. *World Freedom Alliance Australia*. <https://worldfreedomalliance.org/au/news/luc-montagnier-they-are-not-vaccines-they-are-poisons-speech-to-theluxembourg-parliament/>
- Montagnier, L. & RAIR Foundation USA. (2021, May 18). *Nobel Prize Winner Prof. Dr. Luc Montagnier – COVID Vaccines Are Creating the Variants and Deaths*. <https://www.bitchute.com/video/TciZzrFDpMxf/>

- Moore, M. (2021, August 2). Prion Research Suspended in France as Researcher Dies from Creutzfeldt-Jakob Disease. *Gilmore Health News*. <https://www.gilmorehealth.com/prion-research-suspended-in-france-as-researcher-dies-from-creutzfeldtjakob-disease/>
- Moret-Chalmin, C. T. (2022, March 24). *The case of Doyer Mauricette and 9 Creutzfeldt-Jakob Cases in 2021*. 16th World Congress on Controversies in Neurology (CONy), London. <https://cony2022.comtecmed.com/>
- Nonaka, T., Masuda-Suzukake, M., Arai, T., Hasegawa, Y., Akatsu, H., Obi, T., Yoshida, M., Murayama, S., Mann, D. M. A., Akiyama, H., & Hasegawa, M. (2013). Prion-like Properties of Pathological TDP-43 Aggregates from Diseased Brains. *Cell Reports*, 4(1), 124–134. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2013.06.007>
- Oller, J. W. (2021). Weaponized Pathogens and the SARS-CoV-2 Pandemic. *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 1(2), 172–208. <https://doi.org/10.56098/ijvtp.v1i2.16>
- Orrú, C. D., Groveman, B. R., Hughson, A. G., Zanusso, G., Coulthart, M. B., & Caughey, B. (2015a). Rapid and sensitive RTQuIC detection of human Creutzfeldt-Jakob disease using cerebrospinal fluid. *MBio*, 6(1), e02451-14. <https://doi.org/10.1128/mBio.02451-14>
- Pellionisz, A. J. (2008). The principle of recursive genome function. *The Cerebellum*, 7(3), 348–359. <https://doi.org/10.1007/s12311-008-0035-y>
- Pellionisz, A. J. (2012). The decade of fractogene: From discovery to utility — Proofs of concept open genome-based clinical applications. *International Journal of Systemics, Cybernetics and Informatics*, 17–28. [www.junkdna.com/pellionisz\\_decade\\_of\\_fractogene.pdf](http://www.junkdna.com/pellionisz_decade_of_fractogene.pdf)
- Pellionisz, A. J., Graham, R., Perez, J.-C., & Pellionisz, P. A. (2012). Recursive genome function of the cerebellum: Geometric unification of neuroscience and genomics (section 4). In M. Manto, D. L. Gruol, J. D. Schmahmann, N. Kobichu, & F. Rossi (Eds.), *Handbook of the Cerebellum and Cerebellar Disorders* (pp. 1381–1423). <http://fr.scribd.com/doc/111439455/BOOK>
- Perez, J.-C. (2009). *Codex biogenesis—Les 13 codes de l'ADN [Codex Biogenesis—The 13 Codes of DNA*. M. Pietteur. <https://livre.fnac.com/a2711702/Jean-Claude-Perez-Codex-biogenesis-Les-13-codes-de-l-ADN>
- Perez, J.-C. (2015). Deciphering hidden DNA meta-codes—the great unification & Master Code of Biology. *Journal of Glycomics & Lipidomics*, 5(2), 1. <https://www.longdom.org/open-access/deciphering-hidden-dna-metacodes-the-great-unificationamp-master-code-of-biology-11590.html>
- Perez, J.-C. (2017a). The Master Code of biology: From prions and prions-like invariants to the self-assembly thesis. *Biomedical Journal of Scientific and Technical Research*, 1(4), 001–002. <https://biomedres.us/pdfs/BJSTR.MS.ID.000369.pdf>
- Perez, J.-C. (2017b). The “Master Code of Biology”: Self-assembly of two identical peptides beta A4 1-43 “Amyloid” in Alzheimer’s Diseases. *Biomed J Sci & Tech Res*, 1(4), 2017. <https://biomedres.us/pdfs/BJSTR.MS.ID.000394.pdf>
- Perez, J.-C. (2021). *SARS-CoV-2 variants and vaccines mRNA spikes Fibonacci numerical UA/CG metastructures*. <https://doi.org/10.29121/granthaalayah.v9.i6.2021.4040>
- Perez, J.-C., Lounnas, V., & Montagnier, M. (2021). The Omicron variant breaks the evolutionary lineage of SARS-CoV-2 variants. *International Journal of Research -GRANTHAALAYAH*, 9(12), Article 12. <https://doi.org/10.29121/granthaalayah.v9.i12.2021.4418>
- Perez, J.-C., & Montagnier, L. (2021). Six fractal codes of life from bioatoms atomic mass to chromosomes numerical standing waves: Three breakthroughs in astrobiology, cancers, and artificial intelligence. *International Journal of Research—Granthaalayah*, 9, 133–191, <https://doi.org/10.29121/granthaalayah.v9.i9.2021.4191>
- Pharmaceutical Technology. (2022, October 3). Covid-19 Vaccination Tracker. *Pharmaceutical Technology*. <https://www.pharmaceutical-technology.com/covid-19-vaccination-tracker/>
- Prusiner, S. B. (1997). *The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1997*. NobelPrize.Org. <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1997/prusiner/facts/>
- Redshaw, M. (2022, April 11). *Exclusive: Son Describes Mother’s Death After Moderna Shot • Children’s Health Defense*. <https://childrenshealthdefense.org/defender/exclusive-son-describes-mothers-death-moderna-shot/>
- Rhoads, D. D., Wrona, A., Foutz, A., Blevins, J., Glisic, K., Person, M., Maddox, R. A., Belay, E. D., Schonberger, L. B., & Tatsuoka, C. (2020). Diagnosis of prion diseases by RT-QuIC results in improved surveillance. *Neurology*, 95(8), e1017–e1026. <https://n.neurology.org/content/95/8/e1017.abstract>



- Santé Publique France. (2021, December 2). Maladie de Creutzfeldt-Jakob [Creutzfeldt-Jakob Disease]. *Santé Publique France*. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-infectieuses-d-origine-alimentaire/maladie-decreutzfeldt-jakob>
- Santiago, D. (2022a). A partial answer to the question posed by David A. Hughes, Phd, in the article: “What is in the so-called COVID-19 ‘vaccines’? Part 1: evidence of a global crime against humanity.” *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 2(2), 587–594. <https://doi.org/10.56098/ijvtpr.v2i2.56>
- Santiago, D. (2022b). Playing Russian Roulette with every COVID-19 injection: The deadly global game. *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 2(2), 619–650. <https://doi.org/10.56098/ijvtpr.v2i2.36>
- Sarlangué, G., Devilleger, J., Trillaud, P., Fouchet, S., Taillasson, L., Catteau, G., & Zeneca, A. (2021). *Projet Bluetooth Expérience X*. <http://fpoinsot.free.fr/Doc/Experience.pdf>
- Seneff, S., Kyriakopoulos, A. M., Nigh, G., & McCullough, P. A. (2022). *SARS-CoV-2 Spike Protein in the Pathogenesis of Prion-like Diseases*. <https://doi.org/10.22541/au.166069342.27133443/v1>
- Seneff, S., & Nigh, G. (2021). Worse Than the Disease? Reviewing Some Possible Unintended Consequences of the mRNA Vaccines Against COVID-19. *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research*, 2(1), 38–79. <https://doi.org/10.56098/ijvtpr.v2i1.23>
- Seneff, S., Nigh, G., Kyriakopoulos, A. M., & McCullough, P. A. (2022). Innate immune suppression by SARS-CoV-2 mRNA vaccinations: The role of G-quadruplexes, exosomes, and MicroRNAs. *Food and Chemical Toxicology*, 164, 113008. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2022.113008>
- Société, Toulouse, Haute-Garonne. (2022, December 9). Chercheuse morte de Creutzfeldt-Jakob: L’émotion à l’École nationale vétérinaire de Toulouse [Researcher dies of Creutzfeldt-Jakob: Emotion at the National Veterinary School of Toulouse]. *ladepeche.fr*. <https://www.ladepeche.fr/2021/12/01/a-lecole-veterinaire-de-toulouse-dans-le-labo-outravaillait-la-technicienne-victime-de-la-maladie-de-creutzfeldt-jakob-9964416.php>
- Swarajya Staff. (2020, July 5). China: COVID-19 like virus from a bat-infested mine that caused severe pneumonia was sent to Wuhan lab in 2013. *Swarajyamag*. <https://swarajyamag.com/insta/china-covid-19-like-virus-from-a-bat-infested-minethat-caused-severe-pneumonia-was-sent-to-wuhan-lab-in-2013>
- Tetz, G., & Tetz, V. (2022). Prion-like domains in spike protein of SARS-CoV-2 differ across its variants and enable changes in affinity to ACE2. *Microorganisms*, 10(2), 280. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10020280>
- Young, M. J., O’Hare, M., Matiello, M., & Schmahmann, J. D. (2020). Creutzfeldt-Jakob disease in a man with COVID-19: SARS-CoV-2-accelerated neurodegeneration? *Brain, Behavior, and Immunity*, 89, 601–603. <https://doi.org/10.1016/j.bbi.2020.07.007>

## Legal Disclaimer

The information on the website and in the **IJVTPR** is not intended as a diagnosis, recommended treatment, prevention, or cure for any human condition or medical procedure that may be referred to in any way. Users and readers who may be parents, guardians, caregivers, clinicians, or relatives of persons impacted by any of the morbid conditions, procedures, or protocols that may be referred to, must use their own judgment concerning specific applications. The contributing authors, editors, and persons associated in any capacity with the website and/or with the journal disclaim any liability or responsibility to any person or entity for any harm, financial loss, physical injury, or other penalty that may stem from any use or application in any context of information, conclusions, research findings, opinions, errors, or any statements found on the website or in the **IJVTPR**. The material presented is freely offered to all users who may take an interest in examining it, but how they may choose to apply any part of it, is the sole responsibility of the viewer/user. If material is quoted or reprinted, users are asked to give credit to the source/author and to conform to the non-commercial, no derivatives, requirements of the [Creative Commons](#)

[License 4.0 NC ND](#).

# INVITATION

## *Hommage au professeur Luc Montagnier*

### VENDREDI 17 FÉVRIER

*Chers amis de la Fondation, Madame, Monsieur.*

Voilà déjà presque un an que le Professeur Luc Montagnier nous a quittés.

La Fondation Luc Montagnier, les amis, les collaborateurs du Professeur, ont décidé de lui rendre l'hommage dû à l'un des grands scientifiques de tous les temps, Prix Nobel de médecine et de physiologie pour la découverte du plus grand fléau de notre époque.

Cet hommage prendra la forme d'une conférence animée par différents intervenants issus du monde scientifique, médical et artistique qui se tiendra le **Vendredi 17 février 2023 de 17h à 20h à Paris dans l'amphithéâtre du 32 l'avenue Hoche.**

Cette conférence mettra en avant d'une part la poursuite des travaux du Professeur Montagnier, mais aussi les dernières découvertes et des sujets d'actualité. Elle nous permettra de lui rendre un hommage plus large, aussi poignant et émouvant que lors de ses obsèques. Ce sera l'occasion de rappeler tout ce qu'il a apporté à la communauté scientifique et médicale.

Nous espérons que vous serez des nôtres pour saluer avec nous la mémoire d'un homme qui a dédié sa vie à la recherche avec toujours un temps d'avance sur son temps.

Nous comptons sur votre présence et vous remercions par avance.

Toute l'équipe de la fondation

**English Translation:**

INVITATION  
A Tribute to Professor Luc Montagnier  
FRIDAY FEBRUARY 17

*Dear Friends of the Foundation, Ladies, Gentlemen*

It has been almost a year since Luc Montagnier left us.

The Luc Montagnier Foundation, friends, and collaborators of the Professor, have decided to honor him as one of the greatest scientists of all time. He won the Nobel Prize in Medicine and Physiology for his advances concerning the greatest scourge of our time.

Our tribute will take the form of a conference led by different speakers from the scientific, medical, and artistic world, to be held February 17, 2023 at 8 pm in the amphitheater at 32 Avenue Hoche in Paris.

This conference will look ahead to the future of the works of Professor Montagnier, but also his latest discoveries, and current events. This will enable us to honor him with a grand tribute, as poignant and moving as was his funeral. It will be an occasion to recount all that he brought to the scientific and medical community.

We hope you will be with us to celebrate the memory of a man who dedicated his life to research concerning a time that was always ahead of his own.

We count on your being there and thank you in advance.

Everyone on the Foundation Team