

# 코로나 19 과 관련된 잘못된 과학

COVID-19 의 원인 물질로 SARS-CoV-2 를 분리했다고 주장하는  
연구에 관한 비판적 검토

코로나 리서치

[contact@kolona-research.org](mailto:contact@kolona-research.org)

2020 년 7 월 9 일

# 서문

이 논문에서, 우리는 SARS-CoV-2(즉, COVID-19 을 유발하는 것으로 알려진 바이러스)와 관련된 과학이 매우 잘못되었음을 보여줍니다. 사실상 병원성 바이러스로서의 SARS-CoV-2의 존재 자체를 의심할 정도로 관련된 과학이 잘못되어 있습니다. 이러한 주장이 처음에는 터무니없는 것으로 들릴 수 있지만, SARS-CoV-2 를 확립된 산업 기준에 따라 정제하지 않았음을 입증하기 위해, 공개된 연구를 비판적으로 검토함으로써 이러한 주장이 타당함을 보여줄 것입니다.

이에 앞서, 단순한 임상 진단만으로는 새로운 질병으로서의 COVID-19 의 존재를 입증할 수 없다는 점도 유의해야 합니다. 특히 COVID-19 는 일반적인 감기 또는 계절성 독감과 다른 증상을 보이지 않으며[1], 감염자의 거의 80%는 전혀 증상이 나타나지 않으며[2], 기본적으로 누적 입원율이 계절성 독감과 같습니다[3]. 다시 말해 COVID-19 는 구별되는 특성이 없으며, 광범위한 검사를 하지 않았다면 아마도 계절성 독감으로 식별되었을 것입니다[4].

임상 진단을 통해 COVID-19 를 식별할 수 없기 때문에, SARS-CoV-2 의 바이러스 RNA 라고 주장하는 것을 검출하기 위해 RT-PCR(역전사 중합효소 연쇄반응) 분자 검사를 광범위하게 사용하고 있습니다. 그러나 이렇게 하면 다음과 같은 두 가지 문제가 추가로 발생합니다: (1) RT-PCR 검사는 신뢰할 수 없는 것으로 확인되었으며 무증상자에 대한 사용은 검증되지 않았습니다[5]; (2) 먼저 대상 바이러스를 분리하지 않으면, 검출된 RNA 가 대상 바이러스인지 아닌지를 확인할 수 없습니다. 즉, RT-PCR 검사를 통해 검출되는 RNA 는 대상 바이러스가 아닐 수 있습니다. RNA 는 세포 내인성(內因性)의 것일 수 있습니다.

일부 과학자들은 SARS-CoV-2 를 분리하고, 이것을 COVID-19 라고 하는 질병의 원인 물질이라고 주장했습니다. 그러나, 그들의 연구를 조사하면, 과학자들이 SARS-CoV-2 을 분리하지 못했음을 바로 알 수 있습니다. 예를 들어, 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine)에 게재된 한 논문의 저자는 논문의 서문 요약에서 SARS-CoV-2 를 분리했다고 주장합니다. 그러나 논문 본문에서는 해당 연구가 감염성 질병의 원인을 결정하기 위한 업계 "최적 기준"을 충족하지 못한다는 점을 인정합니다[6]. 오해의 소지가 있는 요약으로 인해 실제 세계에 심각한 영향을 미치는 유언비어가 생길 수 있습니다. COVID-19 의 경우가 여기에 해당하며 전 세계적으로 정부가 극단적인 조치를 하는 이유 중 하나입니다.

병원성 바이러스로서의 SARS-CoV-2 가 존재한다는 과학적 증거가 없다는 주장을 입증하기 위해 다음과 같이 하고자 합니다:

1. 전염병(傳染病)의 원인을 결정하기 위한 "최적 기준"을 확인합니다.
2. "최적 기준"에 따라 바이러스를 분리(즉, 정제)하는 방법을 확인하고 이 방법의 몇 가지 단점을 설명합니다.
3. 다른 코로나바이러스 기준을 충족한다는 주장을 검토합니다.
4. SARS-CoV-2 기준을 충족한다는 주장을 검토합니다.

# 섹션 1

## 전염병(傳染病)의 원인을 결정하기 위한 "최적 기준"은 무엇입니까?

전염병의 원인을 결정하기 위해 인정하는 "최적 기준"은 코흐(Koch)의 가설입니다[7].

로버트 코흐(Robert Koch)가 1884 년 "Die Etiologie der Tuberkulose"라는 제목의 논문에서 이 가설을 제시하였으며 1890 년에 약간 개정하였습니다. 이 가설은 다음과 같습니다:

- (1) 기생물(寄生物)은 해당 질병의 모든 경우에 생기며, 질병의 병리학적 변화 및 임상적 경과를 설명할 수 있는 상황에서 생깁니다.
- (2) 기생물은 우발적인 비병원성 기생물로, 다른 질병에서는 생기지 않습니다.
- (3) 기생물은 몸에서 완전히 분리되고 순수한 배양에서 반복적으로 자란 후에 질병을 새롭게 유발할 수 있습니다.[8]

## 로버트 코흐(Robert Koch)는 자신의 가설을 충족하였습니까?

이렇게 묻는 것은 이상한 질문처럼 들릴 수 있습니다. 어쨌든 코흐(Koch)는 왜 심지어 자신조차도 충족할 수 없는 가설을 만들었을까요? 그는 탄저병, 결핵, 파상풍, 그리고 많은 동물 질병을 포함한 많은 질병이 이 가설을 충족한다고 주장했지만, 이 가설에 반대하는 사람이 없었던 것은 아니며, 반대자 중에는 루이 파스퇴르(Louis Pasteur)도 있었습니다.[8]

결핵에 대한 루이 파스퇴르(Louis Pasteur)의 연구를 몹시 비판하였기 때문에 코흐는 1883 년에 응답을 발표하였습니다.

마찬가지로 파스퇴르(Pasteur) 역시 코흐의 탄저병 연구를 "결정적이지 않은 것" 이라고 비난하였습니다. [9]

탄저병과 관련하여 K. Codell Carter 는 다음과 같이 상황을 요약합니다:

"코흐나 파스퇴르가 탄저균이 탄저병을 유발한다는 것을 궁극적으로 증명했는지 묻는다면, 아마도 가장 좋은 해답은 단독으로는 아니고 최소한 어느 정도는 두 사람이 함께 증명했다는 것이다." [9]

이러한 상황에 관한 카터(Carter)의 결론은 홍역의 존재가 결코 입증되지 않았다는 생물학자 스테판 랑카(Stephan Lanka)의 주장을 받아들인 독일 최고 법원의 판결을 상기시킵니다. 이 소송에서 홍역에 관한 6 개의 증거를 제시하였지만, 법원은 6 가지 증거 중 어느 것도 개별적으로 홍역을 입증하지 못한다고 판결하였습니다.

이 공판에서 임명된 전문가 중 한 명인 Rostock 대학 병원의 의학 미생물학, 바이러스학 및 위생학과장인 Andreas Podbielski 교수의 설명에 의하면, Bardens 박사가 제출한 여섯 가지 논문 요약에서 홍역 바이러스가 존재한다고 결론을 내렸지만, 저자 중 누구도 국제적으로 정의된 모범적 과학 실험 규칙 및 원칙과 일치하게 대조 실험을 하지 않았습니다. 그는 홍역 바이러스의 존재와 관련하여 타당한 과학 시험을 통과한 간행물은 아직 나오지 않았다고 결론지었습니다.[10], [11].

Lanka 사례는 SARS-CoV-2 와 직접적인 관련이 없지만, 제안된 증거는 종종 과학적으로 타당하지 않으며 그들의 주장을 입증하지도 못했음을 Lanka 사례는 보여줍니다.

로버트 코흐의 연구와 관련하여, 그가 어느 정도로 자신의 가설을 충족시키는 데 성공했는지 확신할 수 없지만, 어떤 사람들은 코흐가 제시한 증거를 인정하지 않았다는 것은 분명합니다.

## 코흐의 가설이 바이러스에 적용될 수 있습니까?

바이러스학자인 토마스 리버스(Thomas Rivers)는 1936 년 연설에서 "바이러스성 질병의 경우에는 코흐(Koch)의 가설이 만족스럽지 못한 것은 명백하다."라고 말하였습니다[12].

결과적으로 그는 다음과 같이 자신의 조건 목록을 제안했습니다:

- (1) 질병과 연관성 있는 특정 바이러스가 규칙적으로 발견되어야 함.
- (2) 환자에게서 바이러스가 우발적이거나 우연히 발견되는 것이 아니라, 검사에서 질병의 원인으로 밝혀져야 함.

리버스(Rivers)의 조건은 아주 간결합니다. 연관성과 관련하여 그는 "항상 있는"을 "규칙적으로 있는"으로 변경했습니다. 특히 그는 "바이러스에 의해 생기는 모든 질병의 경우에, 처음부터 바이러스의 존재를 입증해야 하는 것은 아니다"라고 말했습니다[12]. 바이러스가 없는데도 불구하고 질병을 유발하는 바이러스를 생각한다는 것은 어렵기 때문에 이것은 정말 흥미로운 진술입니다.

인과관계를 증명해야 하는 조건은 여전히 남아 있습니다.

구버전의 바이러스학 사전은 코흐(Koch)의 가설에 관한 리버스(Rivers)의 수정을 다음과 같이 정의했습니다:

- (1) 병에 걸린 숙주에서 바이러스 분리.
- (2) 실험 숙주나 숙주 세포에서 배양.
- (3) (더 큰 병원균을 배제하기 위한) 여과성 증명
- (4) 원래의 숙주 종 또는 관련 종에서 비슷한 질병의 생성.
- (5) 바이러스 재분리
- (6) 바이러스에 대한 특정 면역 반응 검출. [13]

몇 가지 주요 차이점이 있습니다. 상기에서 언급한 바와 같이, 리버스(Rivers)는 모든 질병의 발현에 바이러스가 존재해야 할 필요성을 포함하지 않습니다. 이러한 이론은 확실히 연관성을 약화시킵니다. 인과 관계에 관해 말하자면, 코흐의 원래 가설은 미생물이 순수 배양되어야 한다고 명시합니다. 그러나, 바이러스는 신진대사를 할 수 없기 때문에 독자적으로는 살 수 없다고 합니다. 바이러스는 숙주 세포가 필요합니다. 그러므로 리버스(Rivers)가 개정한 가설은 숙주 세포에서 미생물을 배양하는 것을 명시합니다. 미생물이 숙주 세포에서 배양되기 때문에 여과할 수 있는 능력이 필요합니다. 마지막으로, 그는 바이러스를 다시 분리하고 이전에 감염된 사람에게서 바이러스에 대한 면역 반응을 검출하는 것이 필요하다고 덧붙입니다.

### 코흐(Koch)의 가설에 어떤 결함이 있습니까?

네, 많은 결함이 있습니다. 섹션 2에서 우리는 전체 과정을 무효로 할 수 있는 몇 가지 결함을 확인합니다. 코흐(Koch)의 가설은 결과 이전에 원인이 있어야 하며, 결과를 초래하기 위해서는 원인이 있어야 한다는 생각에 근거한 논리적 가정이라는 점을 주목해야 합니다. 이러한 가정은 전염병(傳染病)의 원인을 파악하기 위한 완벽한 과학적 방법이 아닙니다.

토마스 리버스(Thomas Rivers) 다음과 같이 말하면서 이 점을 시인합니다. "예방 주사를 맞은 동물이 특정 방식으로 병들거나 죽는 경우에, 그리고 이들 동물의 질병이 접종을 통해 원래의 미생물이나 리케차<sup>1</sup>가 없는 관련 조직의 혈액이나 유탁액<sup>2</sup>(乳濁液)으로 동물에서 동물로 전염될 수 있다면, 실험 동물의 병(病)이 바이러스에 의해 생긴 것이라고 어느 정도 확신한다. 그가 "확신한다", "아주 확신한다" 또는 "틀림 없다"라고 말하지 않은 점에 유의하십시오. 그는 "어느정도 확신한다"라고 말합니다. 그는 가설에 전체 과정을 무효로할 수 있는 여러 가지 결함이 있다는 것을 잘 알고 있었습니다.

### 코흐(Koch)의 가설은 오늘날에도 여전히 최적 기준입니까?

네, 그렇습니다. 사실, 우리가 곧 살펴보게 될 일부 연구는 코흐(Koch)의 가설을 전염병(傳染病) 원인을 결정하기 위한 기준으로 인정합니다.

네이처 리뷰 미생물학(Nature Reviews Microbiology) 저널의 편집자에 따르면, "처음에 코흐(Koch)의 가설을 제안한 때로부터 120년이 지난 지금도 이 가설은 여전히 전염병의 병인(病因)[기원이나 원인]을 입증하기 위해 착수하는 모든 조사의 최적 기준입니다.[14]

### 현재 적용되는 다른 기준이 있습니까?

일부 과학자들은 미생물 식별을 위한 핵산 염기서열 분석 기반 방법이 코흐(Koch)의 가설보다 더 적합하다고 제안했습니다. 특히, PCR은 바이러스를 질병과 연관시키는 데 사용되고 있습니다.

<sup>1</sup> rickettsiae(리케차): 리케차 속 병원균에 속하는 세균을 통틀어 말한다. 일반 세균보다 크기가 작고 바이러스처럼 살아있는 세포 밖에서는 증식하지 못한다. 리케차는 일부 곤충이나 진드기와 같은 절지동물의 세포 내에 사는데, 사람에게 감염되어 발진티푸스같은 질병을 일으킨다.

<sup>2</sup> emulsion(유탁액(乳濁液)): 미세한 입자로 된 액체가 다른 액체 속에 분산하여 젓 모양을 이룬 것.

그러나 위에서 언급한 바와 같이 PCR 검사는 신뢰성 문제에 취약하며[5] 검출된 유전자 물질이 바이러스성인지 또는 세포 내인성(內因性)인지 판단할 수 없습니다. 즉, 전염병의 원인을 파악할 수 없습니다. PCR 검사는 연결을 찾고자 하는 경우에만 사용할 수 있습니다. 연관성과 인과성 사이에는 큰 차이가 있습니다. 예를 들어, 소방관들은 종종 화재와 관련이 있지만, 소방관들이 화재 사고를 일으킨 사람이라고 감히 말하지는 않습니다. 또한, 파리는 쓰레기와 관련이 있지만, 쓰레기의 원인이 파리라고 말하지는 않습니다.

이러한 염기서열 기반 방법은 다양한 질병 단계에서 유전자 물질(예: 바이러스 RNA 라고 생각하는 것 등)을 검출하여 인과성의 증거를 제시하려고 합니다. 예를 들어, 질병 발생 전에 유전자 물질을 발견할 수 있다면, 유전자 염기서열과 질병 간의 연관성이 더 강하다고 합니다. 그러나 이것은 여전히 연관 관계이지 인과 관계가 아닙니다. 쓰레기가 도착하기 전에 파리가 있었기 때문에 쓰레기의 원인이 파리라고 말할 수 있을까요? 물론 아닙니다. 또한 대부분의 사람은 증상이 나타나기 전에 검사를 받지 않기 때문에 실용적이지 않습니다.

또한 이 방법은 코흐(Koch)의 가설 결함 중 상당 부분이 해당됩니다. 섹션 2 에서 이러한 결함 중 몇 가지를 논의할 것입니다.

염기서열분석 기반 방법에 대해 더 자세히 알기 원하시면 Fredricks 와 Relma 의 저서를 참조하십시오 [15].

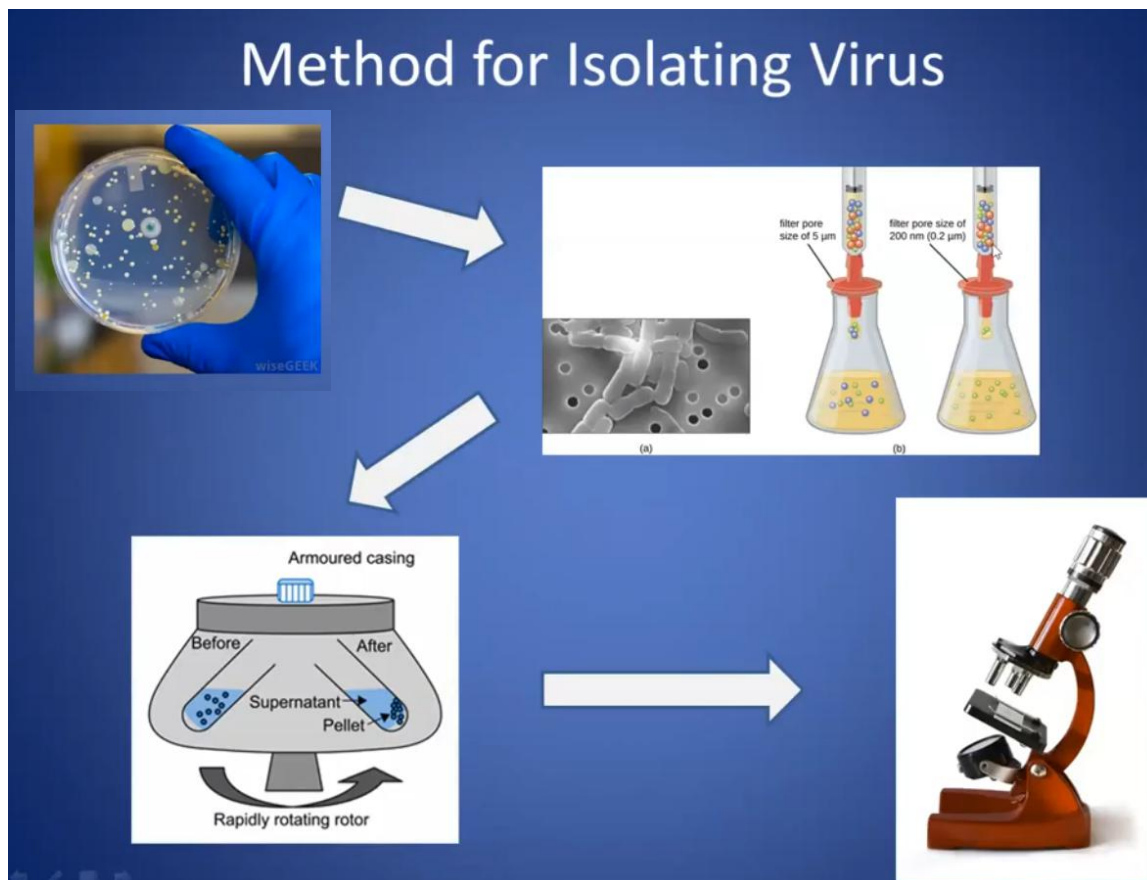
## 섹션 2

우리가 살펴보게 될 몇 가지 연구는 코흐(Koch)의 가설을 참조합니다. 그러나, 실제로 이 연구는 토마스 리버스(Thomas Rivers)가 수정한 코흐(Koch)의 가설을 참조하고 있습니다. 그 이유는 리버스(Rivers)에 따르면, 수정한 가설이 바이러스에 더 적합하기 때문입니다. 따라서 이 논문의 나머지 부분에서는 전염병 원인을 파악하기 위한 "최적 기준"으로 토마스 리버스(Thomas Rivers)가 수정한 코흐(Koch)의 가설을 참조할 것입니다.

이 섹션은 가설 1-3을 충족시키는 법을 알려주기 때문에 중요합니다.

### 코흐의 가설에 따라 어떻게 바이러스를 분리할 수 있습니까?

\* 이 하위 섹션 대부분의 내용은 연구원인 David Crowe의 분리 및 정제에 관한 기사에서 발췌한 것입니다[16].



분리란 다른 모든 유기 물질에서 바이러스를 분리하는 것을 의미합니다. 논리적으로, 이 작업을 수행하려면 다음 단계가 필요합니다:

1. 환자에게서 (객담 또는 폐액과 같은) 검체 채취.
2. 바이러스는 표적 세포 외부에서 복제되지 않는 것으로 생각하므로, 다른 세포(예: 배로 세포)에 바이러스를 포함하고 있는 것으로 여겨지는 물질의 배양.
3. (바이러스보다 큰 입자를 제거하기 위해) 여과를 하고 (응축으로 입자를 분리하기 위한) 원심 분리를 함으로써 바이러스가 있는 입자를 포함한 것으로 믿어지는 배양 상단의 용액(상청액[上清液])을 제거하여 바이러스 입자를 정제함.
4. 물질의 일부를 전자 현미경 아래에 두어 볼 수 있는 거의 모든 것이 동일한 크기와 모양의 입자인지 확인함.
5. 샘플의 나머지 부분에서 단백질 및 유전자 물질(바이러스에 따라 RNA 또는 DNA)을 분해하고 이것을 (예: RNA 또는 DNA의 염기서열) 분석함.

바이러스를 분리하는 방법의 1~4 단계는 코흐(Koch) 가설의 1~3 단계에 해당합니다. 5 단계는 코흐 가설과 일치하지 않지만, 바이러스의 단백질과 유전자 물질을 획득하는 중요한 단계입니다. 또한, 과학자가 바이러스를 분석하여 바이러스 게놈의 배열 순서를 밝힐 수 있습니다. 이것은 검체의 SARS-CoV-2를 검출하기 위해 현재 사용하고 있는 RT-PCR 테스트 키트와 같은 테스트 장비를 만드는데 매우 유용합니다.

이 그림은 바이러스를 분리하는 방법의 2-4 단계를 보여줍니다. 2 단계는 왼쪽 위 그림에 해당합니다. 3 단계는 오른쪽 상단 및 왼쪽 하단 그림에 해당합니다. 4 단계는 오른쪽 아래 그림에 해당합니다. 1 단계와 5 단계는 그림으로 표시되어 있지 않습니다.

## 바이러스를 분리하기 위한 이 방법에 어떤 결함이 있습니까?

네, 많은 결함이 있습니다. 이 중 몇 가지를 여기에 나열해 보겠습니다.

### 1 단계와 2 단계의 문제

다른 세포의 물질을 배양하는 방법은 여러 가지 이유로 문제가 있습니다. 이렇게 하려면, 객담과 같은 샘플 검체를 몸에서 채취해야 합니다. 그러나 채취 과정만으로도 검체에 영향을 줄 수 있는 변수, 주로 스트레스 요인<sup>3</sup> 변수를 초래할 수 있습니다. 또한, 검체를 추출한 후 항생제나 혈청과 같은 첨가제로 인해 스트레스가 더해지는 경우가 많습니다.

인체는 바이러스로 가득 차 있으며, 바이러스 대부분은 비활성화 되어있고 무해합니다. 그러나 다른 세포에서 배양하기 위한 검체 채취 및 준비로 인해 초래된 스트레스는 병원성 바이러스인 것처럼 보이는 반응을 보일 가능성이 있지만, 실제로는 방어 메커니즘일 뿐입니다. 또한, 검체에 항생제나 혈청을 첨가하면 해당 첨가제를 침입자로 인식하기 때문에 반응을 일으킬 수 있습니다. 즉, 유도된 스트레스와 첨가제가 없으면 전혀 활성화되지 않을 수 있습니다. 마찬가지로 숙주 세포(보통 배로 세포)도 불순물(즉, 배양

<sup>3</sup> stressor(스트레스 요인): 스트레스 요인은 화학적 또는 생물학적 작용제, 환경 조건, 외부 자극 또는 유기체에 스트레스를 주는 것으로 보이는 사건.



을 위해 채취하고 준비한 샘플)을 이질 침입자로 간주하여 더 많은 스트레스가 생깁니다. 그리고 이것은 모두 실험실이라는 부자연스러운 환경에서, 신체 밖에서 일어나고 있는 것이라는 점을 기억해야 합니다.

또한 이 유도 스트레스로 인해 검체의 유전자 염기서열이 변화될 수 있습니다. 검체의 유전자 물질에 변화가 생기는 것은 RNA 및 DNA 배열 순서를 밝히고 분석하려는 시도에 치명적일 것입니다. 이와 관련하여, 유전학자 바바라 맥클린톡(Barbara McClintock)의 연구 작업은 이정표입니다. 1983년 노벨상 논문에서, 그녀는 살아있는 존재의 유전자 물질이 "충격"에 의해 끊임없이 변화할 수 있다고 보고합니다. 이러한 충격은 독소일 수 있지만, 시험관에서 스트레스를 산출한 다른 물질일 수도 있습니다. 결국 이것으로 인해 이전에는 (체내 및 체외에서) 입증할 수 없었던 새로운 유전자 염기서열이 형성될 수 있습니다 [17][18].

### **3 단계의 문제점**

원심분리와 여과를 통해 바이러스를 정제하는 방법도 표적 바이러스와 다른 바이러스 간의 물리적 유사성 때문에 문제가 됩니다.

우리 세계에는 약 10 nonillion(10의 31 제곱) 개별 바이러스가 있으며[19] 인체에는 수백만개의 바이러스가 있다고 합니다[20]. 이처럼 셀 수 없이 많은 수의 바이러스 가운데, 6000개 남짓의 바이러스만이 자세히 설명되어 있다고 합니다[21]. 이렇게 많은 바이러스 가운데서 SARS-CoV-2를 찾는 것은 말 그대로 건초더미에서 바늘을 찾는 것과 같습니다.

밀도 변화 원심분리는 입자 및 세포가 입자의 밀도에 따라 분리되는 과정입니다. SARS-CoV-2의 밀도는 약 1g/ml입니다[22]. 이러한 유형의 원심분리는 사용하기 어렵고 오염에 취약합니다[23] [24].

여과에 의해 입자 및 세포를 크기에 따라 분리합니다. SARS-CoV-2의 직경은 60-140nm입니다[48].

SARS-CoV-2를 분리하려면, 바이러스의 밀도와 크기에 따라 다른 모든 바이러스로부터 SARS-CoV-2를 분리해야 합니다. 이렇게 하는 것이 이론적으로는 그럴듯하게 들리겠지만, 실제로는 밀도와 크기가 거의 같은 수천 또는 수백만 개의 다른 바이러스가 있을 수 있습니다. 이것은 마치 키가 170에서 180cm 사이이고 체중이 약 70kg이라는 묘사만으로 전세계에서 특별한 한 사람을 찾고자 하는 것과 같을 것입니다. 이러한 묘사에 맞는 사람들은 그야말로 수천 수만명이 될 것입니다.

가설 3은 "(더 큰 병원균을 배제하기 위한) 여과성 입증"이라고 말할 때 이 문제를 지적합니다[13]. 즉, 여과에 의해 더 큰 병원체를 배제할 수 있지만, 크기가 같거나 작은 병원체는 여과로 처리할 수 없습니다. 다른 방법을 통해 더 작은 입자를 분리하더라도, 같은 크기의 입자는 여전히 남아 있습니다.

또한 3 단계에서 검체에 더 많은 스트레스를 유발한다는 점을 염두에 두어야 합니다.

### **4 단계의 문제점**

크기와 모양이 같은 모든 입자를 전자 현미경으로 확인하는 방법도 "3 단계 문제점"에서 언급한 것과 같은 이유로 문제가 됩니다. 모든 입자가 크기와 모양이 거의 같더라도, 모든 입자가 동일한 바이러스라는 것을 의미하는 것은 아닙니다. 보고 있는 것이 전혀 바이러스가 아닐 수도 있습니다.

예를 들어, 세포는 직경이 30-100nm 이고 일반적으로 컵처럼 생긴 엑소좀을 생성합니다. 엑소좀은 면역 반응과 신호 전달에 관여하며, "양성" 면역 반응을 유발하는 데 있어 활용할 수 있는 잠재성에도 불구하고, 면역 내성 및 면역 회피와 같은 "원치 않는" 면역 반응을 유발할 수 있습니다[25].

엑소좀의 역할에 따라, 1 단계와 2 단계의 유도된 스트레스가 잠재적으로 엑소좀과 관련된 반응을 일으킬 수 있다는 것은 상상할 수 없는 것이 아닙니다. 이제 흥미로운 것은 엑소좀과 코로나바이러스는 물리적으로 유사하므로 전자 현미경으로 볼 때 구별하기가 어렵다는 것입니다.

코로나바이러스(Coronavirus) Volume 96 의 편집자인 존 지부르(John Ziebuhr)는 코로나바이러스 연구에 관해 언급할 때 이 점을 간접적으로 시사했습니다. 그는 다음과 같이 말했습니다. "저온 전자현미경과 단층 촬영으로 코로나바이러스 입자를 주의 깊게 측정하면, 대부분의 코로나바이러스 입자가 같은 모습으로 보이는 더 구형의 엑소좀 소포와 모양이 다른 약간 장형(長形)의 타원체라는 것을 알 수 있다." 행간의 의미를 파악해 보면, 코로나바이러스 입자, 엑소좀 소포를 판독할 때 구별하는 것은 매우 어렵습니다. 이것을 판독하려면 세심한 측정이 필요하며, 모양이 정확히 같은 것은 배제되지 않습니다[26].

따라서 검체가 세포에서의 배양을 위해 채취 및 준비 과정에서 무결성을 유지하고 완벽하게 원심분리하여 여과하더라도, 전자 현미경으로 입자를 살펴보고 이 입자가 SARS-CoV-2 라고 확신 있게 말하는 것은 거의 불가능합니다. 즉, 이 입자는 SARS-CoV-2 일 수도 있고, 또는 다른 바이러스일 수도 있으며, SARS-CoV-2 및 기타 바이러스가 혼합된 것일 수도 있고, 엑소좀 및 다른 바이러스일 수도 있습니다.

1997 년 3 월에 HIV 와 관련하여 "바이러스학" 저널의 같은 호에 게시된 두 편의 논문에서, 이전에 "순수 HIV"라고 일컬었던 대다수가 에이즈 바이러스(HIV)가 아니라 불순물이라는 사실을 밝혔을 때 이러한 문제가 드러났습니다. 관찰되는 것에 전자 현미경으로 보면 HIV 와 매우 흡사하지만, 세포 기원인 미세 소포가 포함되어 있었습니다[27][28].

그리고 이 모든 것이 코흐(Koch)의 가설 1~3 단계를 충족시키는 것입니다. 바이러스를 분리하는 첫 4 단계를 신중하게 수행해도, 여전히 질병의 원인을 증명하지는 못합니다. 그러나 실제로 인과관계는 완전히 다른 문제입니다.

### **5 단계 및 SARS-CoV-2 발견과 관련된 문제점**

나머지 샘플에서 단백질 및 유전자 물질(바이러스에 따라 RNA 또는 DNA)을 분해하고 이것을 분석하는 것은 아주 중요한 단계입니다. 이 단계를 성공적으로 완료하면, 게놈의 배열 순서를 분석한 다음에 PCR 기술을 사용하여 다른 검체의 바이러스를 식별하는 연구에 게놈의 일부를 사용할 수 있습니다.

그러나 이 단계에도 여러 가지 이유로 문제가 있습니다. 게놈의 배열 순서를 밝히기 위해 유전자 물질을 분석하려면, 먼저 최적 기준에 따라 물질을 실제로 분리해야 합니다. 이렇게 하는 데 문제점은 최적 기준을 완벽하게 준수하더라도, 위에 설명된 이유로 검체의 무결성을 보장하기가 여전히 어렵다는 것입니다. 문제점 자체가 커집니다. 예를 들어, 1 단계의 문제가 2 단계로 넘어가서 더 많은 문제가 생길 수 있으며, 다음에는 3 단계로 넘어가서 더 많은 문제가 생길 수 있습니다.

SARS-CoV-2 와 같은 신종 바이러스를 확인하려는 경우에는 훨씬 더 큰 문제가 있습니다. 어디서부터 시작해야 할까요? 신종 바이러스를 탐지하려면 어떻게 해야 합니까? SARS-CoV-2 의 흥미로운 점은 기록적인 시간 내에 이 바이러스 전체 게놈의 배열 순서를 밝혔다는 것입니다. 랜싯(Lancet )의 보고에 의하면, "SARS-CoV-2 의 1 월 중순까지 전체 게놈 염기서열 획득과 공유가 광범위하게 이루어졌으며, 이것은 이

전 전염병 발생에서는 불가능한 정도로 빨리 이루어진 업적입니다” [29]. 이것은 정말 놀랍지만, 동시에 의심스럽습니다. 그들은 어떻게 그렇게 빨리했습니까? 우리는 그들이 어떻게 그렇게 했는지 설명하고 그들의 방법이 얼마나 문제가 되는지 보여줄 것입니다.

바이러스 게놈을 얻기 위해서는, 바이러스를 분리 및 정제한 다음에 오염이 없는지 확인해야 합니다. 이렇게 한 다음에는, 화학적으로 바이러스 입자의 구조 특징을 밝혀야 합니다. 이렇게 하는 데는 전체 게놈을 얻기 위해 유전자 물질을 추출하고 유전자 물질의 전체 염기 서열 분석을 수행하는 것이 포함됩니다.

섹션 4에서 볼 수 있듯이, SARS-CoV-2에 대해서는 이 절차가 시행되지 않았습니다. 많은 연구는 SARS-CoV-2를 분리했다고 주장하지만, 최적 기준에 따라 분리한 것은 아닙니다. 대신, 과학자들이 한 일은 폐액과 같은 불순한 샘플을 채취하고, PCR 프라이머<sup>4</sup>와 프로브<sup>5</sup>를 사용하여 이미 바이러스와 관련된 것으로 확인한 특정 염기서열을 찾아낸 것이었습니다(후에 SARS-CoV-1 및 MERS-CoV의 경우에서 볼 수 있듯이, 이렇게 확인된 바이러스도 적절히 정제되지 않았습니다). 그런 다음 PCR 검사 결과를 사용하여 DNA 분절을 재구성하고 이 바이러스의 게놈 또는 전체 유전자 물질 세트를 나타내는 모델에 DNA 분절을 결합하였습니다.

그러나 과학자들은 정제된 바이러스 입자로부터 SARS-CoV-2를 얻지 못했으므로, 해당 유전 물질의 출처가 정확히 무엇인지 알 수 있는 방법이 없습니다. 환자의 폐액에 존재하는 대부분의 유전자 물질은 개인의 유전자 물질이며, 일반적으로 신체에서 살고 있거나 환자의 감염 과정에 관여한 다른 미생물일 것입니다. 앞에서 언급했듯이, 인체에서 항상 살고 있는 그야말로 수백만의 알려지지 않은 무해한 바이러스가 있습니다. 따라서 샘플 검체의 유전자 물질에는 SARS-CoV-2 바이러스가 아닌 많은 바이러스가 쉽게 포함될 수 있습니다. 정제된 바이러스에서 직접 SARS-CoV-2를 얻은 것이 아니기 때문에 우리는 실제로 SARS-CoV-2를 알지 못합니다. 따라서 PCR 검사는 유의미한 것으로 알려지지 않은 RNA 가닥을 측정하고 있습니다.

이제 이것이 얼마나 문제가 되는지 예를 들어 보겠습니다. SARS-CoV-2에 대한 PCR 테스트에서 WHO의 프라이머 서열 중 하나는 모든 인간 DNA에서 발견됩니다. 서열 "CTCCCTTTGTTGTGTTGT"는 WHO 코로나바이러스 PCR 검사 계획 및 방법 문서에 있는 18 문자 프라이머 서열입니다 [30]. 프라이머 서열은 "양성" 테스트 결과를 검출하고 지정하기 위해 유전자 증폭 기술(PCR) 공정으로 증폭하여 알아내는 것입니다. 이 동일한 18 문자 서열이 인간 염색체 8 번에서도 발견됩니다[31]. 그러므로 실제로 검사에서 양성 반응을 나타내는 유전자 물질은 모든 사람에게서 자연적으로 발견됩니다. 신체에 있으면서도 알려지지 않은 모든 유전자 물질에 관해 생각해 보십시오. 인체에 있는 아직 식별하지 못하고 있는 무해한 수백만 개의 바이러스는 어떠합니까? 이 바이러스 역시 검출될 수 있는 것도 가능하지 않겠습니까? 물론 어떤 사람들은 DNA가 RNA와 달리 압축되어 있기 때문에 문제가 없다고 말할 것입니다. 그러나 PCR 복제 과정에서 DNA 압축이 풀리는 것으로 알려져 있습니다. 필요한 것은 PCR 프로브의 연결을 위해 압축이 풀린 DNA의 노출된 부분입니다. 나쁜 결과에 이를 가능성은 거의 셀 수 없이 많은 것처럼 보입니다. 이것은 심각한 문제입니다.

<sup>4</sup> PCR primers (프라이머): PCR 프라이머는 짧은 가닥의 단일 가닥 DNA 임, 각각의 PCR 반응에 2 개의 프라이머가 사용되며, 이들은 표적 영역 (복사되어야 하는 영역)에 인접하도록 설계된다.

<sup>5</sup> Probes(프로브): 프로브는 형광 표지된 DNA 올리고 뉴클레오티드임. 이들은 PCR 반응 동안 프라이머 중 하나의 하류에 결합하고 반응 동안 형광 신호를 제공하도록 설계되었음.

마지막으로 과학자들은 SARS-CoV-2 가 SARS 코로나바이러스(SARS-CoV-1)와 다른 박쥐 코로나바이러스와 같은 아속(亞屬)의 코로나바이러스라고 주장합니다. 그러나 섹션 3 에서 보듯이, SARS-CoV-1 은 2002 년과 2003 년에 발생한 중증 급성 호흡기 증후군(SARS)을 일으킨 것이라고 주장하기 위해서 과학자들이 동일한 잘못된 절차(즉, 바이러스를 정제하지 않고 바이러스의 무결성을 확인하지 않은 잘못된 절차)를 사용하여 규명한 바이러스입니다. 과학자들은 기본적으로 이렇게 잘못된 방법을 사용하여 재구성한 SARS-CoV-2 염기 서열을 보고, 이것을 SARS-CoV-1 바이러스에 대해 동일하게 잘못된 방법을 사용하여 재구성한 염기 서열과 비교한 후에 거의 80%가 동일하므로 동일한 코로나 바이러스 아속(亞屬)에 속한다고 말했습니다.

이제 토마스 리버스(Thomas Rivers)조차도 전체 과정에 관해 완전히 확신하지 못한 이유를 분명히 알 수 있습니다[12]. 그가 아직도 살아 있어서 이러한 게놈 서열 분석 방법을 목격한다면 더욱더 확신하지 못할 것이라고 우리는 상상할 수 있습니다.

### 코흐(Koch)의 가설에 따라 바이러스를 분리하지 않은 경우에 정확한 테스트를 개발할 수 있습니까?

아니요, 개발할 수 없습니다. 위에서 언급한 것처럼, 바이러스 분리 방법의 5 단계는 정확한 테스트를 개발하기 위한 중요한 단계입니다. 섹션 4 에서 보듯이, SARS-CoV-2 는 아직 최적기준에 따라 분리되지 않았습니다. 결과적으로, 바이러스 검출 테스트 정확도가 매우 의심스럽습니다[5].

예를 들어 SARS-CoV-2 항체 검사 키트 제조업체는 정제된 바이러스 항원 단백질 대신 재조합 항원 단백질을 사용함으로써 SARS-CoV-2 가 최적 기준에 따라 분리되지 않았다는 사실을 간접적으로 시인합니다 [73].

요약하면, 분리된 바이러스로부터 순수한 단백질, RNA 또는 DNA 를 획득한 후에만 정확한 테스트를 개발할 수 있습니다. 이렇게 바이러스를 분리하는 것은 실제로 바이러스 물질 검사를 하는 것을 보장하는 것입니다. 또한, 최적 기준에 따른 분리가 개발된 테스트를 검증하는 유일한 방법입니다.

### 바이러스학자들이 종종 분리된 바이러스를 가지고 있다고 주장하지 않습니까?

\* 이 하위 섹션 내용은 연구원인 David Crowe 의 분리 및 정제에 관한 기사에서 발췌한 것입니다[16].

네, 그렇습니다. 그러나 과학자들이 말하는 분리의 의미는 로버트 코흐(Robert Koch)가 자신의 가설을 공식화했을 때 염두에 두었던 분리의 의미와는 상당히 다릅니다. 코흐(Koch)의 가설에 따르면 분리는 실제로 정제를 언급하는 것입니다. 바이러스학자들은 거의 정제라는 단어를 사용하지 않습니다.

바이러스학자는 분리 및 정제의 일반적인 정의가 사실상 거의 동일하다는 것을 알아야 합니다. 예를 들어 옥스포드(Oxford) 영어 사전에 따르면:

분리: "분리 조치, 분리되거나 독립하는 사실 또는 상태; 다른 사물이나 사람과의 분리; 혼자인 상태"

정제: "먼지 또는 더러움을 없애는 것; 깨끗이 함; 순수한 상태의 물질을 얻기 위해 찌꺼기, 잔재, 쓰레기 또는 품질을 저하시키거나 악화시키는 물질의 분리."

미묘한 차이가 있다고 주장할 수는 있지만, 어떤 광석에서 금을 분리한다면, 이렇게 분리한 금은 정제된 금과 같을 것입니다. 그러나 바이러스학자는 "정제"라는 단어를 거의 사용하지 않지만, "분리"라는 단어의 원래 의미를 완전히 훼손(毀損)하였습니다.

다음 두 섹션에서 그들이 분리라는 단어의 원래 의미를 얼마나 훼손했는지 알게 될 것입니다.

## 바이러스학자의 연구와 그들이 발행한 논문에 대한 일반적인 비평이 있습니까?

네, 있습니다. 모든 바이러스학자는 병원체나 "세균"으로 알려진 미생물이 질병을 일으킬 수 있다는 소위 세균 이론을 고수(固守)합니다. 세균 이론에 대한 이러한 집착은 그들의 연구에 큰 영향을 주며 종종 객관성을 잃게 합니다. 즉, 그들은 편견이 있으며, 편견을 확인하기 위한 목적으로 실험을 수행하고 논문을 씁니다.

전체 실험 및 논문 발행 과정에 대한 일반적인 몇 가지 비평은 다음과 같습니다:

1. 논문 저자는 데이터 및 자료를 제공할 책임이 있는 사람입니다. 그들은 자신들의 주장과 크게 상충하는 데이터를 제출할 필요가 없다는 것을 알고 있습니다. 즉, 그들은 논문의 목표를 달성할 수 있는 방식으로 실험을 조정하고 분석을 할 수 있습니다. 모든 동료 검토자는 논문 저자와 동일한 근본적인 편견을 가지고 있습니다. 다시 말해, 동료 검토자는 그들의 공통된 과학 원칙 틀 안에서만 객관적인 비평가일 뿐입니다. 그들은 공통된 틀 밖에서는 생각할 수 없습니다.
2. 논문의 독자가 저자의 연구를 검증할 방법이 없습니다. 독자는 저자와 동료 검토자를 신뢰할 수밖에 없습니다.
3. 논문에 포함된 사진이 틀림없이 "최고" 사진일 것입니다. 이 사진들은 일반적으로 바이러스 입자가 가장 많이 포함된 사진 또는 세포 변성(變性) 효과(예: 침입 바이러스에 의해 생기는 것으로 추정되는 세포 사망이나 구조 변화)를 가장 잘 보여주는 사진입니다. 실험실 기술자는 목표를 달성하는데 불리한 사진은 무시하는 반면에, 그야말로 시간을 들여 자신들이 원하는 이미지의 사진을 찾기 위해 애쓸 수 있습니다.
4. 대부분의 논문은 (상기에서 설명한 바이러스 분리 방법을 통해 얻은 정제된 바이러스가 아니라) 불순물로 배양한 세포의 변성 효과 (CPE) 발생을 바이러스 분리와 동일한 것으로 여기는 것 같습니다. 그러나 불순물로 배양된 세포의 세포 변성 효과(CPE)를 관찰하는 것은 아무것도 증명하지 못합니다. 세포 변성 효과(CPE)는 여러 가지 이유로 인해 생길 수 있습니다. 예를 들어 토마스 리버스(Thomas Rivers)는 1936년 연설에서 다음과 같이 말합니다. "바이러스가 기생물(寄生物)인지 아니면 자가 촉매 과정에서 만들어진 것인지에 관계없이, 바이러스는 숙주 세포와 밀접한 관련이 있으므로 특정 환부(患部)에서 적절한 시점에 항상 발견되어야 한다." [12] 이렇게 말하는 것은 기본적으로 세포 변성 효과(CPE)가 이질 미생물의 침입이 아니라, 세포자멸사(細胞自滅死) 같은 내부 프로세스의 결과일 가능성이 있다는 것을 인정하는 것입니다. 마찬가지로, 세포 변성 효과(CPE)는 단순히 유도 스트레스와 세포 배양을 위해 만들어진 불순한 인공 환경 때문일 수 있습니다. 또한 논문을 읽어 보면, 배양된 세포의 일부에만 세포 변성 효과(CPE)가 있는 경우가 종종 있습니다. 위에서 언급한 것처럼, 실험실 기술자는 다른 배양된 세포를 완전히 무시하면서, 자신의 가설을 가장 잘 지지하는 세포 변성 효과(CPE)를 찾는 데 그야말로 많은 시간을 쓸 수 있습니다.

5. 단순히 불순물로 배양한 세포에서 세포 변성 효과(CPE)를 관찰하였기 때문에 신종 바이러스가 있다고 주장하는 것은 사실이 아닙니다. 더욱이, 신종 바이러스의 계놈이라고 주장하면서, 이 계놈을 공개하는 것은 세계에 가치 있는 기여를 하는 것이 아닙니다. 바이러스학자들은 그들의 실험이 과학적이거나 논리적이 아님에도 불구하고, 그들이 어떤 것을 주장한다면 소위 전문가로서의 권위에 근거해 그들의 주장이 진실이 될 것이라고 생각하는 것 같습니다. 앞에서 언급한 바처럼, 신체에는 충격이나 스트레스로 인해 유전자 염기 서열을 변경하고 새로운 염기 서열을 형성할 수 있는 수많은 미지의 미생물이 있습니다. 어떤 질병으로 인해서 잠재적으로 신체에 특정한 유형의 새로운 유전자 염기 서열이 생성될 수 있습니다. 이러한 유전자 염기 서열 중 일부는 서로 관련이 있는 것처럼 보일 수도 있습니다. 우리는 적절한 장비와 충분한 시간으로 수많은 소위 신종 바이러스군(群)을 찾을 수 있고, 바이러스의 계놈을 기반으로 새로운 PCR 검사를 개발할 수 있다고 생각합니다. 그러나 그 바이러스 중 어떤 것도 세균 이론을 고착하는 침입 미생물에 의해 유발되지 않습니다. 이 이야기의 교훈은 다음과 같습니다: 단순히 바이러스학자들이 주장하고 유전자 염기 서열의 데이터베이스를 만들기 때문에 믿어서는 안 된다는 것입니다.

## 섹션 3

이 섹션에서는 SARS-CoV-1 (예: 홍콩의 SARS 전염병)과 MERS-CoV 를 분리했다고 주장하는 연구를 살펴볼 것입니다. 이 바이러스는 모두 코로나바이러스입니다. 이러한 연구는 SARS-CoV-2 에 대한 연구를 검토할 때 우리에게 중요한 선례를 제공할 것입니다.

### 연구 1: SARS 바이러스에 대해 충족된 코흐(Koch)의 가설[31]

\* 연구 1 의 거의 모든 내용은 연구원 데이비드 크로(David Crowe)의 SARS 에 관한 책에서 발췌한 것입니다[34].

☑ nature

We'd like to understand how you use our websites in order to improve your experience.

Published: 15 May 2003

Aetiology

#### Koch's postulates fulfilled for SARS virus

Ron A. M. Fouchier , Thijs Kuiken, Martin Schutten, Geert van Amerongen, Gerard J. J. van Doornum, Bernadette G. van den Hoogen, Malik Peiris, Wilina Lim, Klaus Stöhr & Albert D. M. E. Osterhaus

*Nature* **423**, 240(2003) | Cite this article

12k Accesses | 506 Citations | 43 Altmetric | Metrics

<https://www.nature.com/articles/423240a>

2003 년 5 월에 네이처(Nature) 저널은 제목에 이 문구를 허용함으로써 네덜란드 연구원들이 "SARS 바이러스에 대해 코흐(Koch)의 가설이 충족되었다는" 주장을 할 수 있도록 허용했습니다. 우리는 그들의 주장이 분명히 사실이 아니며 바이러스학자들의 주장을 비판적으로 검토한 것이 아니라 단순히 믿음이나 합의에 기초해서 수용했다는 놀라운 증거를 제공할 것입니다.

이 논문에서 연구원들은 다음과 같이 말합니다:

"코흐(Koch)의 가설 따르면, 바이러스 질병에 대하여 리버스(Rivers)가 수정한 바처럼, 바이러스를 질병의 원인으로 규명하기 위하여 6 가지 기준이 필요하다. 여러 그룹에서 SCV[SARS 관련 코로나바이러스]는 처음 세 가지 기준 즉 병에 걸린 숙주에서 바이러스 분리, 숙주 세포에서 배양 및 여과성 증명을 충족하였다."

특히 연구원들은 처음 세 가지 가설을 충족했다고 주장하는 네 그룹을 언급합니다. 이제 우리는 이 그룹의 네 가지 연구를 검토하여 그들이 실제로 처음 세 가지 가설을 충족했는지 확인할 것입니다.

### #1 - 카를로 우르바니(Carlo Urbani) 논문 [35]

ORIGINAL ARTICLE  
A Novel Coronavirus Associated with Severe Acute Respiratory Syndrome

Thomas G. Ksiazek, D.V.M., Ph.D., Dean Erdman, Dr.P.H., Cynthia S. Goldsmith, M.S., Sherif R. Zaki, M.D., Ph.D., Theresa Peter, Ph.D., Shannon Emery, B.S., Saizong Tong, Ph.D., Carlo Urbani, M.D., James A. Comer, Ph.D., M.P.H., Wilina Lim, M.D., Pierre E. Rollin, M.D., Scott F. Dowell, M.D., M.P.H., et al.

Article Figures/Media May 15, 2005  
N Engl J Med 2005; 348:1953-1966  
DOI: 10.1056/NEJMoa030781

33 References 1823 Citing Articles Letters

Abstract Related Articles

BACKGROUND A worldwide outbreak of severe acute respiratory syndrome (SARS) has been associated with exposures originating from a single ill health care worker from Guangdong Province, China. We conducted studies to identify the etiologic agent of this outbreak.

PERSPECTIVE MAY 15, 2005 SARS-Associated Coronavirus R.V. Holman

PERSPECTIVE MAY 15, 2005 Managing SARS amidst Uncertainty

<https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa030781>

2003년 5월 15일자 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine)의 논문 중 하나는 사망한 카를로 우르바니(Carlo Urbani)를 공동 저자로 포함했습니다. 비록 그가 살아있었더라도 이 논문에 관해 한 마디도 쓰지 않았을 것임에도 불구하고 그렇게 한 것입니다. 논문 초록(抄錄)에서 저자는 다음과 같이 주장합니다. "새로운 코로나바이러스는 중증 급성 호흡기 증후군(SARS)의 사례 정의를 충족한 환자에게서 분리되었다." 또한 "인후 면봉 검체로 접종한 배로 E6 세포에서 [질병이 있는 세포의 증거인] 세포 병리학적 특징을 볼 수 있었기 때문에" 이 바이러스가 세포를 죽이는 것으로 보인다." 또한 그들의 주장으로는, 전자 현미경 사진은 코로나바이러스의 전형적인 입자를 보여주고 "합의된" 코로나바이러스 게놈의 안정적인 부분이 이 신종 바이러스의 RNA를 추출하는 데 사용되었습니다. 이것을 근거로 그들은 다음과 같이 주장했습니다. "이러한 증거는 이 바이러스가 중증 급성 호흡기 증후군(SARS)의 병원(病因)[원인] 역할을 하고 있음을 나타내는 것이다."

이 저자들은 아무도 그들의 연구를 비판적으로 읽지 않고, 증거가 얼마나 빈약한지 그리고 그들의 실험에 결함이 있는지 발견하지 못하기를 바랐을 것임이 틀림없습니다. 그들은 그들이 가지고 있던 19명의 샘플에서 이 코로나바이러스를 분리했다는 것을 암시합니다. 실제로 그들은 이 사람 중 네 명의 샘플에서 분리를 할 수 있었지만, 코흐(Koch)의 가설에 따라서가 아니라 자신들의 정의에 따라 분리를 하였습니다. 기본적으로, 그들은 인후 면봉 검체를 취하였고, 세포 배양에 불순물을 추가하였으며, 세포 사망을 목격하였으며, 이렇게 한 것을 분리라고 하였습니다. 다시 말하지만, 이것은 이 논문의 섹션 2에 명시된 최적기준에 따른 분리가 아닙니다. 또한 두 사례에서 그들은 신체의 다른 부위 샘플을 여러개 가지고 있었으며, 이 사례 중 단지 하나의 사례에서만 소위 분리가 이루어졌습니다.

항체 검사는 그다지 성공적이지 않았으며, 17명 중 단지 7명의 샘플 테스트에서만 양성 결과를 산출하였습니다. 그들의 결론은 코로나바이러스 게놈에 대한 유전자 PCR(중합효소연쇄반응)에 크게 의존하였습니다. 이 PCR 테스트는 그들의 기준인, 분리에 의한 검사가 아님에도 불구하고 그렇게 하였습니다. 그러나 17개의 샘플 중 15개의 샘플에서 PCR 검사 결과 양성 반응이 나왔습니다.

그들은 세 가지 검사를 함께 묶어서 100% 상관관계를 얻었습니다. PCR 검사에서 음성인 두 사람과 PCR 검사를 받지 않은 두 사람은 분리한 결과에서는 음성이었지만 항체 검사에서는 양성 반응이 나왔습니다. 그렇습니다! 모든 테스트에서 양성 반응이 나온 사람은 없었음에도 불구하고, 중증 급성 호흡기 증후군(SARS)에 걸린 모든 사람은 지금 양성입니다.

이 트릭을 기억하십시오. 여러분은 이 트릭을 곧 알게 될 것입니다.

**2 - 독일 연구[36]**



ORIGINAL ARTICLE

## Identification of a Novel Coronavirus in Patients with Severe Acute Respiratory Syndrome

Christian Drosten, M.D., Stephan Günther, M.D., Wolfgang Preiser, M.D., Sylvie van der Werf, Ph.D., Hans-Reinhard Brodt, M.D., Stephan Beier, Ph.D., Holger Rabenau, Ph.D., Marcus Panning, M.D., Larissa Kolesnikova, Ph.D., Ron A.M. Fouchier, Ph.D., Annette Marie Berger, Ph.D., Ana Maria Burgueño, Ph.D., et al.

<p>Article</p> <p>13 References 1746 Citing Articles Letters</p> <p><b>Abstract</b></p> <p>BACKGROUND</p> <p>Abstract</p> <p>The severe acute respiratory syndrome (SARS) has recently been identified as a new clinical entity. SARS is thought to be caused by an unknown infectious agent.</p> <p>METHODS</p> <p>Clinical specimens from patients with SARS were searched for unknown viruses with the use of cell</p>	<p>May 15, 2003</p> <p>N Engl J Med 2003; 348:1967-1976</p> <p>DOI: 10.1056/NEJMoa030747</p> <p>Related Articles</p> <p>PERSPECTIVE MAY 15, 2003 <b>SARS-Associated Coronavirus</b> E.V. Holmes</p> <p>PERSPECTIVE MAY 15, 2003 <b>Managing SARS amidst Uncertainty</b> R.P. Wenzel and M.E. Edmunds</p>
---	--

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030747>

독일 과학자 그룹은 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine)의 다른 논문에서 “신종 코로나바이러스는 SARS 를 유발하는 역할을 할 수 있다”고 주장하였습니다. 그들은 (정제된 바이러스가 아닌) 세포 배양물에서 추출한 물질을 기반으로 한 유전자 검사를 개발한 후, SARS 에 걸렸을 가능성이 있는 5 명의 환자의 하부 기도(氣道)에서 취한 샘플을 검사하여 양성 반응을 얻었습니다. 13 명 중 3 명은 사스가 있을 가능성이 있었지만, 이들에 대해서는 코의 점액 샘플을 사용했습니다. 또한 그들은 21 명의 잠복성(潛伏性) 보균자 중 아무도 양성 반응을 보이지 않았음을 발견하였지만, 이 사람들에게 대하여는 대변 샘플을 사용하였습니다.

SARS 보균자나 SARS 보균자가 아닌 소수의 사람에 대한 정확도가 인상적이기는 하지만, SARS 에 걸렸을 가능성이 있는 사람에 대하여 검사가 정확하다면, 의사가 건강 상태를 아주 과도하게 진단하였음을 나타내는 것입니다. 이러한 문제는 두 검사 간에 또는 테스트와 임상 진단 간에 불일치가 있는 경우에 그리고 이러한 문제를 해결해 줄 최적 기준이 없는 경우에, 두 가지의 상충하는 방법을 비교할 정확한 척도가 없는 경우에 진단 검사에서 흔히 발생하는 문제입니다. 종종 테스트가 더 과학적이고 편견이 적은 것처럼 보이기 때문에 진단보다 진단 테스트를 신뢰하지만, 그렇다고 해서 진단 테스트가 반드시 진단보다 더 정확하다는 것을 의미하지는 않습니다.

환자를 통해 개발된 검사에 의해 많은 수의 환자 샘플을 연구하고 샘플의 절반 미만에서 양성 반응이 나온 경우에 더 분명한 문제가 발생했습니다. 환자와 밀접히 접촉한 두 사례 가운데서, 한 사람은 유전자 검사를 받은 모든 샘플에서 음성 반응이 나왔으며, 다른 사람은 21 건 검사 중 16 건 검사에 음성 반응이 나왔습니다.

### #3 - 캐나다인[37]

ORIGINAL ARTICLE

## Identification of Severe Acute Respiratory Syndrome in Canada

Susan M. Postaneni, M.D., M.P.H., Donald E. Low, M.D., Bonnie Henry, M.D., Sandy Finley, M.D., David Ross, M.D., Karen Green, R.N., Raymond Teller, M.D., Ryan Drake, B.Sc., Dena Adish, M.Sc., Melissa Ayers, B.Sc., Adrienne K. Chan, M.D., Daniela M. Skowronski, M.D., M.H.Sc., et al., for the National Microbiology Laboratory, Canada, and the Canadian Severe Acute Respiratory Syndrome Study Team\*

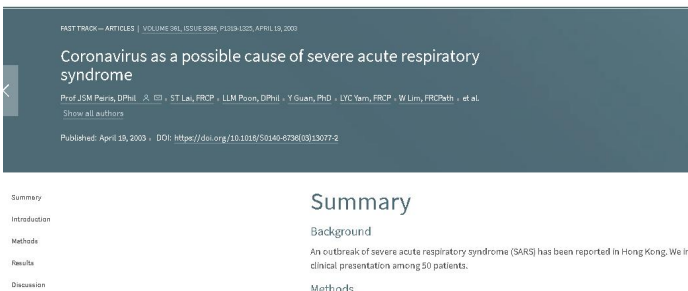
<p>Article</p> <p>23 References 613 Citing Articles Letters</p> <p><b>Abstract</b></p> <p>BACKGROUND</p> <p>Severe acute respiratory syndrome (SARS) is a condition of unknown cause that has recently been recognized in patients in Asia, North America, and Europe. This report summarizes the initial epidemiologic findings, clinical description, and diagnostic findings that followed the identification of SARS in Canada.</p> <p>METHODS</p>	<p>May 15, 2003</p> <p>N Engl J Med 2003; 348:1965-2005</p> <p>DOI: 10.1056/NEJMoa030634</p> <p>Related Articles</p> <p>EDITORIAL MAY 15, 2003 <b>Care Clusters of the Severe Acute Respiratory Syndrome</b> J.M. Driscoll</p> <p>PERSPECTIVE MAY 15, 2003 <b>SARS-Associated Coronavirus</b> E.V. Holmes</p>
--	---

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030634>

SARS 때문에 토론토의 경제를 희생한 캐나다는 분명히 이 질병의 원인 발견을 주장하기 위한 쟁탈전에 서 소외되기를 원하지 않았습니다. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine)에 기고한 세 번째 논문에서 토론토와 밴쿠버의 과학자들은 캐나다에서 진단한 처음 10 건의 샘플을 연구하였습니다. 그들은 바이러스 배양, 전자 현미경과 다수의 특정 바이러스 검사로 바이러스를 검출할 수 없었지만, 인간 메타뉴모바이러스 및 신종 코로나바이러스와 일치한다고 주장하는 유전자 물질을 검출했습니다. 이 검사에서 9 개의 환자 샘플 중 5 개만 양성이었지만 홍콩과 미국 질병 통제 센터의 과학자들의 프로브를 사용하여 코로나바이러스를 검출하였습니다. 다른 실험실에서 환자 4 명의 샘플에 대해 검사를 하였으며, 그중 2 명은 양성이었습니다. "질병에 걸린 숙주로부터 바이러스를 분리하고, 숙주 세포에서 배양하고, 여과 가능성을 입증"했는지를 확인하기 위한 합리적인 기준을 어떻게 충족했는지에 대한 이 논문의 설명을 이해하기는 어렵습니다.

#### #4 - 홍콩 논문[38]

THE LANCET



[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(03\)13077-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(03)13077-2/fulltext)

네덜란드 연구자들이 네이처(Nature)에서 인용한 마지막 논문은 영국의 저명한 의학 저널 랜싯(Lancet)에 게재되었습니다. 이 저널의 편집자들은 "SARS 가 신종 코로나바이러스와 관련이 있다는 강력한 증거"를 이 논문이 제시하였다고 주장하였습니다. 그러나 주의 깊이 읽으면, 코로나바이러스가 SARS 의 원인이라는 주장이 아니라, 단지 SARS 와 코로나바이러스는 종종 서로 연관되어 있다고 주장하는 것임을 알 수 있습니다.

유감스럽게도 모두 홍콩 병원 소속인, 이 논문의 저자들은 약한 관계를 인과관계 수준의 관계로 끌어올리기 위해 트릭을 사용했습니다. 그들은 50 명의 홍콩 환자에게서 채취한 코 면봉 검체 검사 중 단지 절반 (44 명 중 22 명의 검체)에서 그리고 대변 샘플의 절반 남짓(18 명 중 10 명의 검체)에서 신종 코로나바이러스의 것으로 믿어지는 RNA 를 발견하였습니다. 또한 그들은 50 개 샘플 중 35 개 샘플에서 항체를 발견했습니다(그러나 50 명 중 32 명 이상이 두 번 이상의 항체 검사를 했기 때문에 실제로는 총 환자의 절반 정도만이 항체 양성 반응을 보인 것이라고 볼 수 있습니다)

세 가지 검사를 모두 통합하고, 맹신하면서 다음과 같이 자신감 없는 주장을 하였습니다. "한 혈청 샘플에서 인간 폐렴과 관련이 있는 코로나바이러스에 대한 혈청 양성반응이나 비인두(鼻咽頭) 흡입물이나 대변에서 바이러스 RNA 검출을 코로나바이러스 감염의 증거로 간주한다면, 50 명의 환자 중 45 명은 감염되었다는 증거를 가지고 있는 것이다."

#### #5 - 마지막 세 가지 가설[33]

네이처(Nature)지에서 네덜란드 과학자들은 두 마리의 짧은 꼬리 원숭이를 사용하여 인과성을 입증하기 위한 6 가지 조건 중 마지막 세 가지 조건을 충족한다고 주장했습니다. SARS 코로나바이러스를 함유한 것으로 믿어지는 세포 배양물에서 채취한 불순물로 원숭이에게 접종하였습니다. 이 논문에서는 이 물질을 (흔히 하는 것처럼) 짧은 꼬리 원숭이 뇌에 직접 넣었는지, 피부 아래 또는 더 현실적으로 코 안에 넣었는지를 시사하지 않으며, 명확히 해달라는 요청에 응답하지 않았습니다. 또 다른 제한 사항은 동물들이 죽기 전 6 일 동안만 관찰하였다는 것입니다.

두 마리 짧은 꼬리 원숭이 중 한 마리는 "호흡 곤란"을 겪었지만, 다른 한 마리는 피부 발진 및 피로 증상만 있었습니다. 과학자들은 주사한지 2~6 일 후에 원숭이의 코와 목에서 바이러스 RNA 를 검출했다고 주장했습니다. 이들 원숭이의 건강에 대한 정보는 제공되지 않았지만, 16 일 동안 살도록 허용된 두 마리의 다른 짧은 꼬리 원숭이에게서 항체가 발견되었습니다. 두 짧은 꼬리 원숭이 부검 결과 한 마리의 원숭이에게서 (호흡 곤란으로 인한 것으로 추정되는) 심각한 폐 질환과 특이하게 큰 세포(융합 세포)를 발견하였습니다. 이 융합 세포는 인간 SARS 희생자의 폐 조직에서 발견된 것과 구별할 수 없다고 과학자들은 주장하였습니다.

과학자들은 원숭이에서 배양한 바이러스가 시각적으로 원숭이에게 접종한 바이러스와 동일하다고 주장했지만, 과학자들은 '사전(事前)' 전자 현미경 사진이 아니라, 사후(事後) 전자 현미경 사진만을 제공했습니다. 과학자들은 SARS 와 비슷한 질병을 발생시켰고(비록 네 마리의 짧은 꼬리 원숭이 중 한 마리의 원숭이에 대해서 질병을 발생시켰다고 주장하지만), 바이러스를 다시 분리하였으며 "특이적 면역 반응"을 검출하였다는 주장을 뒷받침하기 위해 이 데이터를 사용하였습니다(그러나 SARS 같은 질병을 앓고 있던 한 마리의 원숭이에서는 특이적 면역 반응을 검출하지 못했습니다).

이 연구에는 대조군이 없었습니다. 즉 바이러스 없이 같은 방식으로 다르게 생성된 물질을 주사한 짧은 꼬리 원숭이가 없었습니다. 인간이 바이러스에 노출되는 것과 같은 방식으로 원숭이가 바이러스에 노출되었다는 증거는 없었습니다. 그리고 원숭이에게 배양을 위해 사용되는 이질적 세포와 화학 물질을 주입하여 두 원숭이가 경험한 발진의 원인일 수 있는 알레르기 반응이나 기타 독성 반응을 일으킬 수 있다는 점을 고려하지 않았습니다.

'분리'에 관한 그들의 주장은 바이러스학자들이 사용하는 잘못된 정의에 기초하고 있습니다. 분리의 사전적 정의나 화학적 정의는 하나의 것을 다른 모든 것에서 분리하는 것을 의미하며, 섬을 의미하는 'isola'에서 파생된 것입니다. 그러므로 그들이 사용하는 분리라는 용어는 이러한 원래 정의와는 다릅니다. 그들은 바이러스 사진을 가지고 있다고 주장했지만, 정제하지 않으면 전자 현미경으로 보는 입자가 실제로 코로나바이러스의 RNA 인지를 알 방법이 없습니다. 실제로 전자현미경으로 입자가 바이러스라는 것을 알 수 있는 방법은 없습니다.

SARS 의 원인을 찾으려는 연구는 실제로 없었으며, 그들의 연구는 SARS 와 가장 밀접히 관련이 있는 바이러스에 대한 연구(비록 SARS 바이러스와 별로 관련도 없었지만)라는 사실을 깨닫기 전까지는 코로나 바이러스 과학이 그렇게 영성하다는 것을 이해하기는 어렵습니다.

### 이 연구의 중요성

상기 분석을 통해서 SARS 코로나바이러스가 최적 기준에 따라서 분리(즉, 정제)되지 않았다는 것을 분명히 알 수 있습니다. SARS 코로나바이러스가 질병의 원인 물질로 증명되지 않았습니다. 그럼에도 불구하고 과학자들은 SARS 바이러스라고 주장하는 RNA 에 대해 유전자 염기서열 분석을 했습니다. 그렇게 함

으로써 과학자들은 질병과 관련되는 경향이 있는 유전자 물질의 불순물 조각 게놈을 얻게 되었습니다. 그것이 병원성 바이러스로 입증된 적은 없었습니다. 그럼에도 불구하고 바이러스에 감염되었는지를 확인하기 위한 목적으로 RT-PCR 테스트 키트를 만들기 위해 이 게놈을 사용합니다. 이것이 얼마나 문제가 되는지 아주 분명히 해야 합니다.

또한 SARS-CoV-2(즉, COVID-19 를 유발하는 것으로 알려진 바이러스)는 SARS 코로나바이러스 및 기타 박쥐 코로나바이러스와 동일한 아속(亞屬) 코로나바이러스로 확인되었습니다 [35]. 즉, SARS 코로나바이러스는 정제된 적이 없지만, SARS-CoV-2 를 SARS 코로나바이러스와 같은 아속으로 분류합니다. 우리는 SARS-CoV-2 가 최적기준에 따라 정제된 적이 없다는 것을 곧 알게 될 것입니다. 그래서 기본적으로 비과학적인 실험들이 더 비과학적인 실험의 기초가 되었습니다. 우리는 독자가 이것이 얼마나 위험한 것인지 알 수 있기를 바랍니다.

## 연구 2: 사우디아라비아에서 폐렴에 걸린 사람으로부터 신종 코로나바이러스 분리[40]

The screenshot shows the top portion of a NEJM article page. At the top left is the NEJM logo and 'The NEW ENGLAND JOURNAL of MEDICINE'. Below it are several editorial highlights with small images. A yellow banner indicates 'A correction has been published'. The main title is 'Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia'. Below the title are the authors' names: Ali M. Zaki, M.D., Ph.D., Sander van Boheemen, M.Sc., Theo M. Bestebroer, B.Sc., Albert D.M.E. Osterhaus, D.V.M., Ph.D., and Ron A.M. Fouchier, Ph.D. The page includes a sidebar with navigation icons and a main content area with a 'Summary' section. The summary text is partially visible, starting with 'A previously unknown coronavirus was isolated from the sputum of a 60-year-old man who presented with acute pneumonia and subsequent renal failure with a fatal outcome in Saudi Arabia. The virus (called HCoV-EMC) replicated readily in cell culture, producing cytopathic effects of rounding, detachment, and syncytium formation. The virus represents a novel betacoronavirus species. The'.

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa1211721>

이 연구의 저자들은 다음과 같은 말로 시작합니다. “[HCoV-EMC(즉, MERS-CoV)]는 2003 년에 발생한 중증 급성 호흡기 증후군(SARS)과 매우 유사하며 동물 코로나바이러스가 사람에게 심각한 질병을 유발할 수 있음을 상기시켜 줍니다. 그러므로 여기에서 HCoV-EMC가 사람에게 심각한 질병을 유발한다는 것을 그들은 암시하고 있지만, 논문 마지막 부분에서 다음과 같이 자기모순을 드러내는 말을 합니다.

“HCoV-EMC가 중증 호흡기 질병의 원인 물질로서 코흐(Koch)의 가설을 충족시키는지를 검사하는 것이 동일하게 중요할 것입니다.” 즉, 그들은 인과성을 입증하지 못했음을 인정하지만, 여전히 HCoV-EMC가 심각한 질병을 유발할 수 있다고 암시합니다. 특히 이것이 바이러스 분리를 위한 첫 번째 시도 중 하나라는 사실을 고려하면 수용할 수 없습니다. 그들의 연구는 우리가 곧 검토하게 될 한국에서의 연구 같은 다른 연구에 영향을 미쳤습니다. 더욱이, 그들이 선택한 단어에 주의를 기울이지 않으면, 유연비어가 생기기 쉽습니다. 이런 종류의 유연비어는 사회를 발칵 뒤집어 놓는 극단적인 정책으로 이어질 수 있습니다. 섹션 4에서 SARS-CoV-2와 관련하여 정확하게 이런 일이 일어났음을 보게 될 것입니다.

이 연구 내용을 보면, 베로(Vero) 및 LLC-MK2 세포를 접종하기 전에 과학자들은 원심 분리를 하였습니다. 섹션 2에서 언급한 바와 같이, 항생제 및 혈청을 세포 배양에 첨가하는 경우가 많으며, 이 연구도 예외가 아닙니다. 연구원들은 소 태아의 혈청 2%를 추가했다고 말합니다. 그렇게 한 후에, 그들은 배양 용기에 배양을 하고, 배양액을 3 일마다 바꾸면서 세포 변성(變性) 변화(즉, 병원성 바이러스에 의해 야기되는 것으로 추정되는 세포 변화)를 15 일 동안 매일 관찰하였습니다. 그들이 혈청이 있는 배양액을 3 일마다 바꾸었다는 점에 유의해야 합니다. 이 모든 것이 검체에 대하여 유도된 스트레스 양을 증가시키며, 이러한 요소로 인해 세포 변성에 영향을 미칠 수 있습니다.

일부 세포 배양에서 세포 변성(變性) 영향을 검출한 후에, RT-PCR 테스트를 준비하였습니다. 이 과정에서 그들은 바이러스를 원심분리하고 여과했다는 사실을 언급하지만, 이렇게 하는 것이 “박테리아 환경을 최소화한다”는 중요한 시인을 추가로 언급합니다. 이것은 섹션 2에서 언급한 단점의 추가 증거입니다. 원심 분리와 여과를 주의 깊이 하더라도, 원심 분리와 여과는 바이러스를 분리하기 위한 완전한 방법이 아닙니다. 앞서 언급한 바와 같이, 원심분리는 오염되기 쉽고 여과할 때에 동일한 크기나 더 작은 다른

바이러스를 배제할 수가 없습니다. 또한, 연구원들이 여과 후에 그들의 작업을 검증하기 위해 전자현미경을 사용했음을 보여주는 설명이나 사진이 전혀 없습니다.

다음에 저자는 게놈 염기 서열을 검토하였습니다. 흥미로운 것은 연구원들이 어떻게 게놈 염기 서열을 밝혀냈는가 하는 문제입니다. 그들은 정제된 바이러스를 가지고 있지 않기 때문에, 그들은 바이러스의 유전자 물질을 추출하고 바이러스 게놈의 염기 서열을 밝히기 위한 바이러스 입자 구조의 특징을 화학적으로 밝힐 수 없었습니다. 대신, 임의의 프라이머 PCR (AP-PCR) 방법을 사용하였습니다. 이 방법은 이러한 유형의 작업을 위해 고안된 것이 아님에도 불구하고 그렇게 하였습니다 [72]. 어쨌든 그들은 후에 콘티그<sup>6</sup> 지도(일련의 겹치는 DNA 분절)에 결합한 DNA 의 서열을 발견하였습니다. 그들은 바이러스 게놈 염기 서열의 약 90%를 얻을 수 있었다고 말했습니다.

요약하자면, 저자들은 매우 암시적인 단어인 "원인"을 사용하지만, 코흐(Koch)의 가설을 충족하지 못했음을 시인합니다. 또한, 그들의 분리 절차는 섹션 2의 바이러스 분리 방법을 충족시키지 못했습니다. 그들은 원심분리와 여과를 했지만, 앞에서 언급한 결점을 극복할 수 없었음이 분명합니다.

---

<sup>6</sup> contig(콘티그):DNA 의 합의 영역을 함께 나타내는 일련의 겹치는 DNA 세그먼트.

# 연구 3: 사우디아라비아 경증환자에게서 분리된 감염성 중동호흡기 증후군 코로나바이러스(MERS-CoV)



Volume 5, Issue 6  
June 2018

### Article Contents

Abstract

INITIAL MERS DIAGNOSIS

CLINICAL PRESENTATION AND HOSPITAL COURSE

LABORATORY INVESTIGATION

DISCUSSION

Supplementary Data

Acknowledgments

References

Author notes

## Infectious MERS-CoV Isolated From a Mildly Ill Patient, Saudi Arabia

Hail M Al-Abdely, Claire M Midgley, Abdulrahim M Alkhamis, Glen R Abedi, Azaibi Tamin, Alison M Binder, Khalid Alanaazi, Xiaoyan Lu, Oaman Abdalla, Senthilkumar K Sakthivel...  
Show more

Author Notes

Open Forum Infectious Diseases, Volume 5, Issue 6, June 2018, ofy111,  
<https://doi.org/10.1093/ofid/ofy111>

Published: 15 May 2018 Article history

PDF Split View Cite Permissions Share

### Abstract

Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) is associated with a wide range of clinical presentations, from asymptomatic or mildly ill to severe respiratory illness including death. We describe isolation of infectious MERS-CoV from the upper respiratory tract of a mildly ill 27-year-old female in Saudi Arabia 15 days after illness onset.

**Keywords:** asymptomatic, MERS, mild, prolonged detection, virus isolation

**Topic:** saudi arabia, middle east respiratory syndrome coronavirus, middle east respiratory syndrome

<https://academic.oup.com/ofid/article/5/6/ofy111/4996435>

미국 질병 통제 예방센터(CDC)와 협력한 사우디아라비아 연구원들은 여성 환자로부터 중동호흡기 증후군 코로나바이러스(MERS-CoV)를 분리했다고 주장합니다.

이 연구의 “호흡기 검체의 임상 검사” 섹션에서 그들은 RT-PCR 사이클 임계 값(Ct)을 바이러스 부하와 연관시키려고 합니다. 그들은 다음과 같이 말합니다. “중동호흡기 증후군 코로나바이러스(MERS-CoV) upE rRT-PCR의 사이클 임계 값(Ct)은 12 개의 양성 검체 중 11 개의 검체에 대해 유효하였으며 사이클 임계 값(Ct)은 25 에서 37 이었다 (그림 1B). 발병 후 10 일째에, upE 임계 값(Ct)은 37 로서 바이러스 부하가 낮았으며; 14 일째에 임계 값은 25 로 더 낮아서 바이러스 부하가 눈에 띄게 증가하였다.”

그러나, 이용할 수 있는 몇 가지 연구에 의하면, 사이클 수치가 바이러스 부하를 나타내지는 않습니다. 예를 들어 한 연구에 따르면, “단일 바이러스 감염 환자 및 다수의 바이러스 감염 환자의 임계값과 임상 매개변수 사이의 상관관계가 발견되었지만, 숙주, 바이러스 요소 및 실험실 요소의 개별적 차이가 유의미한 결과의 해석을 하기 어렵게 만들기 때문에 이러한 발견의 임상적 중요성은 제한적이다. 다수의 감염에서, 바이러스로 인한 질병과 바이러스와는 관계없는 질병을 구분하는데 바이러스 부하를 사용할 수 없다”[42]. 이 주제에 대한 또 다른 연구에 따르면, “상기도 검체의 qRT-PCR 임계 값은 일부 호흡기 바이러스로 인한 임상적 중증도와 관련이 있었다”[43]. 연구 내용을 읽고 연구 대상 바이러스 5 개 중 하나의 바이러스에서만 관련성이 발견되었다는 것을 알기 전에는 이러한 설명이 그럴듯해 보입니다. 일례로, 외래 환자는 입원 환자보다 임계 값 수치가 낮으며, 이러한 결과는 연구원의 가설과는 정반대입니다.

SARS-CoV-2의 바이러스 부하를 나타내기 위해 사용되는 임계 값과 관련하여 연구원 데이비드 크로우(David Crowe)는 싱가포르 과학자들의 연구를 분석하였습니다. 그들은 가장 아픈 환자의 임계 값이 경미한 증상을 보이는 환자와 아주 비슷함을 발견하였습니다. 또한 중국 광둥의 RNA 양성인 사람을 대상으로 한 조사에서, 과학자들은 바이러스 부하(RNA의 양)를 조사하고 “무증상 환자에게서 검출된 바이러스 부하가 증상이 있는 환자에게서 검출된 바이러스 부하와 비슷하다”는 결론을 내렸습니다[45].

이러한 연구 결과를 통해서, 바이러스 부하를 추정하기 위해서 임계 값을 사용할 수 없다는 것을 그리고 사용하더라도 일관성이 없다는 것을 알 수 있습니다.

다시 중동호흡기증후군 코로나바이러스(MERS-CoV)로 돌아가서 설명을 하자면, 연구원들은 바이러스 분리를 진행하였습니다. 그들은 다음과 같이 말합니다. “질병통제 예방센터(CDC)에 제출한 2 MERS-CoV RNA 양성 비인두(NP) 검체를 96 웰플레이트<sup>7</sup>의 합성 세포 배양 배지(DMEM<sup>8</sup>)에서 연속해서 10 배로 희석한 다음에 배로 세포부유액을 접종하는 데 사용하였다. 접종 후 3 일에서 7 일 사이에 매일 이 세포를 관찰하였으며; 접종 3 일 후에 거꾸로 된 현미경<sup>9</sup>으로 세포 변성 효과를 관찰하였다. 세포 변성 효과(CPE)를 보인 모든 웰을 거두어서 24 웰 플레이트에 통과시켰다.”

여기에서 언급할 몇 가지 사항이 있습니다. 첫째, 그들은 숙주 세포 대신 배로 세포(즉, 원숭이 신장 상피 세포)를 사용했습니다. 토마스 리버스(Thomas Rivers)는 자연적 질병이 있는 환자로부터 세포를 얻어야 한다고 말했습니다[12]. 둘째, 그들이 항생제를 배양에 첨가했는지 여부는 분명하지 않지만, 항생제를 투여하는 것은 일반적인 관행이므로, 항생제가 첨가되었을 가능성이 높습니다. 이렇게 하면 섹션 2에 설명된 유도된 스트레스의 양이 증가하게 됩니다. 셋째, 저자들은 음성 대조군에 관해 언급하지 않습니다. 그러나 배양 준비 및 혈청 추가와 같은 실험실 절차에 의해서 세포 변성(變性) 변화가 발생한 것이 아님을 보여주는 데 도움이 되는 음성 대조군이 필요합니다.

일반적으로 그들의 바이러스 분리 방법은 사스를 분리했다고 주장하는 네덜란드 연구원의 방법과 매우 비슷합니다. 그들의 방법은 코흐(Koch)의 가설을 따르지 않았습니다.

기본적으로, 그들은 불순물(즉, 정제되지 않은 바이러스)을 세포 배양에 첨가하였고, 세포 사망을 주목하고, 그것을 분리라고 했습니다. 그러나 세포 배양에 불순물이 첨가되었기 때문에 세포 사망의 원인을 정확히 알 수 없습니다. 그것이 바이러스일 수도 있지만, 다른 것일 수도 있습니다. 최적 기준에 따라 바이러스를 먼저 분리(즉, 정제)하지 않으면, 세포 사망의 원인을 확실히 알 방법이 없습니다.

다음에, 그들은 RNA 염기 서열 순서를 밝히고자 하였고 2 개의 분리된 바이러스가 임상 검체와 같은 염기 서열을 가지고 있음을 발견하였습니다. 기본적으로, 그들은 이러한 과정의 마지막에, 처음에 넣었던 것과 동일한 RNA 를 얻었다고 말하였습니다. 하지만 이것이 정확히 무엇을 증명합니까? 그들은 RNA 가 들어 있는 샘플로 배로 세포를 배양했기 때문에, 나중에 그들이 동일한 RNA 를 발견하는 것은 그다지 놀라운 일이 아닙니다. RNA 의 존재는 단지 연관성에 관한 증거만을 제시할 수 있습니다. RNA 의 존재가 인과성을 증명할 수는 없습니다. 다시 말하지만, 바이러스를 정제하지 않으면, RNA 가 바이러스인지 아니면 단순히 세포 내인성(內因性)의 것인지 확실하지 않습니다.

결론적으로, 이 연구의 저자들은 MERS-CoV 를 분리했다고 주장했지만, 그들의 연구를 검토해보면, 그들이 그런 일을 하지 않았다는 것이 분명합니다.

---

<sup>7</sup> 96 well plate(웰 플레이트): 시료의 저장, 다양한 샘플을 한꺼번에 세포 배양, DNA 추출을 하거나 보관하기 위한 목적으로 제작된 것.

<sup>8</sup> DMEM(Dulbecco's Modified Eagle Medium): 1959 년에 최초로 공개된 Harry Eagle 에 의해 개발된 합성 세포 배양 배지

<sup>9</sup> inverted scope (거꾸로 된 현미경):광원과 콘덴서가 상단을 향하고 무대 위를 가리키는 현미경.



Isolation of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus from a Patient of the 2015 Korean Outbreak

Wan Beom Park,<sup>1,2\*</sup> Nak-Jung Kwon,<sup>2,4</sup>  
 Pyeong Gyun Choe,<sup>1</sup> Su-Jin Choi,<sup>2</sup>  
 Hong Sang Oh,<sup>1</sup> Sang Min Lee,<sup>1</sup>  
 Hyonyong Chong,<sup>3</sup> Jong-Il Kim,<sup>4</sup>  
 Kyoung-Ho Song,<sup>1</sup> Ji Hwan Bang,<sup>1</sup>  
 Eu Suk Kim,<sup>1</sup> Hong-Bin Kim,<sup>1</sup>  
 Sang Won Park,<sup>1</sup> Nam Joong Kim,<sup>1,2</sup>  
 and Myoung-don Oh<sup>1,2</sup>

During the 2015 outbreak of Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) in Korea, 186 persons were infected, resulting in 38 fatalities. We isolated MERS-CoV from the oropharyngeal sample obtained from a patient of the outbreak. Cytopathic effects showing detachment and rounding of cells were observed in Vero cell cultures 3 days after inoculation of the sample. Spherical virus particles were observed by transmission electron microscopy. Full-length genome sequence of the virus isolate was obtained and phylogenetic analyses showed that it clustered with clade B of MERS-CoV.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4729515/pdf/jkms-31-315.pdf>

이 연구의 한국 저자들은 "2012 년에 사우디아라비아의 중증 폐렴 환자의 가래에서 MERS-CoV 를 분리하였다."라는 말로 시작합니다. 각주 3 을 확인해보면, "사우디아라비아의 폐렴에 걸린 한 남자로부터 신종 코로나바이러스 분리"[40]라는 연구가 언급되어 있으며, 우리는 이것을 연구 2 에서 검토하였습니다. 부정확한 용어의 사용에서 유언비어가 시작되었다는 것에 관해 우리가 언급한 것을 기억하십니까? 그 연구의 저자들은 코흐(Koch)의 가설을 충족하지 못했다는 것을 시인하지만 "원인"이라는 단어를 사용했습니다. 한국 연구원들이 그 연구를 얼마나 조사했는지 확실하지는 않지만, 그 연구가 한국 연구원들에 확실히 영향을 미쳤습니다.

바이러스를 분리했다고 주장하지만, 그들은 단지 환자의 구강 인두(口腔咽頭) 샘플을 채취하고, 배로 세포 단층에 샘플을 접종하고, 세포 변성 효과가 있는지를 알기 위해 기다렸습니다. 전자 현미경 사진에서 그들은 음성 대조군의 배로 세포 배양 사진을 보여주지만, 배양을 준비한 방법에 관한 정보는 없습니다. 구강 인두(口腔咽頭) 샘플이 없는 음성 대조군이 정확히 검체와 같은지는 확실하지 않습니다. 예를 들어, 검체와 음성 대조군에는 모두 항생제나 혈청과 같은 첨가제가 들어있습니까?

접종 3 일 후, 일부 세포 변성(變性) 효과가 관찰되었습니다. 기본적으로 이러한 세포 변성 효과를 그들은 분리라고 합니다. 그들은 원심 분리와 여과를 완전히 생략한 것 같습니다.

세포 변성(變性) 효과는 바이러스 이외의 여러 가지 다른 원인 때문에 발생할 수 있음을 우리는 섹션 2 에서 언급하였습니다. 세포 변성은 불순물 첨가, 실험실 절차, 유도 스트레스 등 때문일 수 있습니다. 세포 변성이 병원성 바이러스라고 가정하는 것은 훌륭한 과학이 아닙니다.

그 후, 그들은 RT-PCR 를 사용하여 겔보기에는 MERS-CoV 의 upE 유전자 및 ORF1a 유전자와 일치하는 일부 RNA 를 발견한 것 같습니다. 그러나 앞에서 언급한 바와 같이, 처음부터 MERS-CoV 를 제대로 분리하지 않았기 때문에 그들이 무엇을 검출했는지 확실하게 말할 수 없습니다.

그리고 이것이 그들의 분리 작업의 범위였습니다.

이후에 그들은 전자 현미경을 사용하여 그들이 바이러스 입자라고 부르는 것을 검사했습니다. 그들은 "감염된 세포의 세포질 내에서 직경 77-131nm 의 구형 입자를 관찰했다" 라고 말했습니다. 그것은 매우 광범위한 입자입니다. 그것은 모두 동일한 입자로서 단지 크기만 다른 것이었습니까? 그것이 바이러스성이라고 가정할 것입니까? 세포 내인성의 것일 가능성은 없습니까? 이러한 질문 중 어느 것도 고려되지 않았습니다.

이 연구는 과학자들이 바이러스의 게놈 염기 서열을 전체적으로 밝힌 것을 대단한 것으로 여깁니다. 그러나 그들의 방법은 섹션 2의 "5 단계 및 SARS-CoV-2 발견과 관련된 문제점"에서 논의한 동일한 잘못된 절차를 따릅니다. 그들이 기본적으로 한 것은 PCR 프라이머와 프로브를 검체에 사용하여 MERS-CoV와 관련이 있는 것으로 이미 확인되었던 특정 염기서열을 찾는 것이었습니다. 그런 다음 PCR 검사 결과를 사용하여 DNA 분절을 재구성하고 이 바이러스의 게놈 또는 전체 유전자 물질 세트를 나타내는 모델에 DNA 분절을 결합하였습니다. 그들이 사용한 프라이머 쌍은 해당 연구의 표 1에 나와 있습니다.

## 비고

이제 SARS-CoV-2에 대한 연구를 검토하기 전에 필요한 기초 작업을 마쳤습니다. 요약하자면, 우리는 (1) 전염병의 원인을 파악하기 위한 최적 기준을 식별하였습니다; (2) 바이러스를 분리하는 방법을 배웠습니다; (3) 바이러스 분리 방법에 대한 결점과 일반적인 비평을 논의했습니다; 그리고 (4) SARS-CoV-1 및 MERS-CoV와 관련된 몇 가지 연구를 검토했습니다. SARS-CoV-2에 대한 연구를 살펴볼 때, 독자가 더 잘 이해하는 데 도움이 될 수 있는 이전 자료를 검토해 볼 것을 우리는 제안합니다.

## 섹션 4

이 섹션에서는 SARS-CoV-2 (즉, COVID-19 를 유발하는 것으로 알려진 바이러스)를 분리했다고 주장하는 연구를 살펴볼 것입니다.

### 연구 1: 박쥐로부터 비롯된 것일 가능성이 있는 신종 코로나바이러스와 관련된 폐렴 발생

The screenshot shows the top portion of a Nature article. The title is "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin". The authors listed are Peng Zhou, Xing-Lou Yang, [...] and Zheng-Li Shi. The article is dated 03 February 2020. It has 901k accesses, 810 citations, and 4819 altmetric metrics. The abstract begins with "Since the outbreak of severe acute respiratory syndrome (SARS) 18 years ago, a large number of SARS-related coronaviruses (SARSr-CoVs) have been discovered in their natural reservoir host, bats<sup>1,2,3,4</sup>. Previous studies have shown that some bat SARSr-CoVs have the potential to infect humans<sup>5,6,7</sup>. Here we report the identification and characterization of a new coronavirus (2019-nCoV), which caused an epidemic of acute respiratory syndrome in humans in Wuhan, China. The epidemic, which started on 12 December 2019, had caused 2,794 laboratory-confirmed infections including 80 deaths by 26 January 2020. Full-length genome sequences were obtained from five patients at an early stage of the". The right sidebar contains a "Download PDF" button, "Associated Content" section with a "Coronavirus" collection, and a "Sections" menu with options for Abstract, Main, Methods, Data availability, References, Acknowledgements, Author information, Ethics declarations, Additional information, Extended data figures and tables, and Supplementary information.

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

이 연구의 저자들은 먼저 다음과 같은 요약문을 언급하면서 시작합니다. “여기에서 우리는 중국 우한에서 인간의 급성 호흡기 증후군 전염병을 일으킨 신종 코로나바이러스(2019-nCoV) [SARS-CoV-2]의 식별 및 특성 분석을 보고합니다.” 이것은 상당한 주장입니다! 전염병을 유발한다는 표현은 단순히 질병의 원인 물질이라는 표현 이상의 강력한 표현입니다. 그들이 이것에 관해 훌륭한 증거를 가지고 있기를 바랍니다.

그들의 논문을 주의 깊게 읽어보면, 그들의 주장에 관한 증거가 없다는 것이 금세 분명해집니다. 사실 나중에 그들은 다음과 같이 그들의 주장과 모순되는 이야기를 합니다. “이 연구는 중국 및 다른 나라에서 지속해서 급성호흡기증후군 전염병을 일으킬 가능성이 있는 병원체 [원인]물질인 2019-nCoV 에 관한 자세한 보고서를 제공합니다.” 그러므로 그들은 “전염병을 일으켰다”라는 표현 대신 “병원(病因) 가능성 물질”이라는 표현을 사용하였습니다. 그것은 확실히 반전입니다. 그러나, 이것이 전부 아닙니다. 그들은 계속해서 다음과 같이 말합니다. “2019-nCoV 와 질병의 연관성은 미생물과 질병 사이의 인과관계를 규명하기 위한 코흐(Koch)의 가설을 충족하는 동물 실험에 의해 입증되지 않았다.” 여기서 그들은 SARS-CoV-2 가 질병의 원인 물질임을 증명하지 못했다고 분명하게 말합니다.

저자들은 논문의 초록(抄錄)에서 “전염병을 일으켰다”라고 말함으로써 독자를 완전히 오도했습니다. 그것은 대단히 부주의한 것입니다. 이 연구는 바이러스를 분리하기 위한 최초의 시도 중 하나였기 때문에 그들의 연구는 우리가 곧 검토하게 될 한국에서의 연구와 같은 다른 연구에 영향을 미쳤습니다. 또한 그들이 선택한 단어에 주의를 기울이지 않아서 유언비어가 퍼졌으며, SARS-CoV-2 의 경우 이러한 소문이 사회를 뒤집는 극단적인 공공 정책 실시의 원인 중 일부일 가능성이 높습니다.

저자들이 코흐의 가설을 충족하지 못했다고 시인하므로, SARS-CoV-2 가 질병의 원인 물질이라는 것을 증명하는데 이 연구를 사용할 수 없습니다. 그러므로 우리는 다음 연구로 넘어갈 수 있습니다. 그러나, 학습을 위해, 이 연구의 내용을 조금 더 검토해 보겠습니다.

“qPCR 분석 결과 [샘플 검체]의 바이러스 부하는 1 일에서 3 일 사이에 증가하였다”라고 이 논문은 언급합니다. 하지만 섹션 3의 연구 3에서 보여준 것처럼, PCR 검사에서는 PCR 검사의 사이클 임계 값(Ct) 바이러스 부하 추정치를 일관적으로 사용할 수 없습니다.

이 연구는 저자들이 바이러스의 게놈 염기 서열을 전체적으로 밝힌 것을 대단한 것으로 여깁니다. 그러나 그들의 방법은 섹션 2의 “5 단계 및 SARS-CoV-2 발견과 관련된 문제점”에서 논의한 동일한 잘못된 절차를 따릅니다. 어느 시점에서 그들은 이렇게 말합니다. “우리는 게놈의 가장 가변적인 영역인 S 유전자의 수용체 결합 영역의 염기 서열을 기반으로 qPCR 기반 검출 방법을 신속하게 개발했다.” 그들은 기본적으로 SARS-CoV-2의 S 유전자는 특이하다고 말하고 있습니다. 그러나 그들은 이상하게도 다음과 같이 시인합니다. “첫 번째 샘플 채취 중 7명의 환자에서 얻은 샘플 가운데 6개의 BALF [기관지폐포 세척액]과 5개의 구강 면봉 샘플에서, qPCR과 기존 PCR로 평가하는 2019-nCoV 양성 반응이 나왔다. 그러나 두 번째 샘플 채취에서 이들 환자로부터 채취한 구강 면봉 검체, 항문 면봉 검체 및 혈액 샘플에서는 바이러스 양성을 더 검출할 수 없었다.” 다시 말해, 그들의 PCR 검사는 매우 유용하다는 것을 입증하지 못했습니다. 이러한 문제를 처리하기 위해 그들은 다음과 같이 말합니다. “2019-nCoV의 일상적인 검출을 위해 RdRp 이나 엔벨로프<sup>10</sup>(E) 유전자를 비롯하여 다른 qPCR 표적을 사용할 것을 권고한다.” 여기에서 문제는 SARS-CoV-2의 RdRp와 E 유전자가 특이성이 없다는 것입니다. 그들의 독특한 SARS-CoV-2 염기 서열은 쓸모 없는 것으로 판명되었지만, 그렇더라도 이 과학자들을 막을 수는 없었습니다! 대신 그들은 독특한 바이러스를 찾기 위해 독특하지 않은 염기 서열에 의존할 것을 권고하였습니다. 우리는 어안이 병병할 뿐입니다!

바이러스를 분리하기 위해, 그들은 기이하게도 7명의 환자 중 단지 한 명의 샘플을 사용하였습니다. 기본적으로 그들은 환자의 기관지폐포 세척액(BALF) 샘플을 채취하고, 이 샘플에 항생제와 혈청을 첨가하고, 이 샘플을 사용하여 베토티 E6와 Huh7 세포를 접종하고, 세포 변성(變性) 효과가 있는지를 보기 위해 기다렸습니다. 이 방법이 왜 그렇게 문제가 있는지 알아보려면 섹션 2의 결점 및 일반적인 비평을 참조하십시오.

이 연구는 다음과 같은 고지 사항을 제시합니다: “샘플 크기를 미리 결정하기 위한 통계 방법을 사용하지 않았습니다. 무작위적인 실험을 하지 않았으며, 연구원들은 실험 및 결과 평가 과정에서 할당되는 샘플에 대해 이미 알고 있었습니다.” 얼마나 많은 공공 정책이 이러한 논문을 기반으로 했는지를 고려하면, 이것은 정말로 실망스럽습니다.

---

<sup>10</sup> Envelope Gene(엔벨로프 유전자):바이러스 외피를 형성하는 단백질을 암호화하는 바이러스 유전자.

## 연구 2: 2019 년 중국에서 폐렴에 걸린 환자의 신종 코로나바이러스[48]

The screenshot shows the NEJM article page. At the top, there's a navigation bar with 'SUBSCRIBE OR RENEW' and a 'NEW' badge. Below that, there are several article teasers. The main article is titled 'A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019' by Na Zhu, Ph.D., Dingyu Zhang, M.D., Wenling Wang, Ph.D., Xingwang Li, M.D., Bo Yang, M.S., Jingdong Song, Ph.D., Xiang Zhao, Ph.D., Baojing Huang, Ph.D., Weifeng Shi, Ph.D., Bojian Liu, M.D., Peihua Niu, Ph.D., Fasan Zhan, Ph.D., et al., for the China Novel Coronavirus Investigating and Research Team. The article is dated February 20, 2020, and has 17 references and 1340 citing articles. The summary states: 'In December 2019, a cluster of patients with pneumonia of unknown cause was linked to a seafood wholesale market in Wuhan, China. A previously unknown betacoronavirus was discovered through the use of unbiased sequencing in samples from patients with pneumonia. Human airway epithelial cells were used to isolate a novel coronavirus, named 2019-nCoV, which formed a clade within the subgenus sarbecovirus, Orthocoronavirinae subfamily. Different from both MERS-CoV and SARS-CoV, 2019-nCoV is the seventh member of the family of coronaviruses that infect humans. Enhanced surveillance and further investigation are ongoing. (Funded by the National Key Research and Development Program of China and the National Major Project for Control and Prevention of Infectious Disease in China.)'

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001017>

이 연구의 저자들은 다음과 같이 명시합니다. “우리의 연구가 코흐의 가설을 충족시키지 못하지만, 우리의 분석은 우한에서 발생한 2019-nCoV 와 관련된 증거를 제공한다.” 저자들이 코흐의 가설을 충족하지 못했다고 시인하므로, SARS-CoV-2 가 질병의 원인 물질이라는 것을 증명하는데 이 연구를 사용할 수 없습니다. 그러므로 우리는 다음 연구로 넘어갈 수 있습니다. 그러나, 학습을 위해, 이 연구의 내용을 조금 더 검토해 보겠습니다.

바이러스를 분리하기 위하여, 저자들은 기본적으로 우리가 이전에 검토한 연구와 동일한 절차를 따랐습니다. 기본적으로 그들은 단순히 환자의 기관지폐포 세척액(-BALF) 샘플을 채취하고, 이 샘플에 항생제와 혈청을 첨가하고(즉, 바이러스 수송 배지를 추가하고), 이 샘플을 원심 분리하고, 기도(氣道) 상피 세포를 접종하고, 세포 변성(變性) 효과가 있는지를 보기 위해 기다렸습니다. 그들이 이번에는 배로 세포를 사용하지 않았지만, 폐암 환자의 상피(上皮) 세포를 사용한 것은 주목할 만합니다. 암 세포를 전자 현미경으로 검사할 때 코로나바이러스와 매우 유사한 엑소좀을 생산하는 것으로 알려져 있기 때문에[26][49] 이것은 중요합니다. 엑소좀에 관한 자세한 내용은 섹션 2의 "4 단계 문제"를 참조하십시오.

저자들은 검체를 원심분리했지만, 검체를 여과하지 않았습니다. 그들이 전자 현미경으로 관찰을 할 때 코로나바이러스 같은 입자를 본 것으로 언급하지만, 여과를 생략하고 엑소좀 소포에 영향을 받기 쉬운 샘플을 사용하였기 때문에 그들이 무엇을 관찰했는지 단언할 수 없습니다. 또한, 섹션 2에 언급된 다른 모든 결점과 일반적인 비평은 이 과정에 여전히 적용된다는 점을 염두에 두어야 합니다.

이전 연구와 마찬가지로, 저자는 계놈의 염기 서열을 밝힌 것을 대단하게 여깁니다. 그러나 바이러스를 정제하지 않으며, 밝혀진 계놈의 염기 서열은 별로 도움이 되지 않습니다.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7045880/pdf/ophrp-11-3.pdf>

한국의 질병관리본부(KCDC) 연구원들은 이 연구의 서문에서 다음과 같이 명시합니다. “2019 년 말 중국 우한에서 원인을 알 수 없는 폐렴의 첫 번째 발생 후, 2020 년 1 월에 신종 코로나바이러스가 원인 물질로 확인되었다.” 이 주장을 뒷받침하기 위해, 그들은 다음과 같은 연구의 참고 문헌을 제시합니다. “신종 코로나바이러스(2019-nCoV) 전체 게놈의 발전적 분석은 최근의 재조합 사건의 결과로 출현한다는 가설을 부인한다”[51]. 그러나 이 논문에서 저자들은 인과관계라는 주제를 전혀 다루지 않습니다. 실제로 그들은 논문 결론에서 다음과 같이 명시합니다. “2019-nCoV의 독특한 유전적 특징 그리고 인간의 바이러스 특성 및 독성과 2019-nCoV의 독특한 유전적 특징과의 연관성은 아직 해명되지 않고 있다.” 다시 말해, 이 저자들은 심지어 연관성을 밝히고자 하지 않았습니다. 이런 점에서 보면, 그들은 인과관계를 밝힐 생각은 아예 하지 않았음을 알 수 있습니다. 한국의 질병관리본부(KCDC) 연구원들은 이 논문을 읽고 어떻게 신종 코로나바이러스(즉, 연구 당시 잠정적으로 2019-nCoV로 명명된 SARS-CoV-2)가 원인을 알 수 없는 폐렴의 원인 물질이라고 결론을 내릴 수 있었습니까? 다음과 같은 세 가지 옵션만 있습니다:

(1) KCDC 연구원들은 잘못된 것을 참고하였습니다. 그러나 다음과 같은 이유로 인해 그럴 가능성은 작습니다:

- a) “원인 물질”이 강조하고자 하는 요점인 것처럼, 그들의 논문에서 “원인 물질”이라는 정확한 단어를 저자들은 상당히 의도적으로 4 번 사용합니다.
- b) Zhou P 등은 “2019-nCoV와 질병의 연관성은 미생물과 질병 사이의 원인 관계를 규명하기 위한 코흐(Koch)의 가설을 충족시키는 동물 실험에 의해 입증되지 않았다.”[47]라고 말하였으며 Zhu N 등은 “우리의 연구는 코흐(Koch)의 가설을 충족시키지 못하지만, 우리의 분석은 우한에서 발생한 2019-nCoV와 관련된 증거를 제공한다”라고 말하였습니다[48]. KCDC 연구원들은 이렇게 코흐의 가설을 충족시키지 못한 Zhou P 등과 Zhu N 등의 저술을 언급합니다.

(2) KCDC 연구원들은 이 논문을 읽지 않았으며, 단지 이 논문이 그들의 주장을 뒷받침한다고 추정하였습니다.

(3) KCDC 연구원들은 아무도 그들의 저술을 확인하지 않으리라 생각하면서, 의도적으로 논문의 독자들을 속이려고 하였습니다.

다른 옵션이 있을 수 있다는 것은 상상하기 어렵습니다.

한국 CDC의 연구는 처음부터 연구 자격을 완전히 갖추지 못했습니다. 그러나, 학습을 위해, 이 연구의 내용을 조금 더 검토해 보겠습니다.

바이러스를 분리하기 위해, 저자들은 불순한 비인두(鼻咽頭) 샘플 및 구강 인두(口腔咽頭) 샘플을 획득하였고, 항생제와 혈청을 첨가하였으며, 베토 세포를 접종하였으며, 세포 변성(變性) 효과를 보기 위해 기다렸습니다. 그들은 여과를 하지 않은 것 같습니다.. 이것이 왜 그렇게 문제가 되는지 몇 가지 이유를 알기 위해 섹션 2에 제시된 결점을 참조하십시오.

또한 그들은 다음과 같이 명시합니다. "세포 배양 배지에서 추출한 RNA로 실시간 RT-PCR을 사용하여 바이러스 복제를 확인하였다. 비인두(鼻咽頭) 샘플 사이클 임계 값(Ct)은 14.40 그리고 구강 인두(口腔咽頭) 샘플 사이클 임계 값(Ct)은 18.26으로서, 종전의 접종 샘플의 비인두(鼻咽頭) 샘플 사이클 임계 값(Ct)인 20.85 그리고 구강 인두(口腔咽頭) 샘플 사이클 임계 값(Ct)인 21.85 보다 낮았다." 그러나 앞에서 언급한 바와 같이, 정량 평가를 위한 RT-PCR은 신뢰할 수 없습니다. 바이러스 부하를 추정하기 위해 사이클 임계 값(Ct)을 사용할 수 없습니다[42][43][44][45].

이렇게 한 후에, 그들은 "공개된 SARS-CoV-2 DNA 염기 서열을 기반으로 설계된 합성 cDNA 및 프라이머를 사용"하여 게놈의 염기 서열을 밝혔습니다. 즉, 그들은 바이러스를 정제하고, 바이러스 입자 구조 특징을 화학적으로 규명하여 유전자 물질을 추출하고, 전체 게놈을 얻기 위해 전체적인 염기 서열을 밝히는 작업을 수행하지 않았습니다. 그들은 단순히 이전에 공개된 프라이머에 의존하였습니다.

저자들은 전자 현미경 검사 사진을 보여주면서 SARS-CoV-2에 감염된 베토 세포를 관찰했다고 말합니다. 그러나 앞에서 언급했듯이, 바이러스를 정제하지 않으면 전자현미경으로 관찰한 것이 무엇인지 확신할 수 없습니다. 그것은 병원성 바이러스일 수 있지만, 내인성(內因性) 바이러스일 수도 있습니다. 단순히 현미경으로 무언가를 보고, 그것이 찾고 있는 바로 그 바이러스라는 확신을 가지고 주장할 수는 없습니다. 이것은 사소한 문제가 아닙니다. 섹션 2의 "4 단계의 문제점"에서 언급한 에이즈 바이러스(HIV) 논문을 기억하십시오[27][28].

연구의 마지막 부분에서 저자는 다음과 같이 말합니다. "현재, 실시간 RT-PCR을 통한 유전자 검출에 의해 COVID-19을 진단한다." 그러나 이것은 미국 식품의약국(FDA)과 RT-PCR 테스트 키트 제조업체들이 말하는 것과 상반되는 것입니다. 공식 자료에 따르면, RT-PCR은 COVID-19 진단의 유일한 근거로 사용될 수 없습니다[5].

이것은 매우 실망스러운 연구였습니다. 저자들은 그들의 주장을 뒷받침할 만한 어떠한 근거도 없이 연구에서 의도적으로 "원인 물질"이라는 단어를 4번 사용합니다. 사실, 저자들이 언급하는 논문은 인과관계를 완전히 부인합니다.

이 연구는 가장 심각한 형태의 무능의 산물이거나 독자를 기만하려는 의도적인 욕구에 기초하고 있습니다. 우리는 이 연구가 정치적 안건에 의해 추진되었다고 생각할 수밖에 없습니다. 정부 기관이 이 연구를 준비하였으며, 접촉 추적, 무증상인 사람에 대한 강제 검사, 검사 거부에 대한 형사상의 벌금 그리고 강제 격리 위반에 대한 구속을 포함하여 집중팔구 급진적인 공공 정책 수립을 정당화하는데 이 연구를 사용하였습니다. 한국과 세계의 사람들은 한국의 질병관리본부(KCDC) 연구원들이 이 연구에 대한 책임을 질 것을 요구해야 합니다.



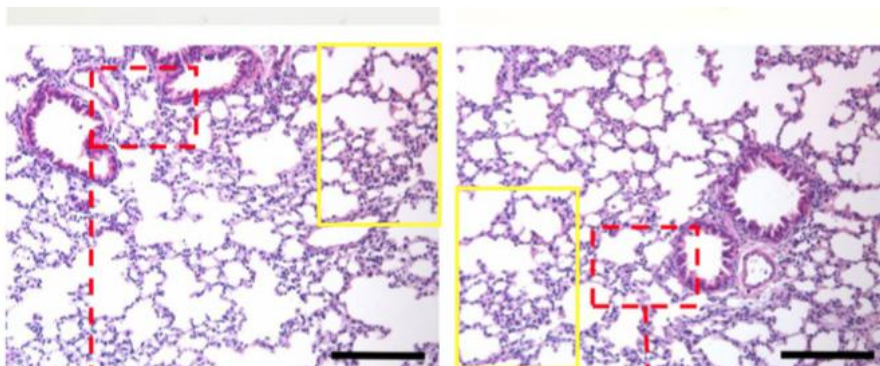
## 연구 4: hACE2 유전자 이식 생쥐에 있는 SARS-CoV-2 의 병원성(病原性)

The screenshot shows the top portion of a Nature article page. At the top left is the 'nature' logo. Below it, a navigation bar contains 'MENU', 'Search', 'Email', 'Submit', and 'Login'. A blue banner below the navigation bar reads 'We'd like to understand how you use our websites in order to improve them. Register your interest.' The main content area features the article title 'The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice' by Linlin Bao, Wei Deng, et al. It includes a 'Download PDF' button, a 'Sections' list (Abstract, Change history, Author information, Supplementary information, Rights and permissions, About this article, Further reading, Comments), and an 'Abstract' section. The abstract text reads: 'Severe acute respiratory syndrome CoV-2 (SARS-CoV-2) caused the corona virus disease 2019 (COVID-19) cases in China and has become a public health emergency of international concern<sup>1</sup>. Because angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) is the cell entry receptor of SARS-CoV<sup>2</sup>, we used transgenic mice bearing human ACE2 and infected with SARS-CoV-2 to study the pathogenicity of the virus. Weight loss and virus replication'.

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

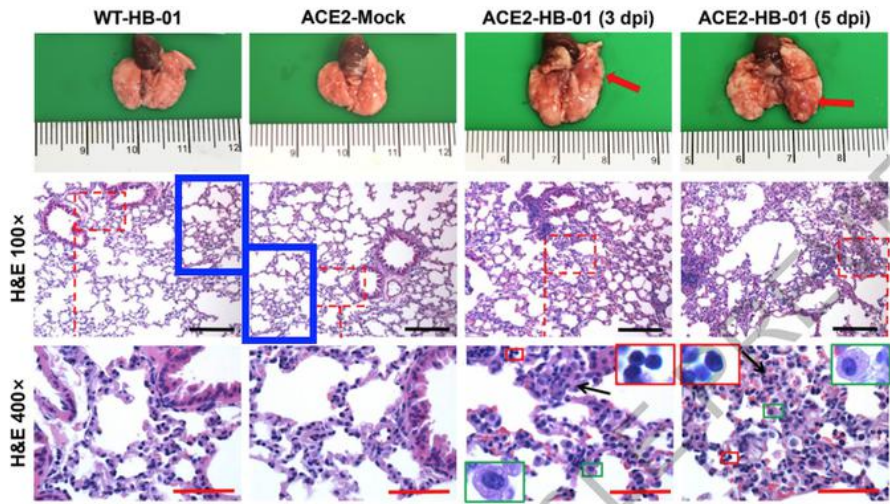
이 연구는 이전 연구들과 결합했을 때 코흐(Koch)의 가설을 완전히 충족한다고 주장하기 때문에 흥미롭습니다. 특히 저자들은 다음과 같이 진술합니다. “중합해 보면, 우리의 연구 결과는 이전 임상 연구와 함께 생쥐에 있는 SARS-CoV-2 병원성(病原性)을 입증하여 코흐의 가설을 완전히 충족하며, SARS-CoV-2 가 COVID-19 의 병원체임을 확인했다. “그러나 그들이 언급한 이전의 임상 연구는 이 섹션 연구 2 에서 검토한 Zhu N 등의 논문입니다. Zhu N 등은 그들의 작업이 코흐(Koch)의 가설을 충족하지 못했다고 분명하게 말합니다. 또한, 우리가 Zhu N 등의 논문을 검토했을 때, 최적 기준에 따라 바이러스를 정제하지 않은 것을 명백히 알 수 있었습니다. Zhu N 등이 실제로 최적 기준에 따라 바이러스를 정제하였다면, 현재 연구의 저자들은 순수한 바이러스를 사용하여 생쥐에게 접종할 수 있었을 것입니다. 그렇게 하는 대신 그들은 불순물 획득, 항생제 및 혈청 추가, 그리고 배로 세포에서 이것들을 배양하는 친숙하지만 잘못된 과정을 채택했습니다.

이 논문은 몇 가지 논쟁을 일으켰습니다. 특히, 이 연구의 저자들이 연구 사진을 조작했다는 몇 가지 증거가 있습니다. 이와 관련해 스탠포드 방사선 종양학(Stanford Radiation Oncology) 조교수인 길렘 프라투스(Guillem Pratx)는 사진에서 일부 겹치는 부분을 발견했습니다[53].



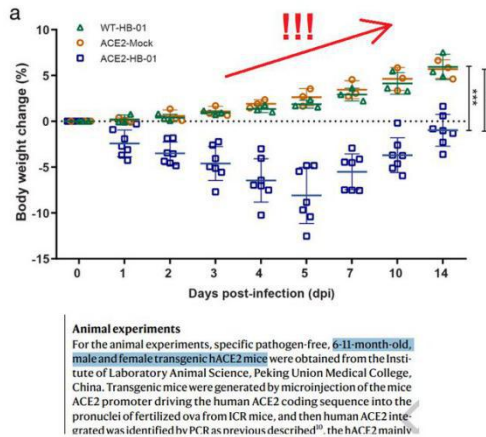


Elisabeth Bik 박사도 이렇게 겹치는 사진들을 발견하였습니다. 그녀는 트위터에 다음과 같이 비판하였습니다. “이것은 좋지 않다. 이것은 다른 치료 그룹을 나타내는 사진에서 중복될 가능성이 있는 SARS-CoV-2 병원성(病原性)에 관한 A @네이처(Nature) 논문의 내용이다. RuneLinding 은 나에게 그의 트위터 HT @RuneLinding 에서 논문을 볼 것을 요청했다” [54].

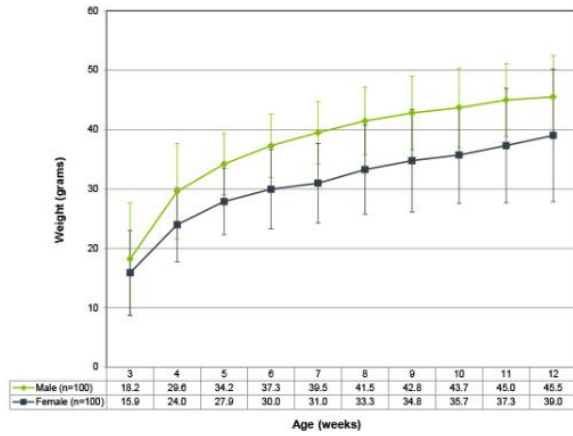


다른 연구에 관해 언급할 때, 그녀는 다음과 같이 말함으로써 좌절감을 나타냅니다. “나는 5년 전에 100편의 논문에 관해 보고했는데, 대부분은 조치를 하지 않았다. 저널들은 좋은 과학에 신경을 쓰지 않는 것 같다”[55]. 유감스럽게도, 우리는 동의합니다. 저널은 좋은 과학에 신경을 쓰지 않는 것 같으며 우리의 현재 연구도 예외는 아닙니다.

코펜하겐 대학교 연구원인, 오토 칼리오코스키(Otto Kallioikoski)도 트위터에서 다음과 같이 논평하였습니다. “모든 사람이 이 논문에 관해 이미 질문을 하고 있기 때문에, 나에게 가장 눈에 띄는 한 가지 사항을 추가하겠다. 그림 1A는 6-11개월 된 생쥐의 성장 곡선처럼 보이지 않는다”[56].



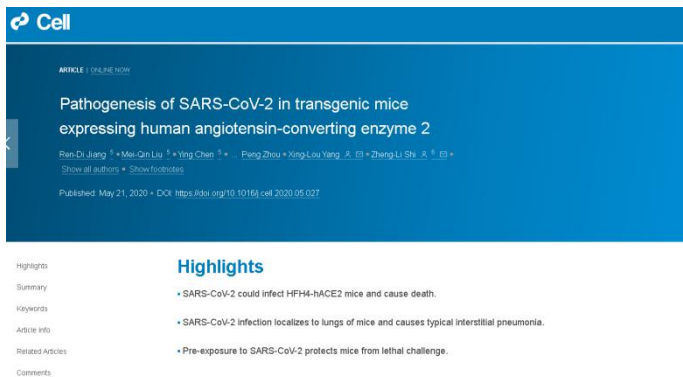
Kallioikoski 에 따르면, "암연구소(ICR) 생쥐의 체중은 생후 10 주경에 정체될 것이다. 생후 6 개월에서 11 개월의 생쥐가 (수컷과 암컷이 섞여 있음에도 불구하고) 그렇게 한결같이 14 일에 5%씩 체중이 증가하는 것은 뭔가 이상하다." 그는 다음과 같은 그림을 증거로 제공합니다:



이러한 논평에 응답하여, 시카고대학교 면역학 교수인, Anne Sperling 박사는 다음과 같이 말하였습니다. "논문을 훑어보았을 때 나 역시 그것을 알았다. 우리는 항상 실험실에 있는 생쥐의 체중을 측정한다. 그렇게 짧은 시간 내에 대조군 생쥐의 체중이 많이 증가하지 않는다"[58].

이 연구에 매우 문제가 많다는 것이 분명합니다.

## 연구 5: 인간 안지오텐신<sup>11</sup> 전환효소 2 를 발현하는 유전자 이식 생쥐의 SARS-CoV-2 발병[59]



[https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(20\)30622-X](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(20)30622-X)

이 연구의 내용은 연구 4의 내용과 매우 유사합니다. 이 연구는 코흐(Koch)의 가설을 충족했다고 주장하지 않습니다. 그러나 저자들은 다음과 같이 말합니다. "우리와 다른 그룹은 병인(病因)론적 물질이 SARS-CoV-2로 명명된 중증 급성 호흡기 증후군 관련 코로나바이러스(SARSr-CoV)라는 것을 신속하게 식별하였다." 그리고 그들은 세가지 연구를 언급합니다. 이 세 가지 연구에는 심지어 인과관계 문제도 다루지 않는 Gorbalenya AE 등의 연구와 우리가 이미 검토한 다른 두 연구, 즉 Zhou P 등 및 Zhu N 등의 연구가 포함되어 있습니다[47][48]. Zhou P 등 및 Zhu N 등의 연구는 코흐(Koch)의 가설 충족을 직접 부인했기 때문에 병인(病因)론적 물질 식별에 관한 저자들의 진술은 근거가 없습니다. 또한 Zhou P가 연구 기여자 중 한 사람이라는 사실 때문에 그들의 진술은 이상합니다.

연구 4에서 말한 것과 유사하게, 만일 저자가 언급한 세 가지 연구가 실제로 바이러스를 최적 기준에 따라 분리했다면, 저자들은 그야말로 순수한 바이러스를 사용하여 생쥐에게 접종할 수 있었습니다. 그렇게 하는 대신 그들은 불순물 획득, 항생제 및 혈청 추가, 그리고 배로 세포에서 이것들을 배양하는 친숙하지만 잘못된 과정을 채택했습니다.

저자들은 가설 (1)에서 (3)을 충족하지 못했기 때문에 가설 (4) to (6) 을 충족하려는 시도도 완전히 절망적입니다.

이 연구의 요약 섹션에서 저자는 다음과 같이 말합니다. "hACE2 생쥐는 잠재적인 백신 및 치료법을 테스트하는 데 유용한 도구가 될 것임을 우리의 연구 결과는 보여준다." "요약하면, 부분적으로 COVID-19 병리(病理)를 시뮬레이션한 인간 안지오텐신 전환효소(ACE)2 생쥐는 백신 및 기타 잠재적 치료법을 테스트하는데 유용한 플랫폼이 될 것이다." 이러한 진술은 이 연구 이전의 동기 중 하나인 백신 개발을 촉진하기 위한 것임을 드러낸 것이라고 우리는 생각합니다. 그러나, 이에 대해서 우리는 크게 걱정합니다.

<sup>11</sup> angiotensin(안지오텐신):안지오텐신은 폴리펩타이드의 일종으로 승압 작용을 가지는 생리 활성 물질

SARS-CoV-2 에 관한 잘못된 과학이 안면 마스크 사용, 사회적 거리 두기, 접촉 추적 등과 같은 공공 정책의 기초가 되었다는 것이 명백 해졌습니다. 그러나 저자들이 하고 있는 것은 잘못된 과학을 사용하여 백신에 관한 미래의 공공 정책의 기반이 될 수 있는 더 잘못된 과학을 만들어 이러한 잘못된 과학의 효과를 확대한다는 것입니다. 심각한 질문은 다음과 같습니다: 제대로 정제되지 않은 바이러스 백신을 어떻게 만들 수 있습니까? 이렇게 잘못된 접근방법을 채택하면, 결과는 필연적으로 폐렴구균(肺炎球菌), SARS-CoV 및 MERS-CoV 백신의 경우와 같이 효과가 없고 안전하지 않은 백신 개발로 이어질 것입니다.

## 연구 6: 한국에서 SARS-CoV-2 에 감염된 최초의 환자로부터 바이러스 분리 [62]

The screenshot shows the JKMS (Journal of Korean Medical Science) article page. The title is "Virus Isolation from the First Patient with SARS-CoV-2 in Korea". The authors listed are Wan Beom Park, Hakjung Keon, Sujun Cho, Chang Kyung Kang, Gyeong Gyun Choi, Jin Yang Kim, Byoung Eun Lee, Seon-Woo Seong, and Sun Jaehong Kim. The article is dated February 24, 2020. The page includes a navigation bar with "About", "View Full-text", "For Contributors", and "Search". There are also links for "Check for updates", "Formats" (Citation, Abstract, Article, PDF, PubReader, ePub, Figures + Tables, References), and "Cited by Metrics" (5 Web of Science). A figure showing electron micrographs of the virus is visible at the bottom of the article preview.

<https://jkms.org/DOIx.php?id=10.3346/jkms.2020.35.e84>

이 연구는 SARS-CoV-2 를 분리했다고 주장합니다. 그러나 지금까지 살펴본 다른 연구들과 마찬가지로, 그들은 최적기준에 따라 바이러스를 분리하지 않았습니다. 이 연구에서는 Zhou P 등의 연구를 최초의 바이러스 분리 사례로 언급합니다[47]. 우리는 이 섹션의 연구 1 에서 Zhou P 등의 논문을 검토하였습니다. Zhou P 등은 그들의 작업이 코흐(Koch)의 가설을 충족하지 못했다고 분명히 말하였습니다.

바이러스를 분리하기 위해, 이 연구 저자들은 불순한 구강 인두(口腔咽頭) 샘플을 획득하였고, 베타 세포에서 이것을 배양하였고, 세포 변성(變性) 효과를 보기 위해 기다렸습니다. 그들은 세포 변성(變性) 효과를 관찰한 후, 전자 현미경으로 검체를 검사했습니다. 그들이 여과했다는 언급은 하지 않습니다.

그들은 전자 현미경을 사용한 후, 게놈의 염기서열 분석을 하였습니다. 그들이 순수한 바이러스의 염기서열 분석을 하지 않았다는 것을 기억하는 것이 중요합니다. 이전 단계에서는, 최적 기준에 따라 바이러스를 분리하지 않았습니다. 그들은 그야말로 출처를 알 수 없는 유전자 물질의 염기 서열을 밝힌 것입니다. 앞에서 언급했듯이, 그것은 바이러스일 수도 있고, 여러가지 다른 것들 일 수도 있습니다.

또한 다른 독립적인 연구에서 이전에 염기 서열이 밝혀진 게놈과 기본적으로 동일한 게놈을 생성하는 것은 위대한 업적이 아니라는 점을 주목하는 것이 중요합니다. 그렇게 말하는 이유는, 그들이 RT-PCR 검사를 통해 이미 SARS-CoV-2 양성 반응을 보인 RNA 로 연구를 시작했기 때문입니다. RT-PCR 테스트에 사용된 프라이머와 프로브는 다른 독립적 연구의 연구원이 이전에 얻은 게놈을 기반으로 생성되었습니다. 저자들은 단순히 이것을 배양하여 동일한 RNA 를 더 많이 생산했습니다.

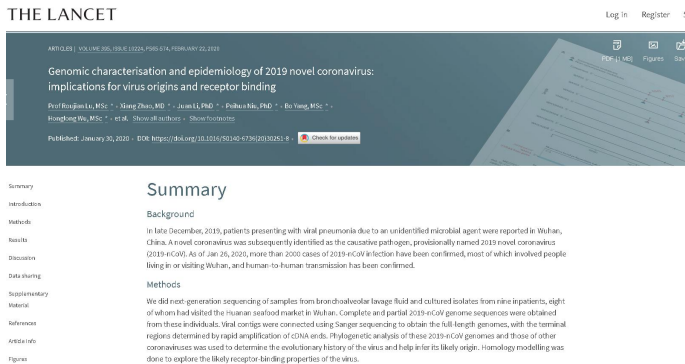
저자들은 그들이 염기 서열을 밝힌 계놈의 일부분이 한국 질병관리본부(KCDC)의 계놈과 다르다고 언급했습니다(한국 질병관리본부(KCDC) 연구에 관해 더 자세히 알기 원하시면, 이 섹션 연구 3 참조). 섹션 2에서 유전자 물질 자체가 변경될 수 있다는 것에 관해 말한 것을 기억하십니까? 이 연구의 저자들은 계놈의 차이에 대한 이유를 설명하려고 할 때 기본적으로 동일한 것을 인정합니다. 그들이 제시하는 잠재적 이유 중 하나는 “최초의 단순 대 이음<sup>12</sup> 이후에 배양 분리가 이루어진 세포 배양 적응에 의해 이러한 돌연변이가 생길 수 있다”는 것입니다. 이러한 전체 과정에서 작용(作用)하는 많은 요인이 있습니다. 우리가 반복해서 말한 바처럼, 단순히 불순물을 취하여, 베로세포<sup>13</sup>에서 그것을 배양하고, 세포 변성(變性) 효과를 보는 것은 아무것도 입증할 수 없습니다. 작용하는 다른 요인들이 너무나도 많습니다. 최적기준에 따라 바이러스를 정제하지 않는 한 아무것도 입증할 수 없습니다. 지금까지 우리가 살펴본 논문 중 어느 것도 이러한 바이러스 정제 작업을 하지 않았으며, 이 논문도 예외가 아닙니다.

---

<sup>12</sup> blind passage(단순 대 이음): 감염의 증거를 보이지 않는 접종된 동물 또는 세포 배양에서 신선한 동물 또는 세포 배양으로 일부 물질의 이동

<sup>13</sup> Vero cells(베로세포): 베로 세포는 세포 배양에 사용되는 세포의 계통이다. 'Vero'계통은 아프리카 녹색 원숭이에서 추출한 신장 상피 세포에서 분리되었음.

## 연구 7: 2019 년 신종 코로나바이러스의 게놈 특성 분석 및 역학: 바이러스 기원과 수용체 결합에 미치는 영향 [63]



[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30251-8/fulltext#back-bib37](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30251-8/fulltext#back-bib37)

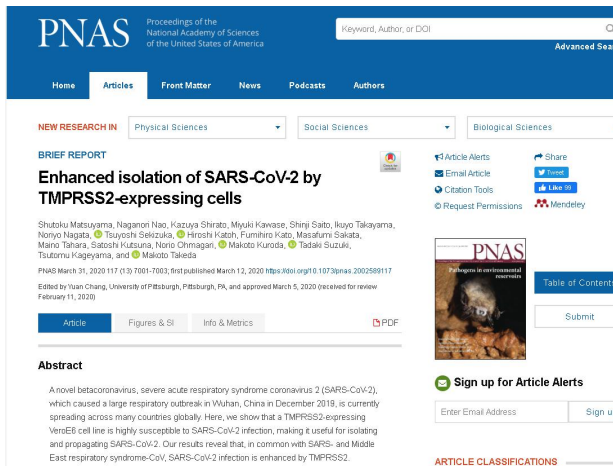
이 연구의 저자들은 실제로 논의에 많은 기여를 하지는 않지만, 연구 8 과 9 에서 이 논문을 참조하기 때문에 간단하게 검토하는 것이 적절하다고 생각했습니다.

바이러스를 분리하고자 한 것과 관련하여 저자들은 다음과 같이 말합니다. "바이러스 분리를 위해 특별한 병원체가 없는 인간 기도 상피 세포(HAE)를 사용하였다. 간단히 말해서, 환자의 기관지폐포 세척액 또는 인후 면봉을 허끝의 표면을 통해 인간 기도 상피 세포에 접종하였다. 37°C 에서 배양된 공기 - 액체 접점에서 인간 기도 상피 세포(HAE)를 유지관리 하였다. 광 현미경으로 세포 변성(變性) 효과에 대해 세포를 매일 관찰하였으며 RT-PCR 정량 값 분석을 위해 세포 상청액(上清液)을 수집하였다." 저자가 실제로 세포 변성(變性) 효과를 관찰했다고 말하지 않았으며, 전자 현미경 영상을 제시하지도 않습니다. 또한 여과하지도 않은 것 같습니다. 이전에 여러 번 언급한 바와 같이, 단순히 불순물을 사용하여 세포를 접종하는 이러한 잘못된 과정은 최적 기준에 따른 분리에 해당하지 않습니다.

저자들은 SARS-CoV-2 의 게놈의 특성 분석을 논하는 데 많은 시간을 사용합니다. 그 이유는 이것이 그들 논문의 주요 주제이기 때문입니다. 그러나 저자들이 바이러스를 정제하지 않았기 때문에, 우리는 논문의 이 부분을 검토하지 않을 것입니다. 우리는 섹션 2와 이 섹션의 연구 1,3 및 6에서 게놈의 염기 서열이라는 주제를 다루었습니다. 관심이 있다면 이 자료를 참조하십시오.

논문의 토론 섹션에서 저자들은 이상하게도 다음과 같이 말합니다. "마지막으로 우리는 중증 폐렴을 유발할 수 있는 7 번째 인간 코로나바이러스의 게놈 구조를 설명하였습니다." 저자들은 인과관계를 전혀 입증하지 못했기 때문에, 그들이 이렇게 말하는 것은 이상합니다. 저자들은 Zhou P 등[47] 그리고 Zhu N 등[48]의 논문을 언급하지만, 두 논문 모두 인과관계 입증을 부인합니다. SARS-CoV-2 가 원인 물질임을 증명하기 위해서는 먼저 최적 기준에 따라서 SARS-CoV-2 를 분리해야 합니다. 그 후에 정제된 바이러스가 유사한 질병을 일으킬 수 있음을 보여주기 위해 동물 실험을 해야 합니다. 저자들은 이러한 단계들 중 어느 것도 수행하지 않았으며, 이러한 단계를 수행한 논문을 언급하지도 않았습니다.

## 연구 8: TMPRSS2 발현 세포에 의한 SARS-CoV-2의 개선된 분리[64]



<https://www.pnas.org/content/117/13/7001.long>

이 논문은 기본적으로 다른 모든 연구들과 동일한 분리 접근법을 취합니다. 하지만 이 논문은 우리에게 얼마의 흥미로운 정보를 제공하므로 이 논문을 간단히 검토해 보겠습니다.

이 연구는 이전에 SARS-CoV-2를 분리하였다는 주장으로 시작합니다. 이 연구는 이 섹션의 연구 1, 2 및 7에서 이미 검토한 Zhou P 등[47], Zhu N 등[48] 그리고 Lu R 등 [63]의 논문을 언급합니다. 이 논문 중 어떤 논문도 최적기준에 따라 SARS-CoV-2를 분리하지 않았습니다.

또한 현재 연구의 저자들은 바이러스를 적절히 정제하지 않고, 동일한 결함이 있는 분리 과정을 따릅니다. 그러나 VeroE6 세포를 사용하는 대신, VeroE6/TMPRSS2 세포를 사용하여 TMPRSS2 효소를 사용하는 세포계<sup>14</sup>(系)가 SARS-CoV-2에 더 감염되기 쉬움을 보여줍니다.

이것을 보여주기 위해, 그들은 코 면봉 검체와 객담 검체를 VeroE6/TMPRSS2 세포에 주입하고 세포 변성 효과(CPE)를 위해 세포 배양을 관찰하였습니다. VeroE6/TMPRSS2 세포계(系)가 SARS-CoV-2에 더 감염되기 쉽다는 그들의 증거는 단순히 VeroE6/TMPRSS2 세포계(系)에 대한 RT-PCR 사이클 수치(Ct)가 다른 검체보다 더 낮다는 것입니다. 그러나 앞에서 언급한 바와 같이, 사이클 수치(Ct)는 바이러스 부하를 추정하기 위한 신뢰할 수 있는 방법이 아닙니다[42][43][44][45].

이 연구의 저자들은 흥미로운 것을 보여줍니다. 차세대 염기서열분석(NGS)을 수행할 때, 그들은 다음과 같이 말하였습니다. "예기치 않게 차세대 염기서열분석(NGS) 데이터는 VeroE6/TMPRSS2 세포에서 오염된

<sup>14</sup> cell lines(세포계):초대 배양 세포에서 대를 이어 얻어진 세포(군)의 계통



마이코플라즈마 염기 서열(*Mycoplasma hyorhinis* and *Mycoplasma arginini*)을 보여주었다. SARS-CoV 에 지속적으로 감염된 VeroE6 세포의 세포 변성 효과(CPE)는 마이코플라즈마 퍼멘탄스<sup>15</sup> 감염에 의해 강화되었다. 이 세포계(系)의 SARS-CoV-2 관련 세포 변성 효과(CPE)에 대하여도 비슷하게 강화되는지 여부는 확실하지 않다.” 마이코플라즈마 퍼멘탄스 박테리아가 갑자기 어떻게 이 실험 현장에 나타났습니까? 이것은 이러한 전체 과정에서 작용하는 많은 요인에 관하여 섹션 2에서 말한 것에 관한 추가적인 증거를 제시합니다. 우리가 반복해서 말한 바처럼, 단순히 불순물을 취하여, 세포에서 그것을 배양하고, 세포 변성(變性) 효과를 보는 것은 아무것도 입증할 수 없습니다. 이러한 잘못된 절차를 사용하여, SARS-CoV-2 를 비롯한 바이러스 존재 또는 바이러스의 병원성(病原性)을 증명하는 것은 불가능합니다.

---

<sup>15</sup> *Mycoplasma fermentans*(마이코플라즈마 퍼멘탄스): 비뇨생식기에서 볼 수 있는 종(種), Mollicutes 계열의 매우 작은 박테리아.

## 연구 9: 최초의 미국 COVID-19 환자로부터 SARS-CoV-2 의 분리 및 특성 분석[65]

The screenshot shows the bioRxiv preprint interface. At the top, there are navigation links: HOME | ABOUT | SUBMIT | NEWS & NOTES | ALERTS / RSS | CHANNELS. A search bar is present with the text 'Advanced Search'. A yellow banner at the top of the content area reads: 'bioRxiv is receiving many new papers on coronavirus SARS-CoV-2. A reminder these are preliminary reports that have not been peer reviewed. They should not be regarded as conclusive, guide clinical practice or health-related behavior, or be reported in news media as established information.' The main article title is 'Isolation and characterization of SARS-CoV-2 from the first US COVID-19 patient'. Below the title, the authors are listed: Jennifer Hancock, Azabi Tamim, Xiaoyan Lu, Shifang Kamili, Senthil Kumar Sakthivel, Janna Murray, Krista Queen, Ying Tao, Clinton R. Paden, Jing Zhang, Jian Lu, Anna Lihana, Habin Wang, Cynthia Goldsmith, Hannah A. Ballock, Lisan Wang, Brent Whitaker, Brian Lynch, Toshi Gautam, Craig Schindewolf, Kuman G. Lokugamage, Dionna Scharston, Jessica A. Plante, Divya Mirchandani, Steven G. Wilden, Krishna Narayanan, Shing Hahn, Thomas G. Kaszlik, Kenneth S. Plante, Scott C. Wearer, Stephen Lindstrom, Sunang Tong, Vincent D. Herschberg, Natalie J. Thornburg. The DOI is https://doi.org/10.1101/2020.03.02.972935. The article is dated March 07, 2020. There are options to download the PDF, cite, and view the revision summary. The subject area is Microbiology. The abstract text is partially visible: 'The etiologic agent of the outbreak of pneumonia in Wuhan China was identified as severe acute respiratory syndrome associated coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in January, 2020. The first US patient was diagnosed by the State of Washington and the US Centers for Disease Control and Prevention on January 20, 2020. We isolated virus from nasopharyngeal and oropharyngeal specimens, and characterized the viral sequence, replication properties, and cell culture tropism. We found that the virus replicates to high titer in Vero-CCL81 cells and Vero E6 cells in the absence of trypsin. We also deposited the virus into two virus repositories, making it broadly available to the public health and research communities. We hope that open access to this important reagent will expedite development of medical countermeasures.'

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.02.972935v2>

이 논문은 아직 동료 평가 인증을 받지 않았습니다. 또한 이 연구 저자들 중 일부는 미국 질병통제예방센터(CDC)의 연구원들입니다.

저자들은 중국 우한 폐렴의 병원(病因) 물질이 SARS-CoV-2 로 확인되었다고 말하면서 초록(抄錄)을 시작합니다. 그들의 참고 문헌을 보면, 그들은 Zhu N 등[48] 및 Lu R 등[64]을 언급합니다. 우리는 이 섹션의 연구 2 와 7 에서 각각 이 논문들을 검토하였습니다. 이 논문 중 어떤 논문도 최적 기준에 따라 바이러스를 분리하지 않았습니다. 더욱이, Zhu N 등은 그들의 작업이 코흐(Koch)의 가설을 충족하지 못했다고 분명하게 말합니다. Lu R 등은 SARS-CoV-2 가 "중증 폐렴을 유발할 수 있다 "고 말했으나, 그들의 주장을 입증할 증거를 전혀 제시하지 않았습니다. "원인 물질 "이라는 증거를 제시하지 못하고 실제로는 "원인 물질 "이라는 주장을 부인하는 논문을 참조하지만, 상당히 의도적으로 "원인 물질 "이라는 단어를 4 번이나 사용한 연구 3 의 저자들과 달리, 미국 질병 통제 예방센터(CDC) 저자들은 초록(抄錄)에서 "병원(病因) 물질"이라는 단어를 1 번만 사용하기 때문에 그러한 주장을 하는 것은 실수일 수 있습니다.

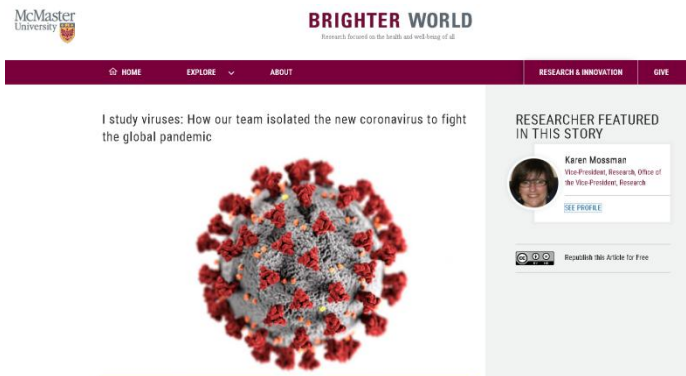
SARS-CoV-2 를 분리하기 위하여, 저자들은 이전 연구와 동일한 잘못된 절차를 따랐습니다. 그들은 단순히 비인두(鼻咽頭)(NP)와 구강 인두(口腔咽頭)(OP) 면봉 검체만 사용하고, 항생제와 혈청을 추가하였고, 이 검체를 사용하여 Vero E6, Vero CCL-81, HUH 7.0, 293T, A549 및 EFKB3 세포를 접종하고, 세포 변성(變性) 효과가 있는지 알기 위하여 기다렸습니다. 저자들은 "베로(Vero) 세포를 제외한 모든 세포계(系)에서 세포 변성(變性) 효과가 관찰되지 않았다."라고 언급하지만, EFKB3 를 제외한 모든 세포의 복제가 있었다고 추가로 언급하였습니다. 다시 말해 SARS-CoV-2 의 생존 환경은 상당히 까다로운 것 같습니다. SARS-CoV-2 는 어떤 환경에서는 문제를 일으키지만, 다른 환경에서는 평화롭게 살 수 있습니다.

이 논문에서 여과를 언급하지 않습니다. 또한, 단순히 전자 현미경으로 세포 변성(變性) 효과나 입자를 보는 것은 아무것도 증명하지 못함을 기억하십시오. 저자들이 채택한 절차가 왜 그렇게 문제가 많은지에 대하여 더 자세히 알기를 원하시면 섹션 2 및 섹션 3 과 4 의 이전 연구를 검토하십시오.

저자들이 게놈 염기서열 분석을 했지만, 바이러스를 정제하지 않았기 때문에, 우리는 논문의 이 부분을 검토하지 않을 것입니다. 우리는 섹션 2와 이 섹션의 연구 1,3 및 6에서 게놈의 염기 서열이라는 주제를 다루었습니다. 관심이 있다면 이 자료를 참조하십시오.

이 연구는 다소 실망스러웠습니다. 우리는 미국 질병 통제 예방센터(CDC)가 후원하는 연구가 최소한 SARS-CoV-2 가 COVID-19 질병의 원인 물질임을 증명하려고 시도할 것으로 예상했습니다. 오히려, 이 연구는 단순히 이 주제에 대한 다른 모든 논문의 발자취를 따릅니다. 바이러스는 정제되지 않았고 동물 실험도 하지 않았습니. 그러나 이 논문은 아직 동료 평가 인증을 받지 못했으며 분명히 공공 정책에 사용되지 않았기 때문에, 이 섹션의 연구 3에서 우리가 비난한 것과 동일하게 이 논문을 비난할 수는 없습니다.

## 연구 10: 바이러스 연구: 전 세계 유행병과 싸우기 위해 우리 팀이 신종 코로나 바이러스를 분리한 방법 [66]



<https://brighterworld.mcmaster.ca/articles/i-study-viruses-how-our-team-isolated-the-new-coronavirus-to-fight-the-global-pandemic/>

이것은 게재된 논문이 아닙니다. 이것은 캐나다 맥마스터 대학교(McMaster University)가 운영하는 웹사이트에 게시된 기사입니다. 저자는 맥마스터 대학(McMaster University)의 병리학 및 분자 의학 교수이자 연구 담당 부원장 대리입니다.

이 기사의 저자는 다음과 같은 말로 시작합니다. “2019 년 12 월에 중국 우한의 시장에서의 신종 코로나 바이러스 출현으로 전 세계 160 개국에서 우리가 목격하고 있는 유행병이 시작되었다.” 이것은 상당한 주장입니다! 앞에서 우리는 “원인 물질 ”이라는 단어의 부당한 사용에 대해 불평했지만, “세계적 유행병이 시작되었다 ”는 것은 SARS-CoV-2 가 아직 정체되지 않았다는 사실에 비추어 볼 때 단순히 터무니없는 주장을 하는 것입니다. 실제로 “세계적 유행병을 촉발한 것은” 광범위한 RT-PCR 테스트를 채택함으로써 인해 무증상인 사람들에 대해 검증되지 않은 테스트 사용을 통해 엄청난 수의 잘못된 양성 반응을 생성한 급진적 공공정책이었습니다 [5]. 이 논문의 서문 섹션에서 언급했듯이, 설사 SARS-CoV-2 가 존재한다고 하더라도, SARS-CoV-2 가 일반적인 감기 또는 계절성 독감과 다른 증상을 보이지 않으며[1], 감염된 사람의 거의 80%는 전혀 증상을 보이지 않고[2], 기본적으로 누적 입원율은 계절성 독감과 같습니다[3]. “세계적 유행병의 공황”은 SARS-CoV-2 에 의해 시작된 것이 아니었습니다. 그것이 정말로 분명해졌습니다.

바이러스를 분리하려는 것과 관련하여, 이 기사는 자세히 다루지 않지만, 우리가 검토한 이전 연구와 동일한 잘못된 절차를 사용했음을 분명히 밝힙니다. 그러나 저자는 얼마의 흥미로운 정보를 공개합니다.

그녀는 다음과 같이 말합니다. "바이러스가 어떤 특정 환경에 적응하는지 분명하지 않기 때문에 실험에서 바이러스를 성공적으로 배양하는 것은 어려울 수 있다. 우리는 바이러스를 끌어내기 위해 트릭을 사용할 수 있다. 때로는 트릭이 효과가 있고 때로는 트릭이 효과가 없다. 이 경우에 우리는 바이러스가 제멋대로 증식할 수 있는 면역 결핍 세포에서 바이러스를 배양했다. 이것은 효과가 있었다."

바이러스학자들이 작업을 하는 방식에 관해 일반적인 비평을 언급했을 때 섹션 2에서 말한 내용을 기억하십니까? 그들은 그들의 원하는 목표를 달성하기 위해 이상적인 실험실 조건을 준비하는 데 문자 그대로 며칠 몇 주를 소비할 수 있습니다. 심지어 면역결핍 세포를 사용해도 괜찮습니다. 바이러스학자의 실험실에서는 무엇이든 가능합니다! 단순히 바이러스가 있다고 가정하고, 배양된 세포에서 세포 변성(變性) 효과를 얻기 위해 필요한 모든 것을 하고, 그날의 영웅으로 승리를 선언합니다!

또한 그녀는 다음과 같이 말합니다. "환자의 검체에는 다른 바이러스도 포함되어 있을 가능성이 있기 때문에, 배양에서 성장하는 바이러스가 실제로 표적 코로나바이러스인지 확인하는 것이 중요하다. 연구원들은 배양 바이러스로부터 유전자 물질을 추출하고 이 유전자 물질 게놈의 염기 서열을 분석하여 감염 출처를 확인한다."

다시 말하지만, 섹션 2에서 인체에 있는 셀 수 없이 많은 수의 바이러스를 언급한 것을 기억하십니까? 세포 배양에 투입되는 검체에도 이러한 수많은 바이러스가 살고 있습니다. 이러한 세포 배양이 세포 변성 효과(CPE)를 경험할 때도 이러한 수많은 바이러스가 존재합니다. 연구원들이 유전자 염기서열 분석을 통해 감염 출처(즉, CPE)를 확인하지만, 연구원들이 목표를 달성하기 위해 속임수를 쓴다는 사실을 언급하지 않는다고 이 기사의 저자는 말합니다. 검체는 세포 배양에 투입되기 전에 RT-PCR 테스트를 통하여 이미 SARS-CoV-2 양성 반응을 보였습니다. 그러므로 검체가 세포 배양 후에 SARS-CoV-2 양성 반응을 보이는 것은 놀라운 일이 아닙니다. RT-PCR은 매우 민감한 테스트로, 검체에서 가장 작은 양의 RNA를 검출할 수 있습니다. 즉, 단순히 RT-PCR을 사용하여 세포 배양물을 테스트하는 것은 세포 변성 효과(CPE) 출처를 확인하기 위해 수용할 수 있는 방법이 아닙니다. CPE를 유발하는 이유는 다른 바이러스일 수도 있습니다. 약 6,000개의 바이러스만 자세하게 설명되었지만, 수백만의 바이러스가 몸에 존재한다는 사실을 기억하십시오[20] [21]. SARS-CoV-2 때문이 아니라, 이렇게 RT-PCR 검사가 없는 알려지지 않은 바이러스 중 하나로 인해 관찰되는 세포 변성 효과(CPE)가 생겼을 수 있다고 상상하는 것은 어렵지 않습니다.

이 기사의 저자는 최적 기준에 따라 SARS-CoV-2를 분리하지 않았습니다. 따라서 SARS-CoV-2가 "세계적인 유행병을 촉발한 것"이라는 그녀의 주장은 근거가 없습니다. 그러나 이 기사는 섹션 2에서 논의했던 문제들을 추가로 증명하는 몇 가지 흥미로운 정보를 제공했습니다.

# 결론

이 논문에서 우리는 SARS-CoV-2와 관련된 과학이 매우 잘못되었음을 보여주었습니다. 사실상 병원성 바이러스로서의 SARS-CoV-2의 존재 자체를 의심할 정도로 관련된 과학이 잘못되어 있습니다. 우리는 우리의 주장을 입증할 충분한 증거를 제공했다고 믿습니다.

특히, 우리는 다음과 같은 일을 했습니다:

1. 전염병의 원인을 결정하기 위한 "최적 기준" 확인.
2. "최적 기준"에 따라 바이러스를 분리(즉, 정제)하는 방법을 확인하고 이 방법의 몇 가지 결점을 설명.
3. 다른 코로나바이러스 기준을 충족한다는 주장을 검토.
4. SARS-CoV-2 기준을 충족한다는 주장을 검토.

SARS-CoV-2에 관한 10개의 논문을 살펴보고, 이 논문 중 어떤 논문도 최적기준에 따라 SARS-CoV-2를 분리하지 않았으며, 이 논문 중 어떤 논문도 SARS-CoV-2가 질병의 원인 물질이라는 것을 입증하지 못했음을 보여주었습니다. 사실, 다른 논문[50][52][59][62][63][64][65]이 가장 많이 인용한 두 논문 [47][48]은 모두 코흐(Koch)의 가설 충족을 직접적으로 부인했습니다.

섹션 4의 10번 연구에서 언급했듯이, SARS-CoV-2가 현재 전 세계의 모든 혼란에 대한 책임이 있는 것으로 말하지만, 혼란의 진정한 범인은 부실한 공공정책입니다. COVID-19가 일반적인 감기 또는 계절성 독감과 다른 증상을 보이지 않으며[1], 감염된 사람의 거의 80%는 전혀 증상을 보이지 않고[2], 기본적으로 누적 입원율은 계절성 독감과 같습니다[3]. 소위 COVID-19의 증상은 일반적인 감기 또는 계절성 독감 증상과 동일하기 때문에, 단순한 임상 진단으로는 검출할 수 없습니다. SARS-CoV-2를 검출하는 주된 이유는 광범위하게 RT-PCR을 사용하여, 무증상인 사람들에 대하여 검증되지 않은 테스트 사용을 통해 엄청난게 많은 잘못된 양성 반응을 생성하기 때문입니다[5]. 스탠포드 의과대학교(Stanford University School of Medicine) 의과 교수인 John Ioannidis 박사에 따르면, "우리가 신종 바이러스를 알지 못했고 PCR 검사로 개인을 확인하지 않았다면, 올해에 '인플루엔자와 같은 질병'으로 인한 전체 사망자 수는 이례적인 것처럼 보이지 않을 것이다. 기껏해야 우리는 이번 계절에는 독감이 평균보다 약간 더 나빠 보인다고 무심코 지적했을 것이다"[4].

경제를 망치고 전 세계 사람을 공포에 떨게 만든 급진적인 공공 정책을 시행한 정책 입안자들은 책임을 져야 합니다.

다음과 같은 일이 일어나야 합니다:

전 세계 사람들은 텔레비전을 꺼야 합니다. 그들은 정신과 상식을 사용하기 시작할 필요가 있습니다. 그들은 자신의 오감을 사용하고 주변을 둘러보며 거리에 죽은 시체가 없다는 것을 볼 필요가 있습니다. 그들은 COVID-19으로 인한 사망자의 95% 이상이 실제로는 기존의 의학적 상태와 고령 때문에 사망한 것이라는 점을 인식해야 합니다[67]. 그들은 엄청난 의료 사기행위가 자행되었음을 깨달아야 합니다. 그들은 그들의 자유가 아무런 이유없이 박탈되었다는 것을 깨달아야 합니다. 그들은 자신들의 지도자, 뉴스

미디어, 그리고 의료 종사자들이 거짓말을 했다는 것을 깨달아야 합니다. 그들은 관련된 사람들에게 책임을 묻고 COVID-19 이름으로 잃어버린 모든 자유를 되찾기 위해서는 즉시 깨어나서 합법적인 조치를 해야 합니다.

# 감사의 말씀

우리는 theinfectiousmyth.com 의 David Crowe 에게 감사의 말씀을 드립니다[68]. 그의 글과 도움 없었다면, 이 논문은 가능하지 않았을 것입니다. 또한 Piece of Mindful 블로그 기고자들, 특히 Mark Tokarski, Fauxlex 및 Stephers 에게 감사의 말씀을 드립니다[69][70][71]. 이 논문에서는 그들의 내용, 의견 및 통찰력의 일부를 사용하였습니다.



# 참고 문헌

1. 질병 통제 및 예방센터 코로나바이러스 증상

[https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/symptoms-testing/symptoms.html?CDC\\_AA\\_refVal=https%3A%2F%2Fwww.cdc.gov%2Fcoronavirus%2F2019-ncov%2Fabout%2Fsymptoms.html](https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/symptoms-testing/symptoms.html?CDC_AA_refVal=https%3A%2F%2Fwww.cdc.gov%2Fcoronavirus%2F2019-ncov%2Fabout%2Fsymptoms.html)

2. Day, Michael. Covid-19: 중국 수치에 의하면, 감염 사례의 5분의 4는 무증상입니다. BJM. 2020 4월 02일.

<https://www.bmj.com/content/369/bmj.m1375>

3. 질병 통제 및 예방센터. 코로나바이러스 질병 2019(COVID-19). 2020 5월 22일.

<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/covid-data/covidview/index.html>

4. Ioannidis, John. 진행중인 낭패? 코로나바이러스 전염병이 세계적으로 만연함에 따라, 신뢰할 수 있는 데이터 없이 의사 결정을 내리고 있습니다. STAT<sup>16</sup>. 2020 3월 17일.

<https://www.statnews.com/2020/03/17/a-fiasco-in-the-making-as-the-coronavirus-pandemic-takes-hold-we-are-making-decisions-without-reliable-data/>

5. COVID-19 테스트 키트를 신뢰할 수 없는 10 가지 증거. Kolona Research. 2020년 5월

[https://kolona-research.org/10\\_proofs\\_that\\_COVID\\_19\\_test\\_kits\\_are\\_unreliable.pdf](https://kolona-research.org/10_proofs_that_COVID_19_test_kits_are_unreliable.pdf)

6. Zhu N 외 2019년 중국 폐렴 환자의 신종 코로나바이러스. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2020 1월 14일. <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001017>

7. Mahy BWJ. 바이러스학 사전, 제 4 판. Academic Press. 2009년.

8. Carter KC. Jacob Henle 및 Edwin Klebs 의 작업과 관련된 코흐(Koch)의 가설. Medical History, 1985, 29: 353- 374

9. Carter KC. 코흐-파스퇴르는 탄저병 원인 규명에 대해 논쟁함. 의학의 역사 게시판(Bulletin of the History of Medicine) Vol. 62, No. 1 (SPRING 1988), pp. 42-57. <https://www.jstor.org/stable/44449292?seq=1>

10. 홍역 바이러스를 검사함. 스테판 랑카(Stefan Lanka) 박사 법정에서 승리.

<https://learningnm.com/SBS/documents/virus-trial.html>

11. 법정 소송 의사록. 7 페이지, 단락 1 2015년 3월 12일.

[https://learningnm.com/SBS/documents/Lanka\\_Case\\_Protokoll\\_13\\_4\\_2015.pdf](https://learningnm.com/SBS/documents/Lanka_Case_Protokoll_13_4_2015.pdf)

---

<sup>16</sup> STAT.: 2015년 11월 4일 보스턴 글로브의 소유자 인 John W. Henry 가 시작한 미국 건강 중심 뉴스 웹 사이트

12. Rivers TM. 바이러스와 코흐(Koch)의 가설. J Bacteriol. 1937 년 1 월; 33(1): 1- 12.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC545348/>
  
13. Mahy BWJ. 바이러스학 사전, 제 3 판. 아카데미 프레스 (Academic Press) 출판사 2001 년.
  
14. 편집. 코흐의 예를 따름. Nature Reviews Microbiology. 3(2005):906
  
15. Fredricks DN 과 Relman DA 미생물 병원체의 염기서열 기반 식별: 코흐(Koch)의 가설 재고려. 임상 생물학 검토(Clinical Biology Reviews). 1996 년 1 월 18 페이지~33 페이지. <https://cmr.asm.org/content/9/1/18.long>
  
16. Crowe D. 분리 대 정제 David Crowe 저서, 전염되는 근거 없는 믿음 (The Infectious Myth). 2020 년 5 월 21 일. <http://theinfectiousmyth.com/coronavirus/IsolationVersusPurification.php>
  
17. McClintock B. 이의를 제기해야 할 게놈 반응의 중요성. 노벨상 수상 연설. 1983 년 12 월 8 일.
  
18. Engelbrecht T. 바이러스 마니아(Virus Mania). Trafford Publishing 회사. 2007 년 45 - 46 페이지
  
19. 수치에 의한 미생물학. Nat Rev Microbiol 9, 628 (2011). <https://doi.org/10.1038/nrmicro2644>
  
20. 감염된 환자의 바이러스가 어리석게 함. Science Times 지. 2014 년 11 월 13 일.  
<https://www.sciencetimes.com/articles/1284/20141113/particular-virus-causes-stupidity.htm>
  
21. 바이러스 분류: 2019 년 발표".talk.ictvonline.org. 국제 바이러스 분류 위원회. 2020 년 4 월 25 일 검색.  
(via [https://en.wikipedia.org/wiki/Virus#cite\\_note-ictv2019-4](https://en.wikipedia.org/wiki/Virus#cite_note-ictv2019-4))
  
22. Bar-on YM 외 숫자에 의한 SARS-CoV-2(COVID-19) 2020 년 3 월 29 일.  
[http://book.bionumbers.org/wp-content/uploads/2020/03/SARS-CoV-2\\_BTN\\_0329b.pdf](http://book.bionumbers.org/wp-content/uploads/2020/03/SARS-CoV-2_BTN_0329b.pdf)
  
23. 분획 원심 분리와 밀도 변화 원심분리 간의 차이. PEDIAA 2018 년 1 월 10 일.  
<https://pediaa.com/difference-between-differential-and-density-gradient-centrifugation/>
  
24. Price CA. 9 - 일부 특정 입자의 분리 및 분석을 위한 계획서. 밀도 변화 원심 분리. Academic Press. 1982 년. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-564580-5.50014-3>
  
25. Li XB 외. 면역 조절에서 엑소좀의 역할. J. Cell. Mol. Med. Vol 10, No 2, 2006 pp.364-375.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3933127/pdf/jcmm0010-0364.pdf>
  
26. Ziebuhr, John. 코로나바이러스(Coronaviruses), 96 권 아카데미 프레스 출판사(Academic Press). 2016 년 9 월 1. 5 페이지.

27. Gluschankof P 외. 세포막 소포(cell membrane vesicles)는 증강률이 풍부한 인간 면역결핍 바이러스 제 1형 체제의 주요 오염물질임. 바이러스학. 1997년 3월 31일; 230(1): 125- 133.  
<http://davidcrowe.ca/SciHealthEnv/papers/277-Microvesicles-Gluschankof.pdf>
28. Bess JW 외. 미세소포는 정제된 HIV-1 체제에서 발견되는 오염성 세포 단백질의 공급원임. 바이러스학. 1997년 3월 31일; 230(1): 134- 44. <http://davidcrowe.ca/SciHealthEnv/papers/278-Microvesicles-Bess.pdf>
29. 코로나바이러스 질병 2019 에 관한 이의 제기. The Lancet Infectious Diseases 저널. 2020년 3월 1일.  
[https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(20\)30072-4/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(20)30072-4/fulltext)
30. 계획서: SARS-CoV-2 검출을 위한 실시간 RT-PCR 분석, 파리 파스퇴르 연구소.  
[https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf?sfvrsn=3662fcb6\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf?sfvrsn=3662fcb6_2)
31. Nusbaum C 외. 호모 사피엔스 8 번 염색체, GRCh38.p13 Primary Assembly. 미국 국립생물 공학 정보센터(NCBI) 제공 참조 염기 서열: NC\_000008.11  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC\\_000008.11?report=genbank&log\\$=nuclalign&from=63648346&to=63648363](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_000008.11?report=genbank&log$=nuclalign&from=63648346&to=63648363)
32. Wu A 외. 중국에서 유래한 신종 코로나바이러스(2019-nCoV)의 게놈 구성 및 분기(分岐). 숙주 및 미생물 해설. Cell Press 출판사 2020년 3월 11일.  
[https://www.cell.com/cell-host-microbe/pdf/S1931-3128\(20\)30072-X.pdf](https://www.cell.com/cell-host-microbe/pdf/S1931-3128(20)30072-X.pdf)
33. Fouchier RAM 외. SARS 바이러스에 대해 충족된 코흐(Koch)의 가설. 네이처 리서치 저널(Nature Research Journal). 2003년 5월 15일. <https://www.nature.com/articles/423240a>
34. Crowe D. 중증 급성 호흡기 증후군(SARS). David Crowe 저서, 전염되는 근거 없는 믿음(The Infectious Myth). 2020년 1월 31일. <http://theinfectiousmyth.com/book/SARS.pdf>
35. Ksiazek TG 외. 중증 급성 호흡기 증후군과 관련된 신종 코로나바이러스. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2003년 5월 15일. <https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa030781>
36. Drosten C 외. 중증 급성 호흡기 증후군 환자의 신종 코로나바이러스 식별. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2003년 5월 15일. <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030747>
37. Poutanen SM 외. 캐나다에서 중증 급성 호흡기 증후군의 식별. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2003년 5월 15일. <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030634>
38. Peiris JSM 외. 중증 급성 호흡기 증후군의 원인일 수 있는 코로나바이러스. Lancet. 2003년 4월 5일.  
[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(03\)13077-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(03)13077-2/fulltext)
39. Lu R 외. 2019년 신종 코로나바이러스의 게놈 특성 분석 및 역학: 바이러스 기원과 수용체 결합에 미치는 영향. The Lancet 저널. 2020년 2월 28일.  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0140673620302518>

40. Zaki AM 외. 사우디아라비아에서 폐렴에 걸린 남자로부터 신종 코로나바이러스 분리. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2012년 11월 8일.  
<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa1211721>
41. Al-Abdely HM 외. 사우디아라비아 경증환자에게서 분리된 감염성 중동호흡기 증후군 코로나바이러스(MERS-CoV) 공개 포럼 감염성 질병. 2018년 5월 15일.  
<https://academic.oup.com/ofid/article/5/6/ofy111/4996435>
42. Wishaupt JO 외. 급성 기도(氣道) 감염 어린이의 RT-PCR 사이클 임계 값(CT) 해석의 함정. J Clin Virol. 2017년 5월;90:1-6. doi: 10.1016/j.jcv.2017.02.010. Epub 2017년 2월 24일.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28259567>
43. Fuller JA 외. 케냐에서, 바이러스 상기도 감염에 대한 실시간 PCR의 사이클 임계 값 (Ct) 과 임상적 중증도와 의 연관성. 의학 바이러스학 저널(Journal of Medical Virology) / Volume 85, Issue. 2013년 3월 18일.  
<https://doi.Org/10.1002/jmv.2345>
44. Crowe D. 코로나바이러스 세계적 유행병 이론의 결함. 14 페이지  
<https://theinfectiousmyth.com/book/CoronavirusPanic.pdf>
45. Zou L 외. 감염 환자 상기도 검체의 SARS-CoV-2 바이러스 부하. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2020년 3월 19일; 382(12): 1177- 1179. <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2001737>
46. Park WB 외. 2015년 한국의 발병 환자로부터 중동 호흡기 증후군 코로나바이러스 분리. J Korean Med Sci 2016; 31: 315- 320. 2016년 1월 11일.  
<https://synapse.koreamed.org/Synapse/Data/PDFData/0063JKMS/jkms-31-315.pdf>
47. Zhou P 외. 박쥐로부터 비롯된 것일 가능성이 있는 신종 코로나바이러스와 관련된 폐렴 발생. Nature. 2020년 2월 3일. <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>
48. Zhu N 외. 2019년 중국 폐렴 환자의 신종 코로나바이러스. 뉴잉글랜드 의학 저널(New England Journal of Medicine). 2020년 1월 24일. <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001017>
49. Dilsiz N. 양의 엑소솜과 엑소솜 마이크로 RNA의 역할. 미래 과학(Future Science). 2020년 2월 26일.  
<https://www.future-science.com/doi/full/10.2144/fsoa-2019-0116>
50. Kim JM 외. 한국의 COVID-19 환자에게서 분리한 코로나바이러스 식별. 오송 공중 보건 및 연구 관점(Osong Public Health and Research Perspective). 2020년 2월 19일.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7045880/pdf/ophrp-11-3.pdf>
51. Paraskevis D 외. 신종 코로나바이러스(2019-nCoV)의 전체 게놈 진화 분석은 최근의 유전자 재조합의 결과로 출현한다는 가설을 부인함. Infection, Genetics and Evolution Volume 79, April 2020, 104212.  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567134820300447?via%3Dihub>

52. Bao L 외. hACE2 유전자 이식 생쥐의 SARS-CoV-2 병원성(病原性) 네이처 저널(Nature). 2020년 5월 7일. <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>
53. Pratz G. Twitter 2020년 5월 12일. <https://twitter.com/GPratz/status/1259978292305641472>
54. Bik E. Twitter. 2020년 5월 12일. <https://twitter.com/MicrobiomDigest/status/1260030238987128833>
55. Bik E. Twitter. 2020년 5월 21일. <https://twitter.com/MicrobiomDigest/status/1263321337780555784>
56. Kallioikoski O. Twitter. 2020년 5월 13일. <https://twitter.com/OKallioikoski/status/1260305374021894144>
57. Kallioikoski O. Twitter. 2020년 5월 13일. <https://twitter.com/OKallioikoski/status/1260307374440624130>
58. Sperling A. Twitter. 2020년 5월 13일. <https://twitter.com/annesperling1/status/1260425447109726208>
59. Jiang RD 외. 인간 안지오텐신 전환효소 2를 발현하는 유전자 이식 생쥐의 SARS-CoV-2 발병. Cell. 2020년 5월 21일. [https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(20\)30622-X](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(20)30622-X)
60. Gorbalenya AE 외. 중증 급성 호흡기 증후군 관련 코로나바이러스: 2019-nCoV 분류 및 이 코로나바이러스를 SARS-CoV-2라고 명명함. 네이처 미생물학(Nature Microbiology) 저널. 2020년 3월 2일. <https://www.nature.com/articles/s41564-020-0695-z>
61. 코로나 리서치. 코로나바이러스 백신과 관련된 위험. 2020년 5월. [https://kolona-research.org/코로나바이러스\\_백신과\\_관련된\\_위험.pdf](https://kolona-research.org/코로나바이러스_백신과_관련된_위험.pdf)
62. Park WB 외. 한국에서 최초의 SARS-CoV-2 감염 환자로 부터 바이러스 분리. J Korean Med Sci. 2020년 2월 24일;35(7):e84. 영어. <https://jkms.org/DOIx.php?id=10.3346/jkms.2020.35.e84>
63. Lu R 외. 2019년 신종 코로나바이러스의 게놈 특성 분석 및 역학: 바이러스 기원과 수용체 결합에 미치는 영향. The Lancet 저널. 2020년 2월 22일. [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30251-8/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30251-8/fulltext)
64. Matsuyama S 외. TMPRSS2 발현 세포에 의한 SARS-CoV-2의 개선된 분리. PNAS 2020년 3월 31일 117(13) 7001-7003. <https://www.pnas.org/content/117/13/7001.long>
65. Harcourt J 외. 최초의 미국 COVID-19 환자로 부터 SARS-CoV-2의 분리 및 특성 분석. bioRxiv. 2020년 3월 7일. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.02.972935v2.full.pdf>
66. Mossman K. 나의 바이러스 연구: 전 세계 유행병과 싸우기 위해 우리 팀이 신종 코로나바이러스를 분리한 방법. Brighter World. 2020년 3월 25일. <https://brighterworld.mcmaster.ca/articles/i-study-viruses-how-our-team-isolated-the-new-coronavirus-to-fight-the-global-pandemic/>

67. 이탈리아는 바이러스 사망자 중 96%가 다른 질병으로 고통받고 있었다고 말합니다. Bloomberg. 2020년 5월 26일.  
<https://www.bloomberg.com/news/articles/2020-05-26/italy-says-96-of-virus-fatalities-suffered-from-other-illnesses>
68. David Crowe 저서, 전염되는 근거 없는 믿음(The Infectious Myth). <https://theinfectiousmyth.com>
69. Tokarski M. Piece of Mindful 블로그의 기고자.<https://pieceofmindful.com/author/markt/>
70. Fauxlex. Piece of Mindful 블로그의 기고자.<https://pieceofmindful.com/author/fauxlex/>
71. Stephens. Piece of Mindful 블로그의 기고자.<https://pieceofmindful.com/author/novicestephens/>
72. Kumari N 외. 무작위로 증폭한 다형성 DNA-A 의 간략한 검토. 미국 동물 및 수의학 저널 9 (1): 6- 13, 2014 년. <https://thescipub.com/pdf/10.3844/ajavsp.2014.6.13.pdf>
73. 미국 식품 의약국(FDA) EUA. 항체 혈청학 검사 (Technology: Serology) IFU.  
<https://www.fda.gov/emergency-preparedness-and-response/mcm-legal-regulatory-and-policy-framework/emergency-us-e-authorization>