

¿Cuál es el origen de COVID? ¿La gente o la naturaleza abrieron la caja de Pandora en Wuhan?

Hay dos teorías plausibles detrás del origen de la pandemia del SARS-CoV-2, pero las agendas políticas de gobiernos y científicos, y el fracaso de los principales medios de comunicación, han mantenido al público en la oscuridad.

*Por Nicholas Wade
05-06-2021*

La pandemia de COVID-19 ha perturbado vidas en todo el mundo durante más de un año. Su número de muertos pronto alcanzará los tres millones de personas. Sin embargo, el origen de la pandemia sigue siendo incierto: las agendas políticas de los gobiernos y los científicos han generado densas nubes de ofuscación, que la prensa dominante parece incapaz de disipar.

En lo que sigue, clasificaré los hechos científicos disponibles, que contienen muchas pistas sobre lo que sucedió, y proporcionaré a los lectores la evidencia para hacer sus propios juicios. Luego intentaré evaluar la compleja cuestión de la culpa, que comienza con el gobierno de China, pero se extiende mucho más allá.

Al final de este artículo, es posible que haya aprendido mucho sobre la biología molecular de los virus. Intentaré que este proceso sea lo más indoloro posible. Pero la ciencia no puede evitarse porque por ahora, y probablemente durante mucho tiempo, ofrece el único hilo seguro a través del laberinto. El virus que causó la pandemia se conoce oficialmente como SARS-CoV-2, pero se puede llamar SARS2 para abreviar. Como mucha gente sabe, existen dos teorías principales sobre su origen. Una es que saltó naturalmente de la vida silvestre a las personas. La otra es que el virus estaba siendo estudiado en un laboratorio, del cual escapó. Importa mucho, lo cual es el caso, si esperamos evitar una segunda ocurrencia de este tipo.

Describiré las dos teorías, explicaré por qué cada una es plausible y luego preguntaré cuál proporciona la mejor explicación de los hechos disponibles. Es importante señalar que hasta ahora no hay evidencia directa para ninguna de las dos teorías. Cada uno depende de un conjunto de conjeturas razonables, pero hasta ahora carece de pruebas. Así que solo tengo pistas, no conclusiones, que ofrecer. Pero esas pistas apuntan en una dirección específica. Y habiendo inferido esa dirección, voy a delinear algunos de los hilos de esta maraña de desastre.

Una historia de dos teorías

Después de que la pandemia estalló por primera vez en diciembre de 2019, las autoridades chinas informaron que se habían producido muchos casos en el mercado húmedo, un lugar que vende animales salvajes por carne, en Wuhan. Esto recordó a los expertos la epidemia de SARS1 de 2002 en la que un virus de murciélago se había propagado primero a las civetas, un animal que se vende en mercados húmedos, y de las civetas a las personas. Un virus de murciélago similar causó una segunda epidemia, conocida como MERS, en 2012. Esta vez, el animal huésped intermediario fueron los camellos.

La decodificación del genoma del virus mostró que pertenecía a una familia viral conocida como beta-coronavirus, a la que también pertenecen los virus SARS1 y MERS. La relación apoyaba la idea de que, como ellos, era un virus natural que había logrado saltar de los murciélagos, a través de otro animal huésped, a las personas.

La conexión con el mercado húmedo, el único otro punto de similitud con las epidemias de SARS1 y MERS, pronto se rompió: los investigadores chinos encontraron casos anteriores en Wuhan sin vínculo con el mercado húmedo. Pero eso parecía no importar cuando se esperaba en breve tanta evidencia adicional en apoyo de la emergencia natural.

Wuhan, sin embargo, es el hogar del Instituto de Virología de Wuhan, un centro mundial líder para la investigación de coronavirus. Por lo tanto, no se podía descartar la posibilidad de que el virus SARS2 se hubiera escapado del laboratorio. Dos escenarios razonables de origen estaban sobre la mesa.

Desde el principio, las percepciones del público y de los medios de comunicación se moldearon a favor del escenario de emergencia natural mediante declaraciones contundentes de dos grupos científicos. Estas declaraciones no fueron examinadas al principio tan críticamente como deberían haber sido.

"Nos unimos para condenar enérgicamente las teorías de la conspiración que sugieren que COVID-19 no tiene un origen natural", escribió un grupo de virólogos y otros en The Lancet el 19 de febrero de 2020, cuando en realidad era demasiado pronto para que alguien lo supiera. Seguro de lo que había pasado. Los científicos "concluyen abrumadoramente que este coronavirus se originó en la vida silvestre", dijeron, con un conmovedor llamado a los lectores para que se unan a los colegas chinos en la primera línea de la lucha contra la enfermedad.

Contrariamente a la afirmación de los escritores de cartas, la idea de que el virus podría haber escapado de un laboratorio invocaba un accidente, no una conspiración. Seguramente necesitaba ser explorado, no rechazado de inmediato. Una marca que define a los buenos científicos es que se esfuerzan mucho por distinguir entre lo que saben y lo que no saben. Según este criterio, los firmantes de la carta de Lancet se estaban comportando como malos científicos: estaban asegurando al público hechos que no podían saber con certeza si eran ciertos.

Más tarde resultó que la carta de Lancet había sido organizada y redactada por el Dr. Peter Daszak, presidente de EcoHealth Alliance de Nueva York. La organización de Daszak financió la investigación del coronavirus en el Instituto de Virología de Wuhan. Si el virus SARS2 se hubiera escapado de la investigación que él financió, Daszak sería potencialmente culpable. Este agudo conflicto de intereses no fue declarado a los lectores de The Lancet. Por el contrario, la carta concluía: "No declaramos intereses en competencia".

Virólogos como Daszak tenían mucho en juego a la hora de atribuir la culpa de la pandemia. Durante 20 años, la mayoría bajo la atención del público, habían estado jugando un juego peligroso. En sus laboratorios, creaban de forma rutinaria virus más peligrosos que los que existen en la naturaleza. Argumentaron que podían hacerlo de manera segura, y que adelantándose a la naturaleza podrían predecir y prevenir los "desbordes" naturales, el cruce de virus de un animal huésped a las personas.

Si el SARS2 hubiera escapado de un experimento de laboratorio de este tipo, se podría esperar un retroceso salvaje, y la tormenta de indignación pública afectaría a los virólogos en todas partes, no solo en China. "Sería romper la parte superior a la inferior edificio científico", un editor de MIT Technology Review, Antonio Regalado, dijo en de marzo de año 2020.

Una segunda declaración que tuvo una enorme influencia en la formación de las actitudes del público fue una carta (en otras palabras, un artículo de opinión, no un artículo científico) publicada el 17 de marzo de 2020 en la revista Nature Medicine. Sus autores fueron un grupo de virólogos dirigido por Kristian G. Andersen del Instituto de Investigación Scripps. "Nuestros análisis muestran claramente que el SARS-CoV-2 no es una construcción de laboratorio o un virus manipulado a propósito", declararon los cinco virólogos en el segundo párrafo de su carta.

Desafortunadamente, este fue otro caso de ciencia deficiente, en el sentido definido anteriormente. Es cierto que algunos métodos más antiguos de cortar y pegar genomas virales conservan signos reveladores de manipulación. Pero los métodos más nuevos, llamados enfoques "sin ver-um" o "sin fisuras", no dejan marcas definitorias. Tampoco lo hacen otros métodos para manipular virus, como el paso en serie, la transferencia repetida de virus de un cultivo de células a otro. Si se ha manipulado un virus, ya sea con un método sin interrupciones o mediante un pase en serie, no hay forma de saber que este es el caso. El Dr. Andersen y sus colegas aseguraban a sus lectores algo que no podían saber. La parte de discusión de su carta comienza, "Es improbable que el SARS-CoV-2 surgiera a través de la manipulación en el laboratorio de un coronavirus similar al SARS-CoV". Pero espere, ¿no dijo el líder que el virus claramente no había sido manipulado? El grado de certeza de los autores pareció resbalar varios escalones a la hora de exponer su razonamiento.

El motivo del deslizamiento queda claro una vez que se ha penetrado el lenguaje técnico. Las dos razones que dan los autores para suponer que la manipulación es improbable son decididamente inconclusas.

Primero, dicen que la proteína de pico del SARS2 se une muy bien a su objetivo, el receptor ACE2 humano, pero lo hace de una manera diferente a la que los cálculos físicos sugieren que sería la mejor opción. Por lo tanto, el virus debe haber surgido por selección natural, no por manipulación. Si este argumento parece difícil de entender, es porque es muy tenso. La suposición básica de los autores, no detallada, es que cualquiera que intente hacer que un virus de murciélago se una a las células humanas podría hacerlo de una sola manera. Primero, calcularían el ajuste más fuerte posible entre el receptor ACE2 humano y la proteína de pico con la que el virus se adhiere a él. Luego diseñarían la proteína de pico en consecuencia (seleccionando la cadena correcta de unidades de aminoácidos que la componen). Pero dado que la proteína de pico SARS2 no tiene este mejor diseño calculado, dice el artículo de Andersen, por lo tanto, no puede haber sido manipulado.

Pero esto ignora la forma en que los virólogos consiguen que las proteínas de pico se unan a los objetivos elegidos, que no es por cálculo, sino empalmado genes de proteínas de pico de otros virus o mediante pases en serie. Con el pase en serie, cada vez que la progenie del virus se transfiere a nuevos cultivos de células o animales, se seleccionan los más exitosos hasta que surge uno que hace una unión realmente estrecha a las células humanas. La selección natural ha hecho todo el trabajo pesado. La especulación del artículo de Andersen sobre el diseño de una proteína de pico viral mediante el cálculo no influye en si el virus fue manipulado o no por uno de los otros dos métodos.

El segundo argumento de los autores contra la manipulación es aún más elaborado. Aunque la mayoría de los seres vivos usan el ADN como material hereditario, varios virus usan ARN, el primo químico cercano del ADN. Pero el ARN es difícil de manipular, por lo que los investigadores que trabajan con coronavirus, que están basados en ARN, primero convertirán el genoma del ARN en ADN. Manipulan la versión del ADN, ya sea agregando o alterando genes, y luego hacen que el genoma del ADN manipulado se convierta nuevamente en ARN infeccioso.

Solo un cierto número de estas cadenas principales de ADN se han descrito en la literatura científica. Cualquiera que haya manipulado el virus SARS2 "probablemente" habría utilizado una de estas cadenas troncales conocidas, escribe el grupo Andersen, y dado que el SARS2 no se deriva de ninguna de ellas, no se manipuló. Pero el argumento es notoriamente inconcluso. Las cadenas principales de ADN son bastante fáciles de hacer, por lo que obviamente es posible que el SARS2 haya sido manipulado utilizando una cadena principal de ADN no publicada.

Y eso es. Estos son los dos argumentos presentados por el grupo Andersen en apoyo de su declaración de que el virus SARS2 claramente no fue manipulado. Y esta conclusión, basada únicamente en dos especulaciones inconclusas, convenció a la prensa mundial de que el SARS2 no podría haber escapado de un laboratorio. Una crítica técnica de la carta de Andersen lo resume en palabras más duras.

La ciencia es supuestamente una comunidad de expertos autocorregibles que comprueban constantemente el trabajo de los demás. Entonces, ¿por qué otros virólogos no señalaron que el argumento del grupo Andersen estaba lleno de agujeros absurdamente grandes? Quizás porque en las universidades de hoy el discurso puede resultar muy costoso. Las carreras pueden ser destruidas por salirse de la línea. Cualquier virólogo que desafíe la opinión declarada de la comunidad corre el riesgo de que su próxima solicitud de subvención sea rechazada por el panel de compañeros virólogos que asesora a la agencia de distribución de subvenciones del gobierno.

Las cartas de Daszak y Andersen eran realmente declaraciones políticas, no científicas, pero fueron sorprendentemente efectivas. Los artículos en la prensa principal declararon repetidamente que un consenso de expertos había descartado el escape del laboratorio fuera de cuestión o extremadamente improbable. Sus autores se basaron en su mayor parte en las cartas de Daszak y Andersen, sin comprender las enormes lagunas en sus argumentos.

Todos los periódicos tradicionales tienen periodistas científicos en su personal, al igual que las principales redes, y se supone que estos reporteros especializados pueden interrogar a los científicos y verificar sus afirmaciones. Pero las afirmaciones de Daszak y Andersen no fueron cuestionadas en gran medida.

Dudas sobre la emergencia natural

La emergencia natural fue la teoría preferida de los medios hasta aproximadamente febrero de 2021 y la visita de una comisión de la Organización Mundial de la Salud a China. La composición y el acceso de la comisión estaban fuertemente controlados por las autoridades chinas. Sus miembros, que incluían al

omnipresente Daszak, seguían afirmando antes, durante y después de su visita que la fuga del laboratorio era extremadamente improbable. Pero esta no fue exactamente la victoria propagandística que las autoridades chinas esperaban. Lo que quedó claro fue que los chinos no tenían pruebas que ofrecer a la comisión en apoyo de la teoría del surgimiento natural.

Esto fue sorprendente porque tanto el virus SARS1 como el MERS habían dejado abundantes rastros en el medio ambiente. La especie hospedadora intermediaria del SARS1 se identificó dentro de los cuatro meses posteriores al brote de la epidemia y la hospedante del MERS dentro de los nueve meses. Sin embargo, unos 15 meses después de que comenzara la pandemia de SARS2, y una búsqueda presuntamente intensiva, los investigadores chinos no habían podido encontrar ni la población original de murciélagos ni la especie intermedia a la que podría haber saltado el SARS2, ni ninguna evidencia serológica de que ninguna población china, incluida de Wuhan, había estado expuesta al virus antes de diciembre de 2019. La emergencia natural seguía siendo una conjetura que, aunque plausible para empezar, no había obtenido ni una pizca de evidencia de apoyo en más de un año.

Y mientras ese sea el caso, es registro

¿Por qué querría alguien crear un virus nuevo capaz de provocar una pandemia? Desde que los virólogos obtuvieron las herramientas para manipular los genes de un virus, han argumentado que podrían adelantarse a una posible pandemia explorando qué tan cerca podría estar un virus animal dado de dar el salto a los humanos. Y eso justificó los experimentos de laboratorio para mejorar la capacidad de los virus animales peligrosos para infectar a las personas, afirmaron los virólogos.

Con este fundamento, han recreado el virus de la gripe de 1918, han mostrado cómo el virus de la polio casi extinto puede sintetizarse a partir de su secuencia de ADN publicada e introducido un gen de la viruela en un virus relacionado.

Estas mejoras de las capacidades virales se conocen suavemente como experimentos de ganancia de función (GOF). Con los coronavirus, hubo un interés particular en las proteínas de pico, que sobresalen por toda la superficie esférica del virus y prácticamente determinan a qué especie de animal se dirigirá. En 2000, los investigadores holandeses, por ejemplo, se ganaron la gratitud de los roedores de todo el mundo mediante la ingeniería genética de la proteína de pico de un coronavirus de ratón para que atacara solo a los gatos.

Los virólogos comenzaron a estudiar seriamente los coronavirus de murciélagos después de que estos resultaron ser la fuente de las epidemias de SARS1 y MERS. En particular, los investigadores querían comprender qué cambios debían ocurrir en las proteínas de pico de un virus de murciélago antes de que pudiera infectar a las personas.

Investigadores del Instituto de Virología de Wuhan, dirigido por el principal experto de China en virus de murciélagos, el Dr. Shi Zheng-li o "Bat Lady", organizaron frecuentes expediciones a las cuevas infestadas de murciélagos de Yunnan en el sur de China y recolectaron alrededor de cien murciélagos diferentes. coronavirus.

Luego, Shi se asoció con Ralph S. Baric, un eminente investigador de coronavirus en la Universidad de Carolina del Norte. Su trabajo se centró en mejorar la capacidad de los virus de los murciélagos para atacar a los humanos con el fin de "examinar el potencial de emergencia (es decir, el potencial de infectar a los humanos) de los CoV de murciélago [coronavirus] circulantes".

Para lograr este objetivo, en noviembre de 2015 crearon un nuevo virus tomando la columna vertebral del virus SARS1 y reemplazando su proteína de pico con una de un virus de murciélago (conocido como SHC014-CoV). Este virus fabricado pudo infectar las células de las vías respiratorias humanas, al menos cuando se probó contra un cultivo de laboratorio de tales células.

El virus SHC014-CoV / SARS1 se conoce como quimera porque su genoma contiene material genético de dos cepas de virus. Si el virus SARS2 se hubiera cocinado en el laboratorio de Shi, entonces su prototipo directo habría sido la quimera SHC014-CoV / SARS1, cuyo peligro potencial preocupaba a muchos observadores y provocó una intensa discusión.

"Si el virus escapó, nadie podría predecir la trayectoria", dijo Simon Wain-Hobson, virólogo del Instituto Pasteur de París.

El Dr. Baric y Shi se refirieron a los riesgos obvios en su artículo, pero argumentaron que deberían sopesarse con el beneficio de presagiar derrames futuros. Los paneles de revisión científica, escribieron, "pueden considerar que estudios similares que construyen virus quiméricos basados en cepas circulantes son demasiado arriesgados".

Dadas las diversas restricciones impuestas a la investigación del GOF, los asuntos habían llegado, en su opinión, a "una encrucijada de preocupaciones de investigación del GOF; El potencial para prepararse y mitigar futuros brotes debe sopesarse con el riesgo de crear patógenos más peligrosos. Al desarrollar políticas en el futuro, es importante considerar el valor de los datos generados por estos estudios y si estos tipos de estudios de virus quiméricos justifican una mayor investigación frente a los riesgos inherentes involucrados".

Esa declaración se hizo en 2015. En retrospectiva de 2021, se puede decir que el valor de los estudios del GOF para prevenir la epidemia de SARS2 fue cero. El riesgo era catastrófico, si es que el virus SARS2 se generó en un experimento GOF.

Dentro del Instituto de Virología de Wuhan

Baric había desarrollado y enseñado a Shi un método general para diseñar coronavirus de murciélagos para atacar otras especies. Los objetivos específicos fueron células humanas cultivadas en cultivos y ratones humanizados. Estos ratones de laboratorio, un sustituto económico y ético de los seres humanos, están modificados genéticamente para transportar la versión humana de una proteína llamada ACE2 que incrusta la superficie de las células que recubren las vías respiratorias.

Shi regresó a su laboratorio en el Instituto de Virología de Wuhan y reanudó el trabajo que había comenzado sobre la ingeniería genética de coronavirus para atacar células humanas.
¿Cómo podemos estar tan seguros?

Porque, por un extraño giro en la historia, su trabajo fue financiado por el Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas (NIAID), una parte de los Institutos Nacionales de Salud de EE. UU. (NIH). Y las propuestas de subvenciones que financiaron su trabajo, que son un asunto de dominio público, especifican exactamente lo que planeaba hacer con el dinero.

Las subvenciones fueron asignadas al contratista principal, Peter Daszak de EcoHealth Alliance, quien las subcontrató a Shi. Aquí hay extractos de las subvenciones para los años fiscales 2018 y 2019. "CoV" significa coronavirus y "proteína S" se refiere a la proteína de pico del virus.

"Probar las predicciones de la transmisión entre especies de CoV. Los modelos predictivos de la variedad de hospedadores (es decir, el potencial de emergencia) se probarán experimentalmente usando genética inversa, ensayos de unión de receptores y pseudovirus y experimentos de infección por virus en una variedad de cultivos celulares de diferentes especies y ratones humanizados.

"Usaremos los datos de la secuencia de la proteína S, la tecnología de clones infecciosos, los experimentos de infección in vitro e in vivo y el análisis de la unión al receptor para probar la hipótesis de que los umbrales de divergencia de% en las secuencias de la proteína S predicen el potencial de desbordamiento".

Lo que esto significa, en lenguaje no técnico, es que Shi se propuso crear nuevos coronavirus con la mayor infectividad posible para las células humanas. Su plan era tomar genes que codificaran proteínas de pico que posean una variedad de afinidades medidas por las células humanas, que van de altas a bajas. Insertaría estos genes de pico uno por uno en la columna vertebral de varios genomas virales ("genética inversa" y "tecnología de clones infecciosos"), creando una serie de virus quiméricos. A continuación, estos virus quiméricos se probarían para determinar su capacidad para atacar cultivos de células humanas ("in vitro") y ratones humanizados ("in vivo"). Y esta información ayudaría a predecir la probabilidad de un "derrame", el salto de un coronavirus de los murciélagos a las personas.

El enfoque metódico se diseñó para encontrar la mejor combinación de la columna vertebral del coronavirus y la proteína de pico para infectar células humanas. El enfoque podría haber generado virus similares al SARS2 y, de hecho, pudo haber creado el virus SARS2 en sí mismo con la combinación correcta de la columna vertebral del virus y la proteína de pico.

Todavía no se puede afirmar que Shi generó o no el SARS2 en su laboratorio porque sus registros han sido sellados, pero parece que ciertamente estaba en el camino correcto para hacerlo. "Está claro que el Instituto de Virología de Wuhan estaba construyendo sistemáticamente nuevos coronavirus quiméricos y estaba evaluando su capacidad para infectar células humanas y ratones que expresan ACE2 humano", dice Richard H. Ebright, biólogo molecular de la Universidad de Rutgers y experto líder en bioseguridad. "También está claro", dijo el Dr. Ebright, "que, dependiendo de los contextos genómicos constantes elegidos para el análisis, este trabajo podría haber producido el SARS-CoV-2 o un progenitor próximo del SARS-CoV-2". "Contexto genómico" se refiere a la columna vertebral viral particular utilizada como banco de pruebas para la proteína de pico.

El escenario de escape del laboratorio para el origen del virus SARS2, como ya debería ser evidente, no es un simple gesto de mano en dirección al Instituto de Virología de Wuhan. Es una propuesta detallada, basada en el proyecto específico que está financiando allí el NIAID.

Incluso si la subvención requirió el plan de trabajo descrito anteriormente, ¿cómo podemos estar seguros de que el plan se llevó a cabo? Para eso podemos confiar en la palabra de Daszak, quien ha estado protestando mucho durante los últimos 15 meses de que la fuga del laboratorio fue una teoría de conspiración ridícula inventada por los atacantes a China.

El 9 de diciembre de 2019, antes de que el brote de la pandemia se hiciera conocido, Daszak concedió una entrevista en la que habló en términos entusiastas de cómo los investigadores del Instituto de Virología de Wuhan habían estado reprogramando la proteína de pico y generando coronavirus quiméricos capaces de infectar ratones humanizados.

"Y ahora hemos encontrado, ya sabes, después de 6 o 7 años de hacer esto, más de 100 nuevos coronavirus relacionados con el SARS, muy cercanos al SARS", dice Daszak alrededor del minuto 28 de la entrevista. "Algunos de ellos ingresan en células humanas en el laboratorio, algunos de ellos pueden causar la enfermedad del SARS en modelos de ratones humanizados y no se pueden tratar con monoclonales terapéuticos y no se puede vacunar contra ellos con una vacuna. Entonces, estos son un peligro claro y presente..."

Entrevistador:

"Dice que estos son coronavirus diversos y no puede vacunarse contra ellos, y no hay antivirales, entonces, ¿qué hacemos?"

Techo:

"Bueno, creo que... los coronavirus, se pueden manipular en el laboratorio con bastante facilidad. La proteína de pico impulsa mucho de lo que sucede con el coronavirus, en riesgo zoonótico. Entonces puedes obtener la secuencia, puedes construir la proteína y trabajamos mucho con Ralph Baric en UNC para hacer esto. Insértelo en la columna vertebral de otro virus y trabaje un poco en el laboratorio. Para que pueda ser más predictivo cuando encuentre una secuencia. Tienes esta diversidad. Ahora, la progresión lógica para las vacunas es que, si va a desarrollar una vacuna para el SARS, la gente usará el SARS pandémico, pero insertemos algunas de estas otras cosas y obtengamos una vacuna mejor ". Las inserciones a las que se refirió quizás incluían un elemento llamado sitio de división de furina, que se analiza a continuación, que aumenta en gran medida la infectividad viral de las células humanas. En un estilo inconexo, Daszak se refiere al hecho de que una vez que haya generado un nuevo coronavirus que pueda atacar las células humanas, puede tomar la proteína de pico y convertirla en la base de una vacuna.

Uno solo puede imaginar la reacción de Daszak cuando se enteró del estallido de la epidemia en Wuhan unos días después. Habría sabido mejor que nadie el objetivo del Instituto de Wuhan de hacer que los coronavirus de murciélago sean infecciosos para los humanos, así como las debilidades en la defensa del instituto contra la infección de sus propios investigadores.

Pero en lugar de proporcionar a las autoridades de salud pública la abundante información a su disposición, lanzó de inmediato una campaña de relaciones públicas para persuadir al mundo de que la epidemia no podría haber sido causada por uno de los virus mejorados del instituto. "La idea de que este virus se escapó de un laboratorio es pura tontería. Simplemente no es cierto", declaró en una entrevista en abril de 2020.

Los arreglos de seguridad en el Instituto de Virología de Wuhan

Daszak posiblemente desconocía, o tal vez conocía demasiado bien, la larga historia de virus que se escapaban incluso de los laboratorios mejor administrados. El virus de la viruela se escapó tres veces de los laboratorios de Inglaterra en las décadas de 1960 y 1970, causando 80 casos y 3 muertes. Desde entonces, los virus peligrosos se han escapado de los laboratorios casi todos los años. Llegando a épocas más recientes, el virus SARS1 ha demostrado ser un verdadero artista del escape, escapándose de laboratorios en Singapur, Taiwán y no menos de cuatro veces del Instituto Nacional Chino de Virología en Beijing.

Una razón por la que el SARS1 es tan difícil de manejar es que no había vacunas disponibles para proteger a los trabajadores de laboratorio. Como Daszak mencionó en su entrevista del 19 de diciembre citada anteriormente, los investigadores de Wuhan tampoco habían podido desarrollar vacunas contra los coronavirus que habían diseñado para infectar células humanas. Habrían estado tan indefensos contra el virus SARS2, si se hubiera generado en su laboratorio, como lo estaban sus colegas de Beijing contra el SARS1.

Una segunda razón del grave peligro de los nuevos coronavirus tiene que ver con los niveles requeridos de seguridad en el laboratorio. Hay cuatro grados de seguridad, designados BSL1 a BSL4, siendo BSL4 el más restrictivo y diseñado para patógenos mortales como el virus del Ébola.

El Instituto de Virología de Wuhan tenía un nuevo laboratorio BSL4, pero su estado de preparación alarmó considerablemente a los inspectores del Departamento de Estado que lo visitaron desde la embajada de Beijing en 2018. "El nuevo laboratorio tiene una grave escasez de técnicos e investigadores debidamente capacitados necesarios para operar de manera segura este laboratorio de alta contención ", escribieron los inspectores en un cable del 19 de enero de 2018.

Sin embargo, el problema real no era el estado inseguro del laboratorio BSL4 de Wuhan, sino el hecho de que a los virólogos de todo el mundo no les gusta trabajar en condiciones BSL4. Tienes que usar traje espacial, hacer operaciones en armarios cerrados y aceptar que todo tomará el doble de tiempo. Así que las reglas que asignan cada tipo de virus a un nivel de seguridad dado eran más laxas de lo que algunos podrían pensar que era prudente.

Antes de 2020, las reglas seguidas por los virólogos en China y en otros lugares exigían que los experimentos con los virus SARS1 y MERS se llevaran a cabo en condiciones BSL3. Pero todos los demás coronavirus de murciélago podrían estudiarse en BSL2, el siguiente nivel hacia abajo. BSL2 requiere tomar precauciones de seguridad bastante mínimas, como usar batas de laboratorio y guantes, no aspirar líquidos con una pipeta y colocar señales de advertencia de peligro biológico.

Sin embargo, un experimento GOF realizado en BSL2 podría producir un agente más infeccioso que el SARS1 o el MERS. Y si lo hiciera, los trabajadores de laboratorio tendrían una alta probabilidad de infección, especialmente si no están vacunados.

Gran parte del trabajo de Shi sobre GOF en coronavirus se realizó en el nivel de seguridad BSL2, como se indica en sus publicaciones y otros documentos. Ella ha dicho en una entrevista con la revista Science que "La investigación del coronavirus en nuestro laboratorio se lleva a cabo en los laboratorios BSL-2 o BSL-3".

"Está claro que parte o todo este trabajo se estaba realizando utilizando un estándar de bioseguridad (nivel de bioseguridad 2, el nivel de bioseguridad de un consultorio de dentista de EE. UU. Estándar) que plantearía un riesgo inaceptablemente alto de infección para el personal del laboratorio al entrar en contacto con un virus que tiene las propiedades de transmisión del SARS-CoV-2 ", dice Ebright. "También está claro", agrega, "que este trabajo nunca debió haber sido financiado y nunca debió haberse realizado".

Esta es una opinión que sostiene independientemente de si el virus SARS2 vio alguna vez el interior de un laboratorio.

La preocupación por las condiciones de seguridad en el laboratorio de Wuhan no parece estar fuera de lugar. Según una hoja informativa emitida por el Departamento de Estado el 21 de enero, "El gobierno de EE. UU. Tiene razones para creer que varios investigadores dentro del WIV se enfermaron en otoño de 2019, antes del primer caso identificado del brote, con síntomas consistentes con COVID -19 y enfermedades estacionales comunes ".

David Asher, miembro del Instituto Hudson y ex consultor del Departamento de Estado, brindó más detalles sobre el incidente en un [seminario](#). El conocimiento del incidente provino de una combinación de información pública y "información de alto nivel recopilada por nuestra comunidad de inteligencia", dijo. Tres personas que trabajaban en un laboratorio BSL3 en el instituto se enfermaron con una semana de diferencia entre sí con síntomas graves que requirieron hospitalización. Este fue "el primer grupo conocido del que tenemos conocimiento, de víctimas de lo que creemos que es COVID-19". La influenza no se podía descartar por completo, pero parecía poco probable dadas las circunstancias, dijo.

Comparación de los escenarios rivales del origen del SARS2

La evidencia anterior se suma a un caso grave de que el virus SARS2 podría haberse creado en un laboratorio, del cual luego escapó. Pero el caso, por sustancial que sea, no es una prueba. La prueba consistiría en evidencia del Instituto de Virología de Wuhan, o laboratorios relacionados en Wuhan, que el SARS2 o un virus predecesor se estaba desarrollando allí.

Ante la falta de acceso a dichos registros, otro enfoque es tomar ciertos hechos sobresalientes sobre el virus SARS2 y preguntar qué tan bien se explica cada uno por los dos escenarios de origen rivales, los de emergencia natural y escape de laboratorio. Aquí hay cuatro pruebas de las dos hipótesis. Una pareja tiene algunos detalles técnicos, pero estos se encuentran entre los más persuasivos para aquellos que quieran seguir el argumento.

1. El lugar de origen

Empiece por la geografía. Los dos parientes conocidos más cercanos del virus SARS2 fueron recolectados de murciélagos que vivían en cuevas en Yunnan, una provincia del sur de China. Si el virus SARS2 hubiera infectado primero a las personas que viven alrededor de las cuevas de Yunnan, eso apoyaría firmemente la idea de que el virus se ha propagado a las personas de forma natural. Pero esto no es lo que pasó. La pandemia estalló a 1.500 kilómetros de distancia, en Wuhan.

Los beta-coronavirus, la familia de virus de murciélagos a la que pertenece el SARS2, infectan al murciélago de herradura *Rhinolophus affinis*, que se extiende por todo el sur de China. El alcance de los murciélagos es de 50 kilómetros, por lo que es poco probable que alguno haya llegado a Wuhan. En cualquier caso, los primeros casos de la pandemia de COVID-19 probablemente ocurrieron en septiembre, cuando las [temperaturas en la provincia de Hubei](#) ya son lo suficientemente frías como para enviar a los murciélagos a la hibernación.

¿Qué pasa si los virus de murciélagos infectan primero a algún huésped intermedio? Necesitaría una población de murciélagos de larga data en proximidad frecuente con un huésped intermedio, que a su vez a menudo debe cruzarse con las personas. Todos estos intercambios de virus deben tener lugar en algún lugar fuera de Wuhan, una metrópolis ocupada que, hasta donde se sabe, no es un hábitat natural de las colonias de murciélagos *Rhinolophus*.

La persona (o animal) infectada que porta este virus altamente transmisible debe haber viajado a Wuhan sin infectar a nadie más. Nadie en su familia se enfermó. Si la persona se subió a un tren a Wuhan, ningún otro pasajero se enfermó.

Es una exageración, en otras palabras, lograr que la pandemia estalle naturalmente fuera de Wuhan y luego, sin dejar rastro, hacer su primera aparición allí.

Para el escenario de escape del laboratorio, un origen de Wuhan para el virus es una obviedad. Wuhan es el hogar del principal centro de investigación de coronavirus de China donde, como se señaló anteriormente, los investigadores estaban diseñando genéticamente coronavirus de murciélago para atacar células humanas. Lo hacían bajo las condiciones mínimas de seguridad de un laboratorio BSL2. Si se hubiera generado allí un virus con la infecciosidad inesperada del SARS2, su escape no sería ninguna sorpresa.

2. Historia natural y evolución

La ubicación inicial de la pandemia es una pequeña parte de un problema mayor, el de su historia natural. Los virus no solo saltan una vez de una especie a otra. La proteína de pico de coronavirus, adaptada para atacar las células de los murciélagos, necesita saltos repetidos a otra especie, la mayoría

de los cuales fallan, antes de obtener una mutación afortunada. La mutación, un cambio en una de sus unidades de ARN, hace que se incorpore una unidad de aminoácidos diferente en su proteína de punta y hace que la proteína de punta sea más capaz de atacar las células de algunas otras especies. A través de varios ajustes más impulsados por mutaciones, el virus se adapta a su nuevo huésped, digamos algún animal con el que los murciélagos están en contacto frecuente. Luego, todo el proceso se reanuda a medida que el virus pasa de este huésped intermedio a las personas.

En el caso del SARS1, los investigadores han documentado los cambios sucesivos en su proteína de pico a medida que el virus evolucionó paso a paso hasta convertirse en un patógeno peligroso. Después de que pasó de los murciélagos a las civetas, hubo seis cambios más en su proteína de pico antes de que se convirtiera en un patógeno leve en las personas. Después de otros 14 cambios, el virus se adaptó mucho mejor a los humanos y, con otros cuatro, la epidemia despegó.

Pero cuando busca las huellas dactilares de una transición similar en el SARS2, le espera una extraña sorpresa. El virus apenas ha cambiado, al menos hasta hace poco. Desde su primera aparición, se adaptó bien a las células humanas. Los investigadores dirigidos por Alina Chan del Broad Institute compararon el SARS2 con el SARS1 en etapa tardía, que para entonces estaba bien adaptado a las células humanas, y encontraron que los dos virus estaban igualmente bien adaptados. "Para cuando se detectó por primera vez el SARS-CoV-2 a fines de 2019, ya estaba preadaptado a la transmisión humana en un grado similar a la epidemia tardía del SARS-CoV", escribieron.

Incluso aquellos que piensan que el origen del laboratorio es improbable están de acuerdo en que los genomas del SARS2 son notablemente uniformes. Baric escribe que "las primeras cepas identificadas en Wuhan, China, mostraron una diversidad genética limitada, lo que sugiere que el virus puede haber sido introducido de una sola fuente".

Por supuesto, una sola fuente sería compatible con el escape de laboratorio, menos con la variación masiva y la selección que es la forma característica de la evolución de hacer negocios. La estructura uniforme de los genomas del SARS2 no da indicios de ningún paso a través de un huésped animal intermedio, y no se ha identificado tal huésped en la naturaleza. Los defensores de la emergencia natural sugieren que el SARS2 se incubó en una población humana aún por encontrar antes de adquirir sus propiedades especiales. O que saltó a un animal huésped fuera de China.

Todas estas conjeturas son posibles, pero tensas. Los defensores de la fuga de laboratorio tienen una explicación más simple. El SARS2 se adaptó a las células humanas desde el principio porque se cultivó en ratones humanizados o en cultivos de laboratorio de células humanas, tal como se describe en la propuesta de subvención de Daszak. Su genoma muestra poca diversidad porque el sello distintivo de los cultivos de laboratorio es la uniformidad.

Los defensores del escape de laboratorio bromean diciendo que, por supuesto, el virus SARS2 infectó una especie hospedadora intermediaria antes de propagarse a las personas, y que lo han identificado: un ratón humanizado del Instituto de Virología de Wuhan.

3. El sitio de escisión de la furina

El sitio de escisión de la furina es una parte diminuta de la anatomía del virus, pero ejerce una gran influencia en su infectividad. Se encuentra en el medio de la proteína pico SARS2. También se encuentra en el corazón del rompecabezas de dónde vino el virus.

La proteína de pico tiene dos subunidades con funciones diferentes. El primero, llamado S1, reconoce el objetivo del virus, una proteína llamada enzima convertidora de angiotensina-2 (o ACE2) que tacha la superficie de las células que recubren las vías respiratorias humanas. El segundo, S2, ayuda al virus, una vez anclado a la célula, a fusionarse con la membrana celular. Una vez que la membrana externa del virus se ha fusionado con la de la célula afectada, el genoma viral se inyecta en la célula, secuestra su maquinaria de producción de proteínas y la obliga a generar nuevos virus. Pero esta invasión no puede comenzar hasta que las subunidades S1 y S2 se hayan separado. Y allí, justo en la unión S1 / S2, está el sitio de escisión de la furina que asegura que la proteína de la punta se escindiré exactamente en el lugar correcto.

El virus, un modelo de diseño económico, no lleva su propia cuchilla. Depende de la célula para que lo corte. Las células humanas tienen una herramienta de corte de proteínas en su superficie conocida como

furina. Furin cortará cualquier cadena de proteínas que lleve su sitio de corte objetivo característico. Esta es la secuencia de unidades de aminoácidos prolina-arginina-arginina-alanina, o PRRA en el código que se refiere a cada aminoácido por una letra del alfabeto. PRRA es la secuencia de aminoácidos en el núcleo del sitio de escisión de la furina del SARS2.

Los virus tienen todo tipo de trucos ingeniosos, entonces, ¿por qué se destaca el sitio de división de furina? Debido a todos los beta-coronavirus conocidos relacionados con el SARS, solo el SARS2 posee un sitio de escisión de furina. Todos los demás virus tienen su unidad S2 escindida en un sitio diferente y por un mecanismo diferente.

Entonces, ¿cómo adquirió el SARS2 su sitio de división de furina? ¿O el sitio evolucionó de forma natural o fue insertado por investigadores en la unión S1 / S2 en un experimento GOF.

Considere primero el origen natural. Los virus evolucionan de dos formas: por mutación y por recombinación. La mutación es el proceso de cambio aleatorio en el ADN (o ARN para los coronavirus) que generalmente da como resultado que un aminoácido en una cadena de proteína se cambie por otro. Muchos de estos cambios dañan al virus, pero la selección natural retiene los pocos que hacen algo útil. La mutación es el proceso mediante el cual la proteína de pico del SARS1 cambia gradualmente sus células diana preferidas de las de los murciélagos a las civetas y luego a los humanos.

La mutación parece una forma menos probable de que se genere el sitio de división de furina del SARS2, aunque no se puede descartar por completo. Las cuatro unidades de aminoácidos del sitio están todas juntas y todas en el lugar correcto en la unión S1 / S2. La mutación es un proceso aleatorio desencadenado por errores de copia (cuando se generan nuevos genomas virales) o por la descomposición química de unidades genómicas. Por lo tanto, generalmente afecta a los aminoácidos individuales en diferentes puntos de una cadena de proteínas. Es mucho más probable que una cadena de aminoácidos como la del sitio de escisión de la furina se adquiera todos juntos a través de un proceso bastante diferente conocido como recombinación.

La recombinación es un intercambio inadvertido de material genómico que ocurre cuando dos virus invaden la misma célula y su progenie se ensambla con fragmentos de ARN pertenecientes al otro. Los beta-coronavirus solo se combinarán con otros beta-coronavirus pero pueden adquirir, por recombinación, casi cualquier elemento genético presente en el grupo genómico colectivo. Lo que no pueden adquirir es un elemento que la piscina no posee. Y ningún beta-coronavirus conocido relacionado con el SARS, la clase a la que pertenece el SARS2, posee un sitio de división de furina.

Los defensores de la emergencia natural dicen que el SARS2 podría haber detectado el sitio de algún beta-coronavirus aún desconocido. Pero los beta-coronavirus relacionados con el SARS en murciélagos evidentemente no necesitan un sitio de división de furina para infectar las células de los murciélagos, por lo que no hay una gran probabilidad de que alguno posea uno, y de hecho no se ha encontrado ninguno hasta ahora.

El siguiente argumento de los proponentes es que el SARS2 adquirió su sitio de división de furina de las personas. Un predecesor del SARS2 podría haber estado circulando en la población humana durante meses o años hasta que en algún momento adquirió un sitio de escisión de furina a partir de células humanas. Entonces habría estado listo para estallar como una pandemia.

Si esto es lo que sucedió, debería haber rastros en los registros de vigilancia del hospital de las personas infectadas por el virus de evolución lenta. Pero hasta ahora ninguno ha salido a la luz. Según el [informe de la Organización Mundial de la Salud sobre los orígenes del virus](#), los hospitales centinela en la provincia de Hubei, hogar de Wuhan, monitorean rutinariamente enfermedades similares a la influenza y "no hay evidencia que sugiera una transmisión sustancial del SARSCoV-2 en los meses anteriores al brote en diciembre fue observado."

Así que es difícil explicar cómo el virus SARS2 recogió su sitio de división de furina de forma natural, ya sea por mutación o recombinación.

Eso deja un experimento GOF. Para aquellos que piensan que el SARS2 puede haberse escapado de un laboratorio, explicar el sitio de división de la furina no es ningún problema. "Desde 1992, la comunidad de virología ha sabido que la única forma segura de hacer que un virus sea más letal es darle un sitio de división de furina en la unión S1 / S2 en el laboratorio", [escribe el](#) Dr. Steven Quay, un emprendedor

biotecnológico interesado en los orígenes. del SARS2. "Al menos once experimentos GOF, que agregan un sitio furin para hacer que un virus sea más infeccioso, se publican en la literatura abierta, incluido [por] el Dr. Zhengli Shi, jefe de investigación de coronavirus en el Instituto de Virología de Wuhan".

4. Una cuestión de codones

Hay otro aspecto del sitio de división de la furina que estrecha aún más el camino para un origen de emergencia natural.

Como todos saben (o al menos recordarán de la escuela secundaria), el código genético usa tres unidades de ADN para especificar cada unidad de aminoácidos de una cadena de proteínas. Cuando se leen en grupos de 3, los 4 tipos diferentes de ADN pueden especificar $4 \times 4 \times 4$ o 64 tripletes diferentes, o codones como se les llama.

Dado que solo hay 20 tipos de aminoácidos, hay codones más que suficientes para todos, lo que permite que algunos aminoácidos sean especificados por más de un codón. El aminoácido arginina, por ejemplo, puede designarse mediante cualquiera de los seis codones CGU, CGC, CGA, CGG, AGA o AGG, donde A, U, G y C representan los cuatro tipos diferentes de unidades en el ARN.

Aquí es donde se pone interesante. Los diferentes organismos tienen diferentes preferencias de codones. A las células humanas les gusta designar la arginina con los codones CGT, CGC o CGG. Pero CGG es el codón menos popular del coronavirus para la arginina. Tenga esto en cuenta cuando observe cómo se codifican los aminoácidos en el sitio de escisión de la furina en el genoma del SARS2.

Ahora, la razón funcional por la que el SARS2 tiene un sitio de división de furina, y sus primos virus no, se puede ver alineando (en una computadora) la cadena de casi 30,000 nucleótidos en su genoma con los de sus primos coronavirus, de los cuales el más cercano hasta ahora conocido es uno llamado RaTG13. En comparación con RaTG13, el SARS2 tiene un inserto de 12 nucleótidos justo en la unión S1 / S2. El inserto es la secuencia T-CCT-CGG-CGG-GC. Los códigos CCT para la prolina, los dos CGG para dos argininas y el GC es el comienzo de un codón GCA que codifica para la alanina.

Hay varias características curiosas sobre este inserto, pero la más extraña es la de los dos codones CGG uno al lado del otro. Solo el 5% de los codones de arginina del SARS2 son CGG, y el codón doble CGG-CGG no se ha encontrado en ningún otro beta-coronavirus. Entonces, ¿cómo adquirió el SARS2 un par de codones de arginina que son favorecidos por las células humanas pero no por los coronavirus?

Los defensores de la emergencia natural tienen una tarea cuesta arriba para explicar todas las características del sitio de división de furina del SARS2. Tienen que postular un evento de recombinación en un sitio en el genoma del virus donde las recombinaciones son raras, y la inserción de una secuencia de 12 nucleótidos con un codón de arginina doble desconocido en el repertorio del beta-coronavirus, en el único sitio del genoma que lo haría. expandir significativamente la infectividad del virus.

"Sí, pero su redacción hace que esto suene poco probable: los virus son especialistas en eventos inusuales", es la respuesta de David L. Robertson, un virólogo de la Universidad de Glasgow que considera la fuga del laboratorio como una teoría de la conspiración. "La recombinación es naturalmente muy, muy frecuente en estos virus, hay puntos de corte de recombinación en la proteína de pico y estos codones parecen inusuales exactamente porque no hemos tomado suficientes muestras".

El Dr. Robertson tiene razón en que la evolución siempre está produciendo resultados que pueden parecer poco probables, pero de hecho no lo son. Los virus pueden generar un número incalculable de variantes, pero solo vemos una entre mil millones que la selección natural elige para sobrevivir. Pero este argumento podría llevarse demasiado lejos. Por ejemplo, cualquier resultado de un experimento GOF podría explicarse como uno al que la evolución habría llegado a tiempo. Y el juego de los números se puede jugar al revés. Para que el sitio de escisión de la furina surja naturalmente en el SARS2, tiene que suceder una cadena de eventos, cada uno de los cuales es bastante improbable por las razones dadas anteriormente. Es poco probable que se complete una cadena larga con varios pasos improbables. Para el escenario de escape del laboratorio, el codón doble CGG no es ninguna sorpresa. El codón preferido por humanos se usa de forma rutinaria en los laboratorios. Entonces, cualquiera que quisiera insertar un sitio de división de furina en el genoma del virus sintetizaría la secuencia de elaboración de PRRA en el laboratorio y probablemente usaría codones CGG para hacerlo.

Un tercer escenario de origen

Hay una variación en el escenario de emergencia natural que vale la pena considerar. Esta es la idea de que el SARS2 saltó directamente de los murciélagos a los humanos, sin pasar por un huésped intermedio como lo hicieron el SARS1 y el MERS. Un destacado defensor es el virólogo Robertson, quien señala que el SARS2 puede atacar a varias otras especies además de los humanos. Él cree que el virus desarrolló una capacidad generalista mientras aún estaba en murciélagos. Debido a que los murciélagos que infecta se distribuyen ampliamente en el sur y el centro de China, el virus tuvo amplias oportunidades de llegar a las personas, aunque parece haberlo hecho en una sola ocasión conocida.

La tesis de Robertson explica por qué nadie ha encontrado hasta ahora un rastro de SARS2 en ningún huésped intermedio o en poblaciones humanas vigiladas antes de diciembre de 2019. También explicaría el hecho desconcertante de que el SARS2 no ha cambiado desde que apareció por primera vez en humanos, no lo hizo. necesita porque ya podría atacar a las células humanas de manera eficiente. Sin embargo, un problema con esta idea es que si el SARS2 saltó de murciélagos a personas en un solo salto y no ha cambiado mucho desde entonces, aún debería ser bueno para infectar murciélagos. Y parece que no lo es.

"Las especies de murciélagos analizadas están poco infectadas por el SARS-CoV-2 y, por lo tanto, es poco probable que sean la fuente directa de infección humana", escribe un grupo científico escéptico de la emergencia natural.

Aún así, Robertson puede estar en algo. Los coronavirus de murciélago de las cuevas de Yunnan pueden infectar a las personas directamente. En abril de 2012, seis mineros que limpiaban el guano de murciélago de la mina Mojiang contrajeron una neumonía grave con síntomas similares al COVID-19 y tres finalmente murieron. Un virus aislado de la mina de Mojiang, llamado RaTG13, sigue siendo el pariente conocido más cercano del SARS2.

Mucho misterio rodea el origen, los informes y la afinidad extrañamente baja de RaTG13 por las células de murciélago, así como la naturaleza de ocho virus similares que Shi informa que recopiló al mismo tiempo pero que aún no ha publicado a pesar de su gran relevancia para la ascendencia del SARS2. Pero todo eso es una historia para otro momento. El punto aquí es que los virus de los murciélagos pueden infectar a las personas directamente, aunque solo en condiciones especiales.

Entonces, ¿quién más, además de los mineros que excavan guano de murciélago, entra en contacto particularmente cercano con los coronavirus de murciélago? Bueno, los investigadores del coronavirus lo hacen. Shi dice que ella y su grupo recolectaron más de 1.300 muestras de murciélagos durante unas ocho visitas a la cueva de Mojiang entre 2012 y 2015, y sin duda hubo muchas expediciones a otras cuevas de Yunnan.

Imagínese a los investigadores haciendo viajes frecuentes de Wuhan a Yunnan y viceversa, removiendo guano de murciélago en cuevas y minas oscuras, y ahora comienza a ver un posible eslabón perdido entre los dos lugares. Los investigadores podrían haberse infectado durante sus viajes de recolección o mientras trabajaban con los nuevos virus en el Instituto de Tecnología de Wuhan. El virus que escapó del laboratorio habría sido un virus natural, no uno cocinado por ganancia de función.

La tesis del directo de los murciélagos es una quimera entre los escenarios de emergencia natural y escape del laboratorio. Es una posibilidad que no se puede descartar. Pero en contra están los hechos de que 1) tanto el SARS2 como el RaTG13 parecen tener solo una débil afinidad por las células de murciélago, por lo que no se puede estar completamente seguro de que ninguno de los dos vio el interior de un murciélago; y 2) la teoría no es mejor que el escenario de emergencia natural para explicar cómo el SARS2 obtuvo su sitio de escisión de furina, o por qué el sitio de escisión de furina está determinado por codones de arginina preferidos por humanos en lugar de por codones preferidos por murciélagos.

Donde estamos tan lejos

Aún no se pueden descartar ni la hipótesis de la emergencia natural ni la del escape de laboratorio. Todavía no hay evidencia directa de ninguno de los dos. Por tanto, no se puede llegar a ninguna conclusión definitiva.

Dicho esto, la evidencia disponible se inclina más en una dirección que en la otra. Los lectores formarán su propia opinión. Pero me parece que los defensores del escape de laboratorio pueden explicar todos los hechos disponibles sobre el SARS2 considerablemente más fácilmente que aquellos que favorecen la emergencia natural.

Está documentado que los investigadores del Instituto de Virología de Wuhan estaban realizando experimentos GOF diseñados para hacer que los coronavirus infecten células humanas y ratones humanizados. Este es exactamente el tipo de experimento del que podría haber surgido un virus similar al SARS2. Los investigadores no estaban vacunados contra los virus en estudio y estaban trabajando en las condiciones mínimas de seguridad de un laboratorio BSL2. De modo que el escape de un virus no sería nada sorprendente. En toda China, la pandemia estalló en la puerta del instituto de Wuhan. El virus ya estaba bien adaptado a los humanos, como se esperaba de un virus cultivado en ratones humanizados. Poseía una mejora inusual, un sitio de escisión de furina, que no está poseído por ningún otro beta-coronavirus relacionado con el SARS conocido, y este sitio incluía un codón doble de arginina también desconocido entre los beta-coronavirus. ¿Qué más evidencia podría desear, además de los registros de laboratorio actualmente inalcanzables que documentan la creación del SARS2?

Los defensores de la emergencia natural tienen una historia bastante más difícil de contar. La verosimilitud de su caso se basa en una sola suposición, el paralelo esperado entre la aparición del SARS2 y el de SARS1 y MERS. Pero aún no ha surgido ninguna de las pruebas esperadas en apoyo de una historia tan paralela. Nadie ha encontrado la población de murciélagos que fue la fuente del SARS2, si es que alguna vez infectó a los murciélagos. No se ha presentado ningún huésped intermedio, a pesar de una búsqueda intensiva por parte de las autoridades chinas que incluyó la prueba de 80.000 animales. No hay evidencia de que el virus realice múltiples saltos independientes desde su huésped intermedio a las personas, como lo hicieron los virus SARS1 y MERS.

No hay evidencia de los registros de vigilancia hospitalaria de que la epidemia esté cobrando fuerza en la población a medida que evolucionó el virus. No hay explicación de por qué debería estallar una epidemia natural en Wuhan y en ningún otro lugar. No hay una buena explicación de cómo el virus adquirió su sitio de escisión de furina, que no posee ningún otro coronavirus beta relacionado con el SARS, ni por qué el sitio está compuesto por codones preferidos por los humanos. La teoría de la emergencia natural lucha contra una serie erizada de inverosimilitudes.

Los registros del Instituto de Virología de Wuhan ciertamente contienen mucha información relevante. Pero parece poco probable que las autoridades chinas los liberen dada la gran posibilidad de que incriminen al régimen en la creación de la pandemia. En ausencia de los esfuerzos de algún informante chino valiente, es posible que ya tengamos a mano casi toda la información relevante que probablemente obtengamos por un tiempo.

Por lo tanto, vale la pena intentar evaluar la responsabilidad de la pandemia, al menos de manera provisional, porque el objetivo primordial sigue siendo prevenir otra. Incluso aquellos que no están convencidos de que el escape del laboratorio es el origen más probable del virus SARS2 pueden ver motivos de preocupación sobre el estado actual de la regulación que rige la investigación del GOF. Hay dos niveles obvios de responsabilidad: el primero, permitir que los virólogos realicen experimentos GOF, ofreciendo una ganancia mínima y un gran riesgo; el segundo, si es que el SARS2 se generó en un laboratorio, para permitir que el virus escapara y desencadenara una pandemia mundial. Aquí están los jugadores que parecen más merecedores de culpa.

1. Virólogos chinos

En primer lugar, los virólogos chinos son los culpables de realizar experimentos GOF en condiciones de seguridad principalmente de nivel BSL2 que eran demasiado laxas para contener un virus de infecciosidad inesperada como el SARS2. Si el virus se escapó de su laboratorio, se merecen la censura mundial por un accidente previsible que ya ha causado la muerte de 3 millones de personas. Es cierto que Shi fue entrenado por virólogos franceses, trabajó en estrecha colaboración con virólogos estadounidenses y estaba siguiendo las reglas internacionales para la contención de coronavirus. Pero podía y debería haber hecho su propia evaluación de los riesgos que corría. Ella y sus colegas tienen la responsabilidad de sus acciones.

He estado usando el Instituto de Virología de Wuhan como una abreviatura de todas las actividades virológicas en Wuhan. Es posible que el SARS2 se generó en algún otro laboratorio de Wuhan, quizás en

un intento de hacer una vacuna que funcionara contra todos los coronavirus. Pero hasta que se aclare el papel de otros virólogos chinos, Shi es la cara pública del trabajo chino sobre los coronavirus, y provisionalmente ella y sus colegas serán los primeros en la fila para el oprobio.

2. Autoridades chinas

Las autoridades centrales de China no generaron el SARS2, pero ciertamente hicieron todo lo posible para ocultar la naturaleza de la tragedia y la responsabilidad de China por ella. Suprimieron todos los registros del Instituto de Virología de Wuhan y cerraron sus bases de datos de virus. Publicaron un goteo de información, gran parte de la cual puede haber sido completamente falsa o diseñada para desviar y engañar. Hicieron todo lo posible para manipular la investigación de la OMS sobre los orígenes del virus y llevaron a los miembros de la comisión a una carrera infructuosa. Hasta ahora han demostrado mucho más interés en desviar la culpa que en tomar las medidas necesarias para prevenir una segunda pandemia.

3. La comunidad mundial de virólogos

Los virólogos de todo el mundo son una comunidad profesional unida. Escriben artículos en las mismas revistas. Asisten a las mismas conferencias. Tienen intereses comunes en buscar fondos de los gobiernos y no estar sobrecargados con regulaciones de seguridad.

Los virólogos conocían mejor que nadie los peligros de la investigación del GOF. Pero el poder de crear nuevos virus y la financiación de la investigación que se podía obtener al hacerlo eran demasiado tentadores. Siguió adelante con los experimentos de GOF. Presionaron contra la moratoria impuesta a la financiación federal para la investigación del GOF en 2014 y se planteó en 2017.

Hasta ahora, los beneficios de la investigación para prevenir futuras epidemias han sido nulos y los riesgos son enormes. Si la investigación sobre los virus SARS1 y MERS solo pudiera realizarse en el nivel de seguridad BSL3, seguramente sería ilógico permitir cualquier trabajo con nuevos coronavirus en el nivel menor de BSL2. Tanto si el SARS2 se escapó de un laboratorio como si no, los virólogos de todo el mundo han estado jugando con fuego.

Su comportamiento ha alarmado durante mucho tiempo a otros biólogos. En 2014, los científicos que se autodenominan el Grupo de Trabajo de Cambridge pidieron cautela al crear nuevos virus. En palabras proféticas, especificaron el riesgo de crear un virus similar al SARS2. "Los riesgos de accidentes con 'patógenos pandémicos potenciales' de nueva creación plantean nuevas preocupaciones graves", escribieron. "La creación en el laboratorio de cepas novedosas y altamente transmisibles de virus peligrosos, especialmente, entre otros, la influenza, plantea riesgos sustancialmente mayores. Una infección accidental en un entorno así podría desencadenar brotes que serían difíciles o imposibles de controlar".

Cuando los biólogos moleculares descubrieron una técnica para mover genes de un organismo a otro, celebraron una conferencia pública en Asilomar en 1975 para discutir los posibles riesgos. A pesar de la gran oposición interna, redactaron una lista de estrictas medidas de seguridad que podrían flexibilizarse en el futuro, y lo hicieron debidamente, cuando se hubieran evaluado mejor los posibles peligros. Cuando se inventó la técnica CRISPR para editar genes, los biólogos convocaron un informe conjunto de las academias nacionales de ciencia de EE. UU., El Reino Unido y China para instar a que se restringieran los cambios hereditarios en el genoma humano. Los biólogos que inventaron los impulsos genéticos también han sido abiertos sobre los peligros de su trabajo y han tratado de involucrar al público. Se podría pensar que la pandemia del SARS2 estimularía a los virólogos a reevaluar los beneficios de la investigación del GOF, incluso para involucrar al público en sus deliberaciones. Pero no. Muchos virólogos se burlan del escape de laboratorio como una teoría de la conspiración y otros no dicen nada. Se han atrincherado detrás de un muro de silencio chino que hasta ahora está funcionando bien para calmar, o al menos posponer, la curiosidad de los periodistas y la ira del público. Las profesiones que no pueden regularse a sí mismas merecen ser reguladas por otros, y este parece ser el futuro que los virólogos están eligiendo para sí mismos.

4. El papel de Estados Unidos en la financiación del Instituto de Virología de Wuhan

Desde junio de 2014 hasta mayo de 2019, la EcoHealth Alliance de Daszak recibió una subvención del Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas (NIAID), parte de los Institutos Nacionales de

Salud, para realizar una investigación de GOF con coronavirus en el Instituto de Virología de Wuhan. Independientemente de si el SARS2 es producto de esa investigación o no, parece una política cuestionable dedicar la investigación de alto riesgo a laboratorios extranjeros inseguros utilizando precauciones de seguridad mínimas. Y si el virus SARS2 realmente escapó del instituto de Wuhan, entonces los NIH se encontrarán en la terrible posición de haber financiado un experimento desastroso que provocó la muerte de más de tres millones en todo el mundo, incluidos más de medio millón de los suyos. los ciudadanos.

La responsabilidad del NIAID y los NIH es aún más aguda porque durante los primeros tres años de la subvención a EcoHealth Alliance hubo una moratoria en la financiación de la investigación del GOF. Por lo tanto, ¿por qué las dos agencias no detuvieron la financiación federal como aparentemente lo requiere la ley? Porque alguien escribió una laguna en la moratoria.

La moratoria prohibió específicamente la financiación de cualquier investigación del GOF que aumentara la patogenicidad de los virus de la gripe, el MERS o el SARS. Pero luego, una nota a pie de página en la página dos del documento de la moratoria establece que "Se puede obtener una excepción a la pausa de la investigación si el director de la agencia de financiamiento del Gobierno de los Estados Unidos determina que la investigación es urgentemente necesaria para proteger la salud pública o la seguridad nacional".

Esto parece significar que el director del NIAID, el Dr. Anthony Fauci, o el director del NIH, el Dr. Francis Collins, o tal vez ambos, habrían invocado la nota al pie para mantener el flujo de dinero hacia la investigación del GOF de Shi.

"Desafortunadamente, el director del NIAID y el director de los NIH aprovecharon esta laguna jurídica para emitir exenciones a los proyectos sujetos a la pausa, afirmando absurdamente que la investigación exenta era 'urgentemente necesaria para proteger la salud pública o la seguridad nacional', anulando así la pausa", dijo Ebright en una entrevista con Independent Science News.

Cuando terminó la moratoria en 2017, no solo desapareció, sino que fue reemplazada por un sistema de informes, el Marco de Control y Supervisión de Patógenos Pandémicos Potenciales (P3CO), que requería que las agencias informaran para su revisión cualquier trabajo peligroso del GOF que desearan financiar. Según Ebright, tanto Collins como Fauci "se han negado a señalar y presentar propuestas para la revisión de riesgos y beneficios, anulando así el Marco P3CO".

En su opinión, los dos funcionarios, al lidiar con la moratoria y el subsiguiente sistema de presentación de informes, "han frustrado sistemáticamente los esfuerzos de la Casa Blanca, el Congreso, los científicos y los especialistas en políticas científicas para regular las investigaciones de interés del GoF [GOF]". Posiblemente los dos funcionarios tuvieron que tomar en cuenta asuntos que no son evidentes en el registro público, como cuestiones de seguridad nacional. Quizás la financiación del Instituto de Virología de Wuhan, que se cree que tiene vínculos con virólogos militares chinos, proporcionó una ventana a la investigación de la guerra biológica china. Pero independientemente de las otras consideraciones que pudieran haber estado involucradas, la conclusión es que los Institutos Nacionales de Salud estaban apoyando la investigación del GOF, de un tipo que podría haber generado el virus SARS2, en un laboratorio extranjero sin supervisión que estaba trabajando en condiciones de bioseguridad BSL2. La prudencia de esta decisión puede ser cuestionada, sea o no el resultado del SARS2 y la muerte de 3 millones de personas.

En conclusión

Si el caso de que el SARS2 se haya originado en un laboratorio es tan importante, ¿por qué no es más conocido? Como ahora puede resultar obvio, hay muchas personas que tienen motivos para no hablar de ello. La lista la encabezan, por supuesto, las autoridades chinas. Pero los virólogos de EE. UU. Y Europa no tienen mucho interés en iniciar un debate público sobre los experimentos del GOF que su comunidad ha estado llevando a cabo durante años.

Tampoco otros científicos han dado un paso adelante para plantear el problema. Los fondos de investigación del gobierno se distribuyen con el asesoramiento de comités de expertos científicos procedentes de universidades. Cualquiera que mueva el barco al plantear cuestiones políticas incómodas corre el riesgo de que no se renueve su subvención y se ponga fin a su carrera investigadora. Quizás el

buen comportamiento sea recompensado con las muchas ventajas que se derraman en el sistema de distribución.

Y si pensó que Andersen y Daszak podrían haber borrado su reputación de objetividad científica después de sus ataques partidistas en el escenario de escape del laboratorio, mire el segundo y tercer nombre en esta [lista de beneficiarios](#) de una subvención de \$82 millones anunciada por el Instituto Nacional de Alergia y enfermedades infecciosas en agosto de 2020.

El gobierno de EE.UU. Comparte un extraño interés común con las autoridades chinas: ninguno está interesado en llamar la atención sobre el hecho de que el trabajo de Shi sobre el coronavirus fue financiado por los Institutos Nacionales de Salud de EE.UU. Uno puede imaginar la conversación entre bastidores en la que el gobierno chino dice: "Si esta investigación fue tan peligrosa, ¿por qué la financió, y también en nuestro territorio?" A lo que la parte estadounidense podría responder: "Parece que fuiste tú quien lo dejó escapar. ¿Pero realmente necesitamos tener esta discusión en público?"

Fauci es un antiguo servidor público que sirvió con integridad bajo el presidente Trump y ha retomado el liderazgo en la Administración Biden en el manejo de la epidemia de COVID. El Congreso, sin duda, es comprensible, puede tener poco apetito por arrastrarlo sobre las brasas por el aparente lapso de juicio al financiar la investigación del GOF en Wuhan.

A estos apretados muros de silencio hay que añadir el de los grandes medios de comunicación. Que yo sepa, ningún periódico o cadena de televisión importante ha proporcionado a los lectores una historia noticiosa en profundidad sobre el escenario de escape del laboratorio, como la que acaba de leer, aunque algunos han publicado breves editoriales o artículos de opinión.

Se podría pensar que cualquier origen plausible de un virus que ha matado a tres millones de personas merecería una investigación seria. O que valdría la pena investigar la sabiduría de continuar la investigación de GOF, independientemente del origen del virus. O que la financiación de la investigación del GOF por parte de los NIH y el NIAID durante una moratoria de dicha investigación merecería una investigación. ¿Qué explica la aparente falta de curiosidad de los medios?

La omertà de los virólogos es una de las razones. Los reporteros científicos, a diferencia de los reporteros políticos, tienen poco escepticismo innato sobre los motivos de sus fuentes; la mayoría considera que su papel consiste en gran parte en proporcionar la sabiduría de los científicos a las masas sucias. Entonces, cuando sus fuentes no ayudan, estos periodistas están perdidos.

Otra razón, quizás, es la migración de gran parte de los medios hacia la izquierda del espectro político. Debido a que el presidente Trump dijo que el virus se había escapado de un laboratorio de Wuhan, los editores le dieron poca credibilidad a la idea. Se unieron a los virólogos para considerar el escape del laboratorio como una teoría de la conspiración descartable. Durante la Administración Trump, no tuvieron problemas en rechazar la posición de los servicios de inteligencia de que no se podía descartar la fuga del laboratorio. Pero cuando Avril Haines, directora de Inteligencia Nacional del presidente Biden, dijo lo mismo, ella también fue ignorada en gran medida. Esto no quiere decir que los editores deberían haber respaldado el escenario de escape del laboratorio, simplemente que deberían haber explorado la posibilidad de manera completa y justa.

Las personas de todo el mundo que han estado prácticamente confinadas en sus hogares durante el último año podrían querer una mejor respuesta que la que les dan los medios de comunicación. Quizás uno emerja con el tiempo. Después de todo, cuantos más meses pasan sin que la teoría de la emergencia natural obtenga una pizca de evidencia de apoyo, menos plausible puede parecer. Quizás la comunidad internacional de virólogos llegue a ser vista como una guía falsa y egoísta. La percepción de sentido común de que una pandemia que estalla en Wuhan podría tener algo que ver con un laboratorio de Wuhan que está cocinando nuevos virus de máximo peligro en condiciones inseguras podría eventualmente desplazar la insistencia ideológica de que todo lo que dijo Trump no puede ser verdad. Y luego que comience el ajuste de cuentas.

Agradecimientos

La primera persona que analizó seriamente los orígenes del virus SARS2 fue Yuri Deigin, un empresario de biotecnología en Rusia y Canadá. En un [ensayo](#) largo y brillante, diseccionó la biología molecular del virus SARS2 y planteó, sin avalar, la posibilidad de que hubiera sido manipulado. El ensayo, publicado el

22 de abril de 2020, proporcionó una hoja de ruta para cualquiera que busque comprender los orígenes del virus. Deigin incluyó tanta información y análisis en su ensayo que algunos han dudado que pudiera ser el trabajo de un solo individuo y sugirieron que alguna agencia de inteligencia debe haberlo escrito. Pero el ensayo está escrito con mayor ligereza y humor de lo que sospecho que se encuentran en los informes de la CIA o la KGB, y no veo ninguna razón para dudar de que el Dr. Deigin es su único autor muy capaz.

En la estela de Deigin han seguido varios otros escépticos de la ortodoxia de los virólogos. Nikolai Petrovsky calculó qué tan estrechamente se une el virus SARS2 a los receptores ACE2 de varias especies y descubrió para su sorpresa que parecía optimizado para el receptor humano, lo que lo llevó a inferir que el virus podría haberse generado en un laboratorio. Alina Chan publicó un artículo que muestra que el SARS2 desde su primera aparición se adaptó muy bien a las células humanas.

Uno de los pocos científicos establecidos que ha cuestionado el rechazo absoluto de los virólogos a la fuga del laboratorio es Richard Ebright, quien ha advertido durante mucho tiempo sobre los peligros de la investigación del GOF. Otro es David A. Relman de la Universidad de Stanford. "A pesar de que abundan las opiniones sólidas, ninguno de estos escenarios puede descartarse o descartarse con seguridad con los hechos actualmente disponibles", escribió. Felicitaciones también a Robert Redfield, ex director de los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, quien le dijo a CNN el 26 de marzo que la causa "más probable" de la epidemia era "de un laboratorio", porque dudaba que un virus de murciélago pudiera convertirse en un patógeno humano extremo de la noche a la mañana, sin tardar en evolucionar, como parece ser el caso del SARS2.

Steven Quay, un médico-investigador, ha aplicado herramientas estadísticas y bioinformáticas a ingeniosas exploraciones del origen del virus, mostrando, por ejemplo, cómo los hospitales que reciben a los primeros pacientes se agrupan a lo largo de la línea de metro Wuhan N°2 que conecta al Instituto de Virología en un extremo. con el aeropuerto internacional en el otro, la cinta transportadora perfecta para distribuir el virus del laboratorio al mundo.

En junio de 2020, Milton Leitenberg publicó una encuesta preliminar de la evidencia que favorece el escape de laboratorio de la investigación del GOF en el Instituto de Virología de Wuhan. Muchos otros han contribuido con piezas importantes del rompecabezas. "La verdad es la hija", dijo Francis Bacon, "no de la autoridad, sino del tiempo". Los esfuerzos de personas como las mencionadas anteriormente son lo que lo hace así.

Los puntos de vista y opiniones expresados en este artículo pertenecen a los autores y no reflejan necesariamente los puntos de vista de Children's Health Defense.

*Nicholas Wade es un escritor científico y ha trabajado en el equipo de Nature, Science y, durante muchos años, en el New York Times.

Traducido automáticamente por Google Translate.

fuentes: <https://childrenshealthdefense.org/defender/origin-of-covid-people-or-nature/> y <https://nicholaswade.medium.com/origin-of-covid-following-the-clues-6f03564c038>