



## COVID-19: ¿PRODUCTO DE LABORATORIO?

### APORTACIONES DE LI-MENG YAN SOBRE EL ORIGEN DE LA PANDEMIA

MAR LLERA  
UNIVERSIDAD DE SEVILLA  
Diciembre 2020

*Este artículo ha sido realizado a partir de una larga entrevista personal con la Dra. Li-Meng Yan, documentada a través numerosas publicaciones en prensa internacional, revistas científicas, y portales de relevantes organismos públicos y privados.*

*La autora es profesora titular en la Universidad de Sevilla, donde coordina una línea de investigación sobre Asia Oriental. Desde 2015 ha viajado frecuentemente a Hong Kong y Taiwán, participando en múltiples iniciativas académicas y periodísticas, y colaborando como columnista en El Confidencial y eldiario.es. Durante 2017 y 2018 fue Taiwan Fellow del Ministerio de Asuntos Exteriores de Taiwán, y estuvo vinculada como investigadora posdoctoral a la National Chengchi University de Taipéi.*

# INDICE

JUSTIFICACIÓN .....	p. 4
INTRODUCCIÓN .....	p. 5
ENTRE LABORATORIOS ANDA EL JUEGO .....	p. 6
EL <i>SHARP POWER</i> CHINO Y LA CONNIVENCIA DE CIENTÍFICOS OCCIDENTALES .....	p.11
AFÁN DE LUCRO Y CONFLICTOS DE INTERÉS .....	p.15
EL PRIMER INFORME YAN .....	p.17
LA CALIDAD CIENTÍFICA A DEBATE .....	p.18
IMPUGNACIONES, COINCIDENCIAS Y CONTRADICCIONES .....	p.19
INVESTIGACIONES EN ESPAÑA .....	p.22
BIOTECNOLOGÍA PARA CREAR EL SARS-COV-2 .....	p.29
¿SE PUEDE LLEGAR A ALGUNA CONCLUSIÓN? .....	p. 31
SÍNTESIS FINAL .....	p. 32

## JUSTIFICACIÓN

Las recientes declaraciones de la doctora Li-Meng Yan sobre los orígenes del virus SARS-CoV-2 como un producto de laboratorio que ha dado lugar a la actual pandemia constituyen un tema periodístico del máximo interés.

El hecho de que una persona individual que no ocupa ninguna posición de poder se haya atrevido a denunciar abiertamente, a cara descubierta y con elaborados razonamientos, a organizaciones y científicos concretos como responsables de la COVID-19 merece, sin ninguna duda, escrutinio. Zanjear el debate con el argumento de que todo es un bulo podría resultar en una nueva forma de censura, tan patética y autoritaria como cualquier otra.

No olvidemos que esta denuncia tiene un valor diferencial: se enfrenta nada menos que a la dictadura china, segunda potencia mundial, y como veremos, implica también a relevantes organizaciones norteamericanas. En definitiva: es un desafío en toda regla al *statu quo*.

Cualesquiera sean sus motivaciones últimas, constituye un hecho incuestionable que Li-Meng Yan acaba de perder su familia, su trabajo y su libertad por llevar a cabo esta denuncia. A nadie escapa que, además, se está jugando la vida.

Aunque sólo fuera por esto, y porque esto lo hace una mujer, a mí me suscita un profundo respeto. Y un interés, como periodista e investigadora académica, del que doy cuenta en las siguientes páginas.

## INTRODUCCIÓN

La reciente irrupción de **Li-meng Yan**, científica china que denuncia el SARS-CoV-2 como un producto de laboratorio, ha causado un gran escándalo mediático. Quienes se han hecho eco de sus tesis –entre ellos, la cadena estadounidense **FOX** y el programa de **Iker Jiménez** en la cadena española **Tele Cinco-**, han recibido un alud de críticas por dar voz a una “teoría conspiracionista”. Para muchos, prueba irrefutable de su carácter “fake” es el respaldo que le presta la **Rule of Law Foundation**, del polémico magnate y opositor chino **Miles Guo**, y del asimismo controvertido **Steve Bannon**, próximo a la figura de **Donald Trump**. A esto hay que sumar la demoledora crítica de una parte de la comunidad científica, que ha recibido notable eco en plataformas antibulo como **Newtral, Maldita** o **Verificat**.

En los últimos años y hasta abril de 2020, Li-meng Yan ha trabajado como investigadora posdoctoral en la **Escuela de Salud Pública de la Universidad de Hong Kong**.<sup>1</sup> Su formación académica procede del campo de la medicina, y más concretamente de la oftalmología. En 2015 Yan recibió una invitación del prestigioso virólogo **Malik Peiris** para incorporarse a su equipo del **Instituto Pasteur** en la Universidad de Hong Kong, dedicado al estudio de virus relacionados con diversos tipos de gripe, de ahí su vinculación con la mencionada escuela.

En abril de 2020, Li-meng Yan huyó a Estados Unidos gracias al apoyo de la *Rule of Law Foundation*, porque temía por su vida tras haber alertado a sus superiores de que existían claros indicios de transmisión del SARS-CoV-2 *persona a persona*, además de graves deficiencias en la gestión de la pandemia por parte de las autoridades chinas. Los responsables del laboratorio no sólo no actuaron en consonancia con las advertencias de la doctora, sino que le recomendaron guardar silencio y no cruzar ninguna línea roja, porque corría el riesgo de desaparecer como tantos otros *whistleblowers* en China.

**P.-“Bannon es un personaje muy cuestionado, con muy mala prensa. ¿Podrías hablarme de tu relación con él y con su organización?”.**

**R.-“Yo no había tenido ningún contacto con Miles Guo ni Steve Bannon antes de mi huida. Acudí a su fundación por recomendación del bloguero disidente Lu De, que reside en Estados Unidos. Deseché la idea de refugiarme en la embajada norteamericana porque algunos activistas hongkoneses han sido detenidos a sus puertas. Pero mi vinculación con Bannon y Guo ha sido completamente circunstancial”.**

---

<sup>1</sup> Division of Public Health Laboratory Sciences, School of Public Health, LKS Faculty of Medicine, Hong Kong University.

Desde su particular exilio, Li-meng Yan ha publicado dos informes (versión *preprint*) en el repositorio Zenodo, con el patrocinio de la *Rule of Law Society* y la *Rule of Law Foundation*, anteriormente mencionada. El primero ofrece una exposición ordenada y argumentada del origen del virus SARS-CoV-2, con abundantes evidencias, datos, gráficos y referencias a otras investigaciones. Sin embargo, una parte muy relevante de la comunidad académica ha desechado de plano sus argumentos, sosteniendo que no son científicos.

El segundo informe completa la perspectiva con una sucesión de indicios y sospechas sobre cómo se han falseado los datos acerca del SARS-CoV-2. De su formato se deduce que la autora posee un conocimiento directo de los investigadores y las prácticas presuntamente fraudulentas que constituyen su objeto de consideración. El título de este trabajo ha provocado todavía un mayor escándalo que el primero: “*El SARS-CoV-2 es un arma biológica sin restricciones: Una verdad revelada a través del descubrimiento de un fraude científico organizado a gran escala*” (*SARS-CoV-2 Is an Unrestricted Bioweapon: A Truth Revealed through Uncovering a Large-Scale, Organized Scientific Fraud*). El tenor de las aseveraciones de Yan y sus colegas es de tal alcance y gravedad que, si bien no debería desestimarse, merece una prudente consideración.

## **ENTRE LABORATORIOS ANDA EL JUEGO**

El laboratorio de Yan en la Universidad de Hong Kong (**Division of Public Health Laboratory Science**) es uno de los 13 centros de referencia internacional que la [Organización Mundial de la Salud](#) (OMS) ha elegido para su programa *Global Influenza Surveillance Network (GISN)*, desplegado a partir de la epidemia SARS que asoló a China 2003. Este país posee en total tres laboratorios de este tipo. Su [principal función](#) es “recoger especímenes y/o aislar virus A(H5N1) y de otros tipos de *influenza* capaces de infectar a los humanos” y ponerlos a disposición de la organización “con el objetivo de seleccionar, desarrollar y distribuir virus para crear vacunas frente a potenciales pandemias”, además de ofrecer asistencia técnica a los países afectados.

La posición de liderazgo de China en la investigación sobre la *influenza*, debido fundamentalmente a la crisis de 2003, le ofrece una significativa ventaja en cuanto a recursos de investigación y capital cognitivo. Esto explica que en la coyuntura actual el grueso de la comunidad científica esté trabajando sobre el SARS-CoV-2 a partir de estudios y materiales proporcionados por científicos chinos:

**.-“Tras la irrupción del SARS en 2003, China es el país que más ha avanzado en la investigación sobre coronavirus. Nuestros laboratorios**

ostentan el liderazgo en esta materia. Muchos científicos estadounidenses y europeos desarrollan sus análisis sobre las evidencias que nosotros les proporcionamos” –sostiene Yan, quien destaca como figuras claves en su laboratorio a tres científicos: **Malik Peiris, Leo Poon y Keiji Fukuda:**

-“Con Malik Peiris he mantenido una relación personal, porque es amigo de mi marido. Se trata de un científico de gran prestigio, que descubrió el funcionamiento del virus SARS de 2003. Yo no soy quién para juzgarle, pero resulta revelador [que dimitiera como co-director del equipo de investigación del Instituto Pasteur en la Universidad de Hong Kong nada más conocer mi huida.](#) En mi laboratorio, Malik ha llevado a cabo experimentos que no están legalmente permitidos. Aunque podía haber solicitado permiso para llevarlos a cabo, no lo hizo. ¿Por qué?

Se trata de una figura próxima al Partido Comunista Chino; ha colaborado con sus autoridades para controlar la narrativa sobre el origen de la pandemia y ocultar información relevante. Su papel ha sido clave en la campaña de comunicación y propaganda del régimen, porque muchos investigadores internacionales no se fían de las instituciones chinas, pero sí se fían de Malik y de su laboratorio en Hong Kong. Quizá por eso no se atrevió a firmar el ‘manifiesto’ de Peter Daszak en la revista *The Lancet* a favor del origen natural del virus. Al poco tiempo, Malik dimitió de su cargo como co-director del laboratorio. Keiji Fukuda tampoco firmó y fue destituido como decano de la escuela a la que nuestro centro está vinculado. El Partido Comunista Chino no confía en él, entre otras cosas porque tiene origen japonés y pasaporte norteamericano. No está seguro de tenerlo controlado. El único que firmó el manifiesto en *The Lancet* fue Leo Poon, que es quien ha reemplazado a Malik como director del equipo”.

Sobre la responsabilidad concreta de estos científicos en la expansión de la epidemia, Yan mantiene lo siguiente:

.-“En diciembre de 2019 ya se tenía constancia de la transmisión del virus de persona a persona, porque se habían detectado *family clusters*, infecciones grupales en el seno de las familias, lo cual constituye un claro indicador al respecto. Yo recibí información el día 31 de ese mismo mes y la transmití a los responsables del laboratorio, pero se encogieron de hombros”.

La CNN ha ratificado las sospechas de Li-Meng Yan al sacar a la luz [The Wuhan Files](#), 117 páginas de documentos filtrados procedentes del Hubei Provincial Center for Disease Control and Prevention donde se pone de manifiesto la opacidad del régimen chino y su deficiente gestión de los estadios iniciales de la pandemia.

El 9 de enero, la división del Pacífico Occidental de la Organización

Mundial de la Salud (OMS) publicó [en su web](#) y [difundió a través de Twitter](#) lo siguiente: “Según las autoridades chinas, el virus en cuestión puede causar una grave enfermedad en algunos pacientes y no se transmite fácilmente entre personas”. La transmisión entre humanos no fue reconocida hasta el 20 de enero, una demora que favoreció la expansión nacional e internacional de la epidemia.

En esta trama de desinformación y ocultamiento, ha desempeñado un papel crucial el Centro de Enfermedades Infecciosas Emergentes vinculado al *Instituto de Virología de Wuhan* (CEIE-IVW) y dirigido por [Zhengli Shi](#), “la mujer murciélago” –llamada así por su larga trayectoria de investigación sobre coronavirus en estos animales. El IVW es uno del selecto grupo de laboratorios mundiales con el máximo nivel de bioseguridad (*Biosafety-level-4: BSL-4*). Su directora [se ha exonerado a sí misma de toda responsabilidad ante la televisión oficial del régimen chino CGTN](#), pero tanto ella como su equipo han declinado responder a las cuestiones planteadas desde [la revista Nature](#), más específicas y, por tanto, más difíciles de responder. Por otra parte, el [New York Post](#) se ha hecho eco de que la base de datos del CEIE-IVW fue sustancialmente alterada el 30 de diciembre de 2019, víspera de la fecha en que la OMS recibió información del brote de Wuhan. Semanas más tarde, el 3 de febrero de 2020, Zhengli Shi publicó un [artículo](#) que aporta evidencias a favor del origen natural del SARS-CoV-2. Este trabajo ha servido de referencia a la comunidad científica, marcando las directrices de investigaciones posteriores.

**.-“El gobierno chino ha utilizado su prestigio para presentarla como una fuente creíble desde la irrupción de la pandemia. Shi ha fabricado pruebas falsas a fin de encubrir la verdad, confundiendo a la comunidad científica respecto de los orígenes del SARS-Covid-2. Pero ella no es la principal responsable de esta operación, es una pieza subordinada a la jerarquía del régimen. Y sabe que, si en algún momento tiene que rodar alguna cabeza, la suya será la primera. Por eso se ha lanzado a publicar todo tipo de ‘fabricaciones’ que la exoneran de su responsabilidad criminal”.**

Yan pone el foco de atención en el virus RaTG13, una falsificación de Shi para desviar la atención sobre el verdadero origen de la COVID-19: **“Nadie ha visto ninguna muestra real de tal virus. No podemos saber si existe, porque lo único que nos ha llegado es la secuenciación de su genoma”.**

Prueba de la importancia de este virus es un [artículo](#) del reputado científico **Li Fang** (Univ. Minnesota, USA), bajo el título: “Bases estructurales del reconocimiento de receptor por parte del SARS-CoV-2” (*Structural basis of receptor recognition by SARS-CoV-2*). El texto, que apareció en la revista *Nature* el 30 de marzo de 2020, parte de los datos proporcionados por Zhengli Shi en torno al virus RaTG13 para sostener



que es ahí donde se encuentra el origen proximal del virus que desencadenó la COVID-19. De este modo se diluye la atención que merecen los coronavirus de murciélago de Zhoushan (ZXC21 Y ZC45), que la propia OMS reconoció como los más cercanos al SARS-CoV-2 tras su primera visita a Wuhan y que según el informe Yan fueron utilizados como “plantillas” o ejes vertebrales para el diseño del SARS-CoV-2 en un laboratorio.

Li-Meng Yan sostiene que los responsables últimos de la irrupción de la COVID-19 van más allá de Zhengli Shi y sus colegas en Wuhan. Apunta a una responsabilidad compartida por los altos cargos del régimen chino y pone el foco en el estamento militar. En un nivel de intermediación entre las autoridades y la comunidad científica sitúa al virólogo [Linfa Wang](#), de quien destaca una temprana relación con el Partido Comunista Chino. Wang actualmente preside el comité científico del *Instituto de Virología de Wuhan (IVW)*, y es miembro de múltiples comités de la OMS dedicados a la COVID-19. Además, dirige el programa de Enfermedades Infecciosas Emergentes en la **Duke-NUS Medical School** de Singapur.

Este prestigioso científico ha estudiado a los murciélagos durante casi tres décadas, demostrando que sus organismos constituyen auténticos reservorios de virus. Fue él quien en 1994 logró secuenciar el virus de Hendra y más tarde el virus Nipah, poniendo de manifiesto el papel de los murciélagos en su transmisión. En 2003, ante la irrupción del SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*), la Organización Mundial de la Salud le encomendó investigar el origen de la epidemia. Para ello, Wang contó con la colaboración de Zhengli Shi, del laboratorio de Wuhan, aunque existen indicios de que [la relación entre Wang y Shi va más allá de lo estrictamente profesional](#). En 2004, a través de una investigación conjunta dada a conocer por la revista *Science*, ambos científicos demostraron que los murciélagos-herradura son el reservorio natural de los coronavirus de la familia SARS.

Muchos estudios de Linfa Wang y su equipo han sido respaldados por [EcoHealth Alliance \(EHA\)](#), una organización no gubernamental internacional con sede en Nueva York, presidida por [Peter Daszak](#). “EcoHealth Alliance lidera la investigación de vanguardia sobre la relación entre salud humana, vida silvestre y ecosistemas vulnerables. Con esta ciencia se desarrollan soluciones que previenen pandemias” – explica la organización en su web. EHA trabaja en una treintena de países, entre ellos China y el sudeste asiático, debido a que tal región abunda en patógenos responsables de enfermedades infecciosas emergentes como el SARS. La entidad ha recibido fondos de múltiples organismos del más alto nivel, entre ellos la [U.S. Agency for International Development \(USAID\)](#) y el [National Institute for Allergy and Infectious Diseases \(NIAID\)](#), que depende de los *National Institutes of Health*

vinculados al gobierno de Estados Unidos.

A raíz de la irrupción de la pandemia, Daszak fue una de las primeras personalidades científicas en pronunciarse sobre el origen del virus. A través de su [correspondencia](#), se ha conocido cómo montó una campaña de apoyo a científicos chinos con los que ha estado “colaborando durante años”, que desde el inicio de la crisis sanitaria global son “el objetivo de teorías conspiracionistas”. El 6 de febrero de 2020, el presidente de EHA escribió a un grupo de colegas<sup>2</sup> –entre ellos Linfa Wang y Ralph Baric-, pidiendo su colaboración para una recogida de firmas que debía aparecer públicamente como iniciativa espontánea de la comunidad científica. “Por favor, tened en cuenta que esta declaración no va a llevar el logo de *EcoHealth Alliance* y no va a ser identificable como procedente de ninguna persona u organización concretas; la idea es presentarnos como una comunidad de apoyo a nuestros colegas”. Entre los posibles firmantes se sugerían los nombres de Malik Peiris, Keiji Fukuda y Leo Poon, superiores de Li-Meng Yan en la citada Escuela de la Universidad de Hong Kong. Como apuntamos anteriormente, sólo Leo Poon se decidió a firmar. Los demás no lo hicieron, y poco después dimitieron de sus respectivos cargos.

La declaración que Daszak propuso suscribir a sus colegas sostenía lo siguiente: “El intercambio rápido, abierto y transparente de datos en 2019-nCoV (SARS-CoV-2) ahora se ve amenazado por rumores y desinformación sobre el origen de este brote. Estamos juntos para condenar enérgicamente las **teorías de la conspiración** que sugieren que 2019-nCoV (SARS-CoV-2) no tiene un origen natural. **La evidencia científica sugiere abrumadoramente que este virus se originó en vida silvestre, al igual que tantas otras enfermedades emergentes**”.

Aunque es cierto que desde hace años existen publicaciones científicas sobre la posibilidad de transmisión zoonótica (infección de humanos por parte de animales, incluidos los murciélagos), el contundente juicio de Daszak resulta a todas luces excesivo. La expresión “teorías de la conspiración” es más propia del sensacionalismo periodístico que del rigor que exige la ciencia. Por otra parte, una aseveración tan rotunda y poco matizada en un momento tan temprano de la pandemia, hace pensar en un posicionamiento *a priori* más que en una conclusión científicamente sustentada. Es elocuente, en este sentido, que **Linda Saif**, catedrática de la *Ohio State University*, sugiriera añadir algunas líneas justificando por qué no se trata de un producto de laboratorio:

---

<sup>2</sup> Dr. Jim Hughes, Professor Emeritus, Emory University  
Dr. Rita Colwell, former Director of National Science Foundation  
Dr. Ralph Baric, Professor, The University of North Carolina, Chapel Hill  
Dr. Linda Saif, Distinguished University Professor, The Ohio State University  
Dr. Billy Karesh, Executive Vice President, EcoHealth Alliance  
Dr. Linfa Wang, Professor, Duke-NUS Medical School  
Dr. Hume Field, Honorary Professor, The University of Queensland

“¡Esto parece esencial para refutar científicamente tales tesis!” – manifestó con énfasis en su correspondencia. Finalmente, no se consideró precisa una mayor especificidad porque se logró el respaldo público de los presidentes de las Academias Nacionales de Ciencia, Ingeniería y Medicina de Estados Unidos.

Sin embargo, todos sabían que se había ido demasiado lejos. Por ello, Daszak y su equipo ofrecieron una [intervención](#) muy distinta ante la 75ª Asamblea General de Naciones Unidas, convocada en julio de 2020: “Los orígenes del severo y agudo síndrome respiratorio coronavirus 2 (SARS-CoV-2) **están aún por determinar de manera definitiva**, pero la evidencia **hasta la fecha** apoya la **opinión** de que el SARS-CoV-2 es un virus de origen natural, más que el resultado de un diseño que ha salido de un laboratorio”.

Sobre las premisas que estamos presentando, el esclarecimiento del origen de la pandemia exige que se investigue la red completa de colaboradores regulares del *Instituto de Virología de Wuhan* (IVW). En ella se encuentran implicadas organizaciones y personalidades científicas occidentales del más alto nivel, lo cual puede explicar la connivencia de numerosos actores sociales de prestigio con la posición oficial de China.

## **EL SHARP POWER CHINO Y LA CONNIVENCIA DE CIENTÍFICOS OCCIDENTALES**

En las dos últimas décadas el régimen chino ha desarrollado una importante labor de atracción del talento occidental, captación de sus élites y colaboración tanto financiera como técnica con los mejores centros de investigación estadounidenses y europeos. La magnitud de esta sinergia es tal, que muchos científicos occidentales construyen sus carreras profesionales a partir de programas conjuntos con homólogos chinos y estrategias de cooperación a largo plazo sobre una lógica de beneficios compartidos –la célebre estrategia “win-win”–, de modo que lo que favorece a China, les favorece también a ellos, y lo mismo sucede con lo que le perjudica.

Uno de los aspectos menos conocidos por el gran público sobre las revelaciones de Yan es que éstas implican directamente a un significativo número de científicos vinculados a organizaciones occidentales, figuras de prestigio con gran capacidad de influencia a nivel mundial en las esferas política y académica. Li-Meng Yan menciona entre otros a [W. Ian Lipkin](#), autor de uno de los primeros artículos publicados en la revista *Nature* sobre el origen natural del SARS-CoV-2. Lipkin es catedrático de la *Mailman School of Public Health* de la Universidad de Columbia (Nueva York) y director del *NIAID Center for*

*Research in Diagnostics and Discovery & Center for Infection and Immunity*. Debido a su prestigio, ha recibido diversos galardones por parte de instituciones chinas y ha sido públicamente homenajeado por las autoridades del régimen. Hay indicios de que su discípula y colaboradora [Angela Rasmussen](#) recibió en su momento órdenes para arremeter contra el informe Yan, influyendo en las páginas de opinión de medios tan prestigiosos como el [New York Times](#).

**.-“Les invitan a dar conferencias o a dirigir programas en China. A veces no hacen nada objetivamente importante, pero reciben dinero, prestigio, recursos financieros para sus proyectos... y sexo. Es frecuente que en sus visitas los profesores visitantes varones sean acompañados por chicas estudiantes a las que se persuade para que ofrezcan sus ‘servicios’ a cambio de promoción académica”.**

La participación de recursos y científicos estadounidenses en los experimentos que se han llevado a cabo en Wuhan podría explicar el porqué de [los cables revelados por el Washington Post](#) al inicio de la pandemia, donde la embajada estadounidense advertía sobre la peligrosidad y la falta de seguridad con que el laboratorio chino desarrollaba su actividad. Parece evidente que, si Estados Unidos no hubiese tenido nada que ver con esos experimentos, los técnicos de la embajada no habrían podido realizar una inspección del laboratorio. La visita tuvo lugar el 27 de marzo de 2018 y el *Instituto de Virología de Wuhan* (IVW) dejó constancia de ella en su web, manteniéndola hasta principios de abril de 2020. Borró la referencia justo antes de que el Washington Post diera a conocer los mencionados cables.

Li-Meng Yan ha señalado de modo explícito la responsabilidad de [Anthony S. Fauci](#), uno de los mayores expertos mundiales en epidemiología, director de **NIH-NIAID** (*National Institute for Allergy and Infectious Diseases at National Institutes of Health*) y asesor de la Casablanca desde tiempos de Ronald Reagan hasta la actualidad. Recientemente, la revista [Newsweek](#) ha revelado sobre él y su organización informaciones inquietantes.

Fue Fauci quien en 2017 logró el fin de la moratoria impuesta por la administración estadounidense a los experimentos sobre *ganancia de función*. Ésta consiste en hacer los virus más peligrosos, infecciosos y fácilmente transmisibles, para conocer mejor su potencialidad, generando a partir de ahí vacunas y medicamentos con el fin de combatirlos. El levantamiento de la prohibición fue justificado a través del establecimiento de una comisión de evaluación de riesgos. Sin embargo, este organismo [ha sido fuertemente criticado](#) debido a la falta de transparencia con que desarrolla sus actividades.

Tras financiar con casi 4 millones de dólares, procedentes de fondos

públicos, estudios sobre coronavirus en murciélagos y en otros ámbitos de la vida silvestre, NIAID brindó una ayuda de cuantía similar al desarrollo de investigaciones sobre *ganancia de función*. Tanto el laboratorio de Zhengli Shi como la organización EcoHealth Alliance (EHA) se han beneficiado de estas ayudas. Sin embargo, el 24 de abril de 2020 NIH-NIAID canceló la financiación de los proyectos de EHA, que se encontraban todavía en curso. El hecho de que el dominio de unión al receptor (RBD) del SARS-CoV-2 SARS-CoV-2 se halle optimizado para unirse al receptor humano ACE2 fue juzgado un inquietante indicio. Recordemos que el objetivo declarado de las investigaciones de EHA con el apoyo NIH-NIAID era el siguiente: "Usaremos datos de la secuencia de la proteína S, tecnología de clones infecciosos, experimentos de infección *in vitro* y también *in vivo*, y análisis de la unión al receptor para probar la hipótesis de que unos determinados umbrales porcentuales de divergencia en secuencias de la proteína S predicen el potencial de propagación [de un virus]", es decir, su capacidad para infectar a los humanos.

A pesar del escándalo, EcoHealth Alliance consiguió que pocos meses después la NIH-NIAID le concediera [un nuevo subsidio por valor de 7,5 millones de dólares](#) para estudiar –entre otras cosas- la emergencia de coronavirus en el sudeste asiático, como organización vinculada a la red CREID (*Centers for Research in Emerging Infectious Diseases*).

Otro de los actores-clave en esta trama es [Ralph Baric](#), catedrático en la *Gillings School of Global Public Health* de la Universidad de Carolina del Norte en Chapel Hill. Los experimentos de Baric se remontan a un par de décadas, ya que con ocasión de la crisis SARS de 2003, su laboratorio desarrolló [un modo de manipular el genoma del virus](#) con el objetivo de estudiar sus efectos en los mecanismos de infección y replicación. Es un hecho de dominio público que Baric ha colaborado con **Zhengli Shi** y su centro en Wuhan, contando con financiación de EHA y NIAID. Ambos expertos han llevado a cabo experimentos de *ganancia de función* de virus, destinados a incrementar su virulencia y transmisibilidad, así como la amplitud de rango de sus hospedadores.

Como ya se ha apuntado, debido a su peligrosidad y a la presión de más de 200 científicos, los **National Institutes of Health** (NIAID) del gobierno estadounidense establecieron una moratoria para este tipo de experimentos entre 2014 y 2017, pero Baric logró soslayar el impacto de tal medida al trasladar sus experimentos al *Instituto de Virología de Wuhan* (IVW) gracias a la colaboración de Shi. En plena moratoria, el 12 de noviembre de 2015, **Declan Butler** publicó en el portal de la revista *Nature* un remarcable [artículo](#) sobre la controversia en torno a los riesgos de este tipo de prácticas. En él denunciaba la producción por parte del equipo de Baric de **una versión híbrida del coronavirus de**

**murciélago**, a partir de una proteína del virus SHC014 (habitual en los murciélagos) y el eje vertebral del virus SARS, adaptado para crecer en un ratón. Esta producción quimérica,<sup>3</sup> realizada con técnicas de ingeniería genética, se mostró **capaz de infectar las vías respiratorias humanas**, generando un potencial hasta ese momento desconocido en el SHC014 de los murciélagos. El entonces director de NIAID, Francis Collins, manifestó que, si bien dicha investigación era vital para fortalecer la seguridad biológica y las políticas de prevención frente a virus, se hacía necesaria una moratoria para evaluar su peligrosidad.

El experimento de Baric fue duramente reprobado por el virólogo [Simon Wain-Hobson](#), del Instituto Pasteur de París, quien advirtió que se había creado un virus que “crece significativamente bien” en células humanas, y que “si escapara, nadie podría predecir su trayectoria”. Además de arriesgada, Wain-Hobson subrayó que este tipo de investigación resulta poco funcional, pues apenas revela nada sobre el riesgo real de que el virus SHC014 en su estado natural, no manipulado, pase a los humanos a partir de murciélagos salvajes. Para infectarlos debería evolucionar de un modo muy particular e improbable, sobre el cual no existen evidencias en la realidad. De hecho, cuando el equipo de Baric reconstruyó la secuencia genómica del virus descubrió que éste apenas crecía en células humanas y que ni siquiera causaba patologías significativas en los ratones.

A partir de estas evidencias, [Richard Edbright](#), biólogo molecular y experto en [biodefensa](#) de la Universidad de Rutgers (NJ, USA), concluyó que “el único fruto de este trabajo es la generación de un riesgo nuevo y no natural en un laboratorio”. En una [entrevista con The Scientist](#) de noviembre de 2015, Edbright reveló que una investigación así podía tener consecuencias devastadoras para la raza humana y para muchos otros seres vivos. Por sorprendente que parezca, el propio Baric anticipó esta posibilidad y no pocos “admiran” su capacidad de “[haberse anticipado exactamente a lo que está sucediendo ahora con el coronavirus](#)”.

En un plano anecdótico pero significativo cabe remarcar la [nota](#) de los editores de la revista *Nature*, incorporada en marzo de 2020 al [artículo](#) que estamos comentando sobre el experimento de Ralph Baric en torno a la *ganancia de función*. La nota dice literalmente lo siguiente: “Somos conscientes de que esta información se está utilizando para sustentar teorías no verificadas sobre el coronavirus que causa la COVID-19, afirmando que es un producto de ingeniería genética. No existe evidencia para mantener que esto es cierto. Los científicos creen que lo más probable es que el coronavirus tenga origen animal”. Hay que

---

<sup>3</sup> En Biología reciben esta denominación los organismos que resultan de la combinación de células madre de diferentes especímenes.



hacer notar que esta aclaración resulta chocante e inusual en una revista científica. Pretende influir sobre el juicio que el público obtenga de la lectura de un artículo que previamente ha sido avalado por el comité científico de la revista como fiable. Además, resuelve de un modo simplificador y engañoso el actual debate en torno al origen de la pandemia, como explica el [trabajo](#) de David Cyranoski en *Nature* bajo el título: "Se intensifica el misterio sobre el origen animal del coronavirus" (*Mystery deepens over animal source of coronavirus*).

## AFÁN DE LUCRO Y CONFLICTOS DE INTERÉS

Un examen atento de las sinergias y las redes de relaciones entre científicos occidentales y chinos pone de manifiesto que sus objetivos no son sólo el desarrollo del saber y sus aplicaciones, junto con la búsqueda de fama o prestigio, sino también –y de un modo notorio- el afán de lucro.

El 29 de abril de 2020 Anthony S. Fauci, director de NIAID, [anunció](#) que las pruebas en torno a la eficacia del [Remdesivir](#) para combatir la COVID-19 estaban dando resultados positivos. Este medicamento ha sido desarrollado a través de un convenio académico-empresarial entre la compañía biofarmacéutica Gilead Sciences y **el laboratorio de Ralph Baric (Baric Lab)** vinculado a la Universidad de Carolina del Norte en Chapel Hill. [Médicos Sin Fronteras](#) y otras organizaciones civiles han alertado sobre la posibilidad de que Gilead Sciences monopolice la patente del remdesivir durante 20 años en más de 70 países, tras su aprobación por parte de la Administración de Alimentos y Medicamentos de Estados Unidos (FDA). Aunque la empresa dice haber renunciado a la "designación especial" que le permitiría llevar a cabo este monopolio, queda por comprobar si se compromete a no hacer cumplir sus patentes a nivel mundial. Los [medios de comunicación](#) se han hecho eco del escándalo que supone vender a 2.000 euros un medicamento cuya producción cuesta menos de 10 euros, teniendo en cuenta no sólo la gravedad de la crisis sanitaria global, sino la cantidad de recursos públicos que se están destinando a la investigación de las biofarmacéuticas.

Otro de los beneficiarios de la crisis es uno de los científicos más duros con el informe Yan en el portal del MIT, **Robert Gallo**, catedrático en la Universidad de Maryland (Baltimore) y co-descubridor del virus VIH. En 2009 Gallo [fue honrado por la Shangdong Academy of Medical Sciences de China con un instituto de virología a su nombre](#). Desde esa plataforma no sólo ha impulsado la actividad científica, sino también el beneficio económico. Nada más inaugurarse, el mencionado instituto constituyó una [joint venture](#) a través de un convenio con la Universidad

de Maryland y los laboratorios Roche (*Roche Diagnostics Asia Pacific*), para crear el primer centro chino de *Diagnóstico Molecular para la Atención Sanitaria Personalizada*. Resulta significativo que, a raíz de la pandemia, Roche haya conquistado una posición relevante en la [comercialización de pruebas diagnósticas](#).

El laboratorio de **Linfu Wang**, uno de los expertos a los que Yan acusa de connivencia con el Partido Comunista Chino, también se está lucrando con la crisis. Wang ha diseñado un test rápido de anticuerpos, denominado *cPass™*, que no requiere medidas especiales de bioseguridad, por lo que es accesible incluso a comunidades poco desarrolladas. El test está siendo comercializado por una multinacional biotecnológica, [GenScript Biotech Corporation, a través de un contrato que implica a la Duke-NUS y Diagnostics Development Hub \(DxD\) de la Agencia de Ciencia, Tecnología e Investigación de Singapur \(A\\*STAR\)](#). Esta alianza pone de relieve cómo la COVID-19 acelera la **confluencia entre investigación, negocio, política y control de la población**: "El sistema de detección serológica desarrollado por el profesor Wang es único, innovador y tiene muchas ventajas" –ha manifestado Li Zhu, director de estrategia de *GenScript*. "La detección de anticuerpos neutralizantes determina quién puede volver de manera segura al trabajo o a la vida social, lo cual es extremadamente útil para llevar a cabo **una vigilancia rápida y fiable** sobre la inmunidad al virus". No se conoce la verdadera causa por la que en septiembre de 2020 fuerzas policiales chinas irrumpieron en las oficinas de *GenScript* en Nanjing y Zhenjiang, interrogaron a sus empleados y detuvieron a su presidente, alegando presuntas irregularidades en materia de importación y exportación, lo cual ocasionó una abrupta caída de su cotización en bolsa.

Respecto del presidente de *EcoHealth Alliance*, **Peter Daszak**, anteriormente mencionado, hay que destacar cómo ha reforzado su posición de poder. Daszak forma parte de la **Comisión COVID-19 de la revista *Lancet***, creada en julio de 2020 para asistir a los gobiernos, las organizaciones civiles y la ONU en la lucha contra la pandemia. Esta lucha se está planteando **más allá de lo estrictamente sanitario**: abarca ámbitos tan amplios y dispares como el **financiero, tecnológico, laboral y medioambiental**. La intervención de esta Comisión en la 75ª Asamblea General de la ONU no deja lugar a dudas en este sentido, y alimenta la actual narrativa en torno a un **"Gran Reinicio" (*Great Reset*) del orden mundial**. El equipo de Daszak, además de los ambiciosos objetivos mencionados, anuncia **controles frente a la libertad de expresión**: "La Comisión también considerará recomendaciones sobre **cómo contrarrestar la desinformación** en el campo de la ciencia, no sólo con respecto a la COVID-19, sino también sobre otras cuestiones relacionadas, incluidas las vacunas, la biodiversidad y el cambio climático". Se trata, en conclusión, de un proyecto de enorme



envergadura, multisectorial, de alcance global, y **de dudosa legitimidad política y ética**. No parece casualidad que uno de sus principales financiadores sea la **Fundación Rockefeller**.

Como cuestión anecdótica pero significativa, cabe llamar la atención sobre el inusual modo como está redactado el epígrafe sobre "Declaración de Intereses" en el documento presentado por la Comisión *Lancet* ante la ONU: "PD (Peter Daszak) informa sobre su colaboración con diversas **organizaciones gubernamentales y académicas en China**, incluyendo las que están en el punto de mira de las **teorías conspirativas** sobre el origen de la COVID-19. La financiación de PD por parte de los *National Institutes of Health* de Estados Unidos ha sido cancelada a petición del presidente de Estados Unidos sobre la base de esas **teorías conspirativas**. *EcoHealth Alliance* y el trabajo de PD sobre la COVID-19 han sido el objetivo de numerosos ataques basados en **conspiraciones**". Obsérvese que en todas las frases se utiliza el término "conspiración" o sus derivados. Este lenguaje y sus connotaciones de autovictimización resultan impropios en un documento de este tipo.

## **EL PRIMER INFORME YAN**

En el contexto que se ha descrito en los epígrafes anteriores, y como se indicó al inicio de este documento, Li-Meng Yan ha publicado dos informes (versión *preprint*) bajo el patrocinio de la *Rule of Law Society* y la *Rule of Law Foundation*.

Para elaborar su primer informe, Li-Meng Yan (MD, PhD) ha contado con la colaboración de otros científicos: Shu Kang (PhD), Jie Guan (PhD) y Shanchang Hu (PhD) –todos ellos seudónimos, lo cual según Yan se debe a razones de seguridad. El título de su estudio es *Unusual Features of the SARS-CoV-2 Genome Suggesting Sophisticated Laboratory Modification Rather Than Natural Evolution and Delineation of Its Probable Synthetic Route* (*Características inusuales del genoma del SARS-CoV-2 que sugieren una sofisticada modificación en laboratorio más que una evolución natural, y bosquejo de una posible ruta para sintetizarlo*). Según manifiestan los autores, este trabajo posee un carácter interdisciplinar, pues combina perspectivas propias de la virología con la biología molecular, la biología estructural, la biología computacional, la investigación sobre vacunas y la medicina.

Su principal propósito es desafiar la teoría acerca del origen natural del virus sobre la base de sus peculiares rasgos biológicos, reconocidos a partir de evidencias **genómicas, estructurales y médicas**, además de una revisión de la literatura científica. Aparecen múltiples referencias a diversas investigaciones en versión *preprint* y en otros formatos sobre el

origen artificial de la pandemia, que según los investigadores no se han publicado en revistas académicas debido a la actual política de censura en torno a este tema.

La principal tesis del primer informe de Yan y sus anónimos compañeros es que **el SARS-CoV-2 fue generado en un laboratorio a partir de los virus ZC45 y ZXC21**. Para mostrar la factibilidad de esta producción se describen todos los pasos de un procedimiento que permite diseñarlo en sólo seis meses. Además, se aboga por la **necesidad de una investigación independiente** en torno a los laboratorios implicados, exigiendo que salgan a la luz los cuadernos de trabajo y otra documentación sobre las investigaciones desarrolladas. También **se solicita la revisión crítica de ciertos datos** sobre diversos virus relacionados con el SARS-CoV-2 y sobre posibles hospedadores transmisores, pues se consideran “fabricaciones” destinadas a falsear la verdad sobre el origen de la pandemia.

## LA CALIDAD CIENTÍFICA A DEBATE

El primer informe Yan ha recibido duras críticas por parte de múltiples expertos y organizaciones académicas. Las más destacadas son las planteadas por la profesora **Gigi Kwik Gronvall** y sus colegas de la **Universidad John Hopkins**, así como las revisiones de **R. Gallo, T. Koyama, A. Lauring** y **M. Reitz** en el portal “Rapid Reviews: Covid-19” del **Massachusetts Institute of Technology (MIT)**. Ante todo, Li-Meng Yan es reprobada por no haber publicado sus análisis en revistas académicas de prestigio, no haber respetado los criterios metodológicos de estas publicaciones y no proponer argumentos científicamente rigurosos. Según la web del MIT, sus conclusiones “en ocasiones carecen de base, y no se sostienen sobre los datos y métodos empleados”.

Sin entrar inmediatamente en el debate, caben *a priori* algunas consideraciones relevantes. En primer lugar, hay que señalar que el formato y el tono de la mayoría de los comentarios en *Rapid Reviews* es más opinativo que académico. Resulta sorprendente y contradictorio el registro excesivamente coloquial, rayano en ocasiones con la falta de respeto hacia Yan, por parte de los revisores. Su redacción no se ciñe a los formalismos propios de las publicaciones académicas y carece a todas luces del rigor científico que ellos mismos exigen a la científica disidente. También es importante subrayar que Yan ha reconocido abiertamente el carácter divulgativo de su escrito, explicando que no ha sido concebido para ser publicado en un *journal* académico, sino para dar a conocer una información urgente y relevante a la comunidad internacional:

**.-“Los científicos que han atacado mis informes se sirven de sus**

**conocimientos especializados para plantearme objeciones que no van al núcleo de la cuestión” –dice Yan. “Es cierto que no incluyo una sección sobre metodología y que hago referencia a artículos no revisados por pares. Mis análisis no han pasado el escrutinio propio de las publicaciones académicas, porque lo que he escrito no es propiamente un artículo científico. Yo sabía que, aunque lo escribiera no me lo iban a publicar, por motivos de corrección política, y además la situación era de máxima urgencia. Me he sentido abrumada por los indicios de que el SARS-CoV-2 es un producto de laboratorio, y he querido que todo el mundo conozca de dónde proviene mi certeza. He utilizado un lenguaje científico con un propósito divulgativo, que hasta un estudiante de primer curso de Biología puede comprender, para que llegue al mayor número de personas posible. Lo que está sucediendo es demasiado grave. Pensé que no podía callarme, tenía que contar lo que sabía. Aquellos que me atacan no dicen todo lo que saben sobre el tema”.**

En lo que concierne al contenido de las revisiones, el profesor Gallo y sus colegas coinciden en impugnar varias tesis fundamentales. En primer lugar, niegan que los coronavirus ZC45 y ZXC21 hayan sido utilizados como cepa origen para diseñar el SARS-CoV-2 en un laboratorio. En segundo lugar, cuestionan que “la presencia de sitios de restricción en torno al dominio de unión al receptor (RBD)” revele la “búsqueda deliberada de un virus capaz de atacar al receptor humano ACE2”. Y, en tercer lugar, rechazan que el “sitio polibásico de escisión de furina” no sea natural y contenga indicios de ingeniería genética. Estas críticas merecen, sin duda, consideración y escrutinio por parte de la comunidad científica.

Como premisa inicial conviene señalar que **no se está prestando la debida atención a las investigaciones que discrepan** respecto de la postura oficial. Además, muchas de las publicaciones recientes en torno al origen de la COVID-19 parten de **supuestas evidencias que merecerían ser revisadas.**

## **IMPUGNACIONES, COINCIDENCIAS Y CONTRADICCIONES**

Quien se adentre con ojos críticos en la actual multitud de publicaciones sobre el origen natural del virus descubre con facilidad falsas impugnaciones, coincidencias inesperadas y contradicciones reveladoras.

Entre los primeros artículos sobre el tema destacan los publicados por los equipos de [Zhengli Shi](#) (3-2-2020), [Ian Lipkin y K. G. Andersen](#), (17-3-2020), y [Peter Daszak](#) (18-2-2020), el último en la revista *The Lancet* y los dos anteriores en *Nature*. Como ya se ha explicado, el escrito de Daszak es

un manifiesto sin más valor científico que el de las referencias a las que remite. Los trabajos de Shi, Lipkin y Andersen sí constituyen investigaciones científicas. Sorprende que en ellas se reconozcan ciertas premisas-clave de las que parte Li-Meng Yan, aunque sus conclusiones sean opuestas.

Lipkin y Andersen subrayan –lo mismo que Yan- que el dominio de unión al receptor (RBD) del SARS-CoV-2 parece optimizado para vincularse al receptor humano ACE2, y advierten que la *spike protein* del virus posee un *sitio funcional polibásico de escisión de la furina* de características peculiares, que no se da en ningún otro coronavirus del linaje B y que juega un papel importante en la transmisibilidad y la determinación del rango de hospedadores del virus.

Respecto del RaTG13, también hay significativas coincidencias. Lipkin y sus colegas señalan que si bien el RaTG es idéntico en un 96% al SARS-CoV-2, su *spike* diverge en el dominio de unión al receptor (RBD), por lo que no puede unirse de modo eficiente al receptor humano ACE2, de ahí que no deba ser considerado el antecesor inmediato del SARS-CoV-2. “Ni los betacoronavirus de murciélago ni los betacoronavirus de pangolín analizados hasta ahora poseen sitios de escisión polibásicos”. En esto todos están de acuerdo.

Ahora bien, a partir de aquí, la argumentación del equipo de Lipkin da un giro sorprendente: “A pesar de que **no se ha identificado ningún coronavirus animal que sea lo suficientemente similar para haber servido como progenitor directo del SARS-CoV-2**, hay que hacer notar que la diversidad de coronavirus en los murciélagos y en otras especies no está suficientemente representada en las muestras disponibles. En torno a la unión S1-S2 **pueden ocurrir** mutaciones, inserciones y eliminaciones, lo que muestra que el sitio de escisión polibásico **puede surgir** por un proceso evolutivo natural”.

La redacción del párrafo precedente deja claro que **no se conoce ningún virus que haya podido ser el antecesor inmediato del SARS-CoV-2**. Sin embargo, se apunta de modo **inespecífico** a la posibilidad de que ese virus se encuentre en la naturaleza, aunque todavía no haya podido ser localizado, dada la inmensa variedad de coronavirus existentes. Respecto a la posibilidad de un proceso evolutivo natural, se plantean **tres hipótesis de evolución verosímiles, pero ninguna demostración fehaciente y verificada de lo acontecido**. Se trata de hipótesis no sustentadas sobre observaciones, pruebas o análisis filogenéticos, sino meras estimaciones acerca de posibles vías de selección natural, ya sea en un animal hospedador intermediario (no encontrado todavía), o en humanos (algo que tampoco ha sido probado), como los propios autores reconocen: “Se requieren nuevos estudios serológicos para determinar hasta qué punto ha tenido lugar una exposición de los humanos al SARS-CoV-2”. Finalmente, se aborda

la posibilidad de un proceso de “selección a partir del pasaje de coronavirus *bat SARS-CoV-like* en cultivos de células o en modelos animales, **lo cual se ha practicado durante años en todo el mundo en laboratorios de nivel intermedio de seguridad** (nivel 2)”.

Por otra parte, “existen casos documentados de **escapes** de virus en laboratorios, por lo que **debe examinarse la posibilidad de que el SARS-CoV-2 haya salido de modo inadvertido de un laboratorio**”. Sorprende que, tras esgrimir la plausibilidad de esta hipótesis, Lipkin y sus colegas la desechen alegando simplemente que **no se tiene constancia** de que alguien haya llevado a cabo este tipo de experimentos: “Una generación hipotética de SARS-CoV-2 a través de cultivos en células o pasaje animal habría requerido el previo aislamiento de un progenitor del virus, con una similitud genética muy alta, **lo cual no ha sido descrito**. La subsiguiente generación de un sitio de escisión polibásico habría requerido un pasaje repetido en cultivos de células o animales con receptores ACE2 similares a los humanos, pero **tampoco se han descrito tal tipo de intervenciones**”. Como puede advertirse, el equipo de Lipkin no excluye completamente esta posibilidad, simplemente argumenta que no se dispone de evidencias al respecto.

Otra elocuente ilustración de las debilidades en la argumentación sobre el origen natural del virus es el [artículo](#) publicado el 26 de febrero de 2020 por **Linda Saif**, una de las promotoras del manifiesto de Peter Daszak. Su título resulta significativo: “No existen evidencias creíbles para probar que el SARS-CoV-2 es un producto de ingeniería de laboratorio” (*No credible evidence supporting claims of the laboratory engineering of SARS-CoV-2*).

Este trabajo revisa algunos datos que han sido utilizados para expandir “especulaciones, rumores y teorías conspiracionistas” sobre el origen artificial del SARS-CoV-2. Entre ellos destaca el ya mencionado experimento de *ganancia de función* que en 2015 llevó a cabo **Ralph Baric**, también firmante del manifiesto de Daszak. Linda Saif se refiere a él cuando alude a redes sociales chinas que recuerdan “la construcción de un CoV quimérico con un gen *bat CoV S* (SHC014) en el eje vertebral de un SARS CoV adaptado para infectar ratones (MA15) y capaz de infectar células humanas”. A continuación, sostiene que “**esta afirmación carece de base científica** y no debe ser tomada en cuenta debido a la significativa divergencia en la secuencia genética de este constructo con el nuevo SARS-CoV-2 (>5.000 nucleótidos)”. La argumentación está redactada de modo deficiente, ya que tal constructo es una realidad que la propia Saif admite, y el texto no especifica qué dicen las redes sociales sobre su relación con la pandemia. Pero lo más interesante no es señalar esta deficiencia, sino que **las pruebas que aporta Saif no van al núcleo de la cuestión**; o sea, **no demuestran** que el actual coronavirus **no haya podido crearse en un laboratorio** mediante técnicas de ingeniería genética. En el mejor de los

casos, lo único que se puede haber confirmado es que el constructo de Ralph Baric no está directamente relacionado con el virus que ha desencadenado la pandemia: “No existe evidencia creíble para sostener que el SARS-CoV-2 deriva del virus quimérico SLSHC014-MA15”. Esto puede ser efectivamente así. Pero **tal conclusión no excluye la posibilidad de que la experiencia de Baric haya sido utilizada** para producir el SARS-CoV-2. El mero hecho de haber culminado con éxito **el diseño artificial de un virus que en principio no era capaz de infectar a los humanos y que después de su manipulación sí los infecta**, resulta más que elocuente.

Respecto a la posibilidad de que el SARS-CoV-2 haya sido creado a partir del virus de murciélago RaTG13, como sostienen algunos “conspiracionistas”, Saif indica que entre ambos existen más de 1.100 nucleótidos diferentes, distribuidos a lo largo de todo el genoma según una pauta propia de la naturaleza, siguiendo las características evolutivas típicas de los CoVs. Por tanto, “es muy improbable que el RaTG13 sea el origen inmediato del SARS-CoV-2”. “El hecho de que las secuencias del nuevo virus (SARS-CoV-2) no sigan una pauta lógica discernible y que en los murciélagos se encuentren virus muy similares, prueba que es resultado de una evolución natural” –sostiene Linda Saif. Ahora bien, como más adelante explicaremos, a la vista de los análisis filogenéticos realizados por investigadores como Romeu y Ollé, de la Universidad Rovira i Virgili de Tarragona, esta argumentación resulta débil y genérica, insuficientemente probada.

En cuanto a la conclusión final –“lo más probable es que el SARS-CoV-2 sea un recombinante CoV generado en la naturaleza entre un CoV de murciélago y otro coronavirus en un hospedador intermedio”-, recordemos que Zhengli Shi dice **no haber detectado evidencias de eventos de recombinación** en el genoma del SARS-CoV-2. Además, **la propia Saif reconoce que por el momento no se ha encontrado ningún animal intermedio** que explique la transmisión del virus desde los murciélagos a los humanos.

En definitiva, **el estudio que estamos analizando es manifiestamente inconsistente**. Si su objetivo era probar que no existen evidencias sobre el origen artificial del virus, a cualquier lector crítico le queda claro que **tampoco existen evidencias de su origen natural**. “Se necesitan más estudios” –puntualiza Saif en la clausura de su trabajo. Ella misma **reconoce de modo implícito no haber probado nada**.

El artículo se cierra con esta recomendación: “Los virus que suponen un riesgo tan grande para la salud pública deben ser manipulados en los laboratorios de un modo adecuado y regulado por la comunidad científica y los gobiernos”. Habría que recordar a la autora que es precisamente esto lo que demandan sus rivales “conspiracionistas”.

## INVESTIGACIONES EN ESPAÑA

En España, el catedrático de Bioquímica y Biotecnología **Antoni Romeu** y el profesor titular **Enric Ollé**, de la Universidad Rovira i Virgili (Tarragona), han llevado a cabo una investigación cuyo [borrador preprint](#) se encuentra accesible en la red. El documento coincide en aspectos fundamentales con el informe de Li-Meng Yan, aunque no se hace referencia a la científica disidente. Sin entrar a valorar la calidad de este *preprint*, cabe señalar que está redactado con formato académico, incluyendo evidencias y argumentos científicos, además de una descripción detallada de las fuentes y metodología utilizadas. Su punto de partida son las bases de datos del [Centro Nacional de Información Biotecnológica \(NCBI\)](#), aprovechados a partir de las herramientas metodológicas y los recursos bioinformáticos del propio NCBI y del [Laboratorio Europeo de Biología Molecular \(EMBL\)](#). Se trata, pues, de un trabajo que por sus características formales y su contenido podría publicarse en un *journal* científico. Sería interesante indagar si existe ese propósito, si los autores consideran suficientemente demostradas sus hipótesis, si han culminado su investigación o si el hecho de darla a conocer en portales divulgativos se debe a censuras como las que denuncia Yan. En cualquier caso, su objetivo declarado es “la reproducibilidad de los resultados y mantener un debate sobre el origen del SARS-CoV-2”.

Al igual que Li-Meng Yan, Romeu-Ollé analizan las secuencias de los genomas de diversos virus relacionados con el COVID-19 y coinciden en sus principales líneas de evidencia. Ambas partes sostienen que **la secuencia genómica del SARS-CoV-2 es similar a la de los coronavirus Bat SARS like (Bat-SL-CoV)**, muestras **ZXC21 y ZC45**, obtenidos a partir de murciélagos en Zhoushan (Zhejiang, China) entre 2015 y 2017. Los académicos españoles destacan que las secuencias de estos coronavirus “fueron **las únicas secuencias naturales de ADN [ARN] que coincidieron perfectamente** (*match* perfecto) con los marcadores de los genes *Orf1ab* y *NS8* del SARS-CoV-2”. En cambio, “el marcador del gen *S* no presentó ninguna coincidencia (*match*) con ninguna otra secuencia natural de ADN [ARN]”.

Estas observaciones no confirman, pero sí encajan con la tesis de Yan acerca de que **los virus ZXC21 y ZC45 fueron utilizados como plantilla para la producción de un nuevo virus (SARS-CoV-2) a través de mecanismos de ingeniería genética**. La científica disidente implica al estamento militar chino como principal artífice del proyecto, y recuerda que los virus de Zhoushan fueron descubiertos en dos laboratorios militares vinculados a la **Third Military Medical University** (Chongqing, China) y al **Research Institute for Medicine of Nanjing Command** (Nanjing, China). En este sentido, resulta elocuente que un régimen tan

masculinizado como el chino haya otorgado a una mujer –[Chen Wei](#)- el cargo de general, situándola en la cúpula de la jerarquía militar debido a sus conocimientos en el campo de la virología y la epidemiología. Incluso el diario oficial del régimen [People Daily](#) ha reconocido a Chen como miembro de la comitiva de autoridades que visitó el laboratorio de Wuhan en los inicios del brote para hacerse con el control de la situación.

Tanto los estudios de Yan como los de Romeu-Ollé ponen el foco de atención en las **inusuales características de la glicoproteína de pico (o *spike glycoprotein*) del SARS-CoV-2**, una proteína de membrana en el exterior del virus representada mediante triángulos azules, que al sobresalir dan al virus un aspecto de corona, de ahí el nombre “coronavirus”.

El informe Yan sostiene que el “motivo de unión al receptor” (RBM) dentro de la proteína *spike* del SARS-CoV-2, que es lo que determina la especificidad del hospedador del virus, se asemeja al del SARS-CoV de 2003 de un modo sospechoso. Además, añade que “la evidencia genómica sugiere que el RBM ha sido genéticamente manipulado”.

Por su parte, el análisis filogenético de Romeu-Ollé basado en secuencias de la *spike glycoprotein* del SARS-CoV-2 y del BatCoV-RaTG13, supuesto antecesor del primero, muestra divergencias significativas respecto de las secuencias de Bat-SL-CoV (ZXC21 y ZC45) y Pangolin-CoV (MP789). Las dos últimas “se han agrupado consistentemente (soporte *bootstrap* 1000) con otras secuencias de murciélagos”, pero al parecer no ha sucedido lo mismo con las primeras.

Además, tanto Yan como Romeu-Ollé advierten que **el SARS-CoV-2 contiene un sitio de furina (*furin site*)** que se encuentra habitualmente en otros betacoronavirus de otros linajes, pero no en el linaje B, que es al que pertenece el SARS-CoV-2. Y precisamente **de aquí deriva la gran transmisibilidad y capacidad de infección del virus**. Los profesores españoles enfatizan: “Es a través de este sitio como el SARS-CoV-2 se ha optimizado realmente para unirse al receptor humano ACE2 e ingresar en las células humanas. **El origen del *furin site* en el SARS-CoV-2 es desconcertante**”.

Respecto de este punto hay que señalar que muchos críticos de Yan han tergiversado lo que sostiene su informe. La científica no niega que el *furin site* se encuentre de forma natural en otros coronavirus, sino que subraya la rareza y excepcionalidad que supone encontrarlo en un betacoronavirus del linaje B como es el SARS-CoV-2. A partir de ahí, concluye: “**Existe una gran posibilidad de que este sitio de furina no sea producto de una evolución natural y pueda haber sido insertado en el genoma del SARS-CoV-2 de modo artificial**”. Romeu y Ollé no llegan tan



lejos, pero sí profundizan en lo que ellos llaman el “**misterio del sitio de escisión de furina en la ‘spike glycoprotein’ del SARS-CoV-2**”, señalando que en él se encuentra una pequeña inserción de cuatro aminoácidos (llamada “*sitio polibásico de escisión de furina*”), que no se da en su supuesto antecesor, el BatCoV-RaTG13, lo cual es una “**incongruencia filogenética**”. Además, da la casualidad de que esta pequeña inserción es la **responsable de la alta patogenicidad del SARS-CoV-2**, de ahí su importancia. En palabras de los académicos: “La *spike glicoproteína* de SARS-CoV-2 se ha optimizado mucho para unirse al receptor humano ACE2. ¿Qué evento evolutivo podría explicar tanto esta extraordinaria optimización de la *spike glycoprotein* del SARS-CoV-2 para la infección humana, como también la incongruencia filogenética? Asumiendo que el BatCoV-RaTG13 sea el progenitor directo del SARS-CoV-2, **podríamos pensar en un evento evolutivo en el genoma, de recombinación** entre BatCoV-RaTG13 y otros coronavirus (...). **Pero en estos casos siempre hay un ‘donador’** del ADN [ARN] que se recombina o se transfiere. Ahora bien, en el presente estudio, **no hemos podido identificar a ningún ‘donador’**”. Incluso la directora del laboratorio de virología de Wuhan, Zheng-Li Shi, ha reconocido esta anomalía al afirmar que “**no se detectaron evidencias de eventos de recombinación en el genoma del SARS-CoV-2 (Shi, et. Al. 2020)**”.

Según Romeu-Ollé, aun si se admitiera la hipótesis de que el SARS-CoV-2 ha pasado del murciélago al ser humano a pesar de las enormes diferencias que separan a ambos organismos, quedaría una cuestión clave por resolver: “¿Cuándo ocurrió la inserción del *sitio de furina*? Debería haber ocurrido en un hospedador intermedio o durante la transmisión por recombinación, pero ni se han detectado eventos de recombinación, ni se ha encontrado tal hospedador”. **El informe Yan desestima que un pangolín haya desempeñado la función de hospedador animal intermediario entre el murciélago y los humanos. Los profesores españoles mantienen lo mismo:** “En base a los presentes resultados y los descritos en la literatura, los análisis moleculares y filogenéticos no apoyan que el SARS-CoV-2 surgiera directamente de coronavirus de pangolín”. Además, el análisis filogenético revela que “los coronavirus Bat-SL-CoV ZXC21 y ZC45, Pangolin-CoV MP789, BatCoV-RaTG13 y SARS -CoV-2 son ortólogos. Es decir, se originaron a partir de un ancestro común, y se separaron entre sí mediante posteriores eventos de especiación”. Pero “es importante remarcar que no todos los coronavirus de pangolín se comportaron igual. Sólo el coronavirus Pangolin-CoV MP789 pertenece a este grupo de ortólogos. Otros coronavirus de pangolín (...), se agruparon en otra rama del árbol filogenético”.

En otras palabras, según los investigadores de la Universidad Rovira i Virgili, el único coronavirus de pangolín que debido a su similitud con el SARS-CoV-2 podría considerarse originado a partir de un ancestro

común es el Pangolin-CoV MP789. Hay que tener en cuenta que **se trata justamente del coronavirus que Yan denuncia como una “fabricación” fraudulenta** destinada a desviar la atención respecto del verdadero origen del virus (los coronavirus ZC45 y ZXC21, descubiertos en laboratorios militares chinos) y evitar que se descubra la manipulación que ha dado lugar al SARS-CoV-2. Romeu-Ollé no llegan tan lejos y no se pronuncian al respecto, pero sí destacan que se trata de un virus diferente de otros coronavirus de pangolín.

Otros destacados científicos españoles, L. Enjuanes, I. Sola y S. Zúñiga, del Centro Nacional de Biotecnología-CSIC, también **han detectado un eslabón perdido en la cadena de transmisión del virus**. En un reciente [artículo](#) publicado en el portal del CSIC señalan lo siguiente: “Desafortunadamente, **en esta epidemia no se ha identificado el vector que ha servido como vehículo intermedio** amplificando el virus antes de ser transmitido de murciélagos a humanos. De hecho, **aunque se han sugerido serpientes y pangolines** como hospedadores intermedios, **la evidencia científica proporcionada no se ha considerado sólida**”. El análisis del genoma del SARS-CoV-2 y la experiencia científica sobre la transmisión de coronavirus entre organismos de distintas especies indica que “un vector intermedio entre los murciélagos y los humanos, muy probablemente otro mamífero, ha transmitido el virus”. Ahora bien, **“el salto directo de un virus de murciélagos a humanos se considera poco probable**, porque en diciembre de 2019 los murciélagos estaban en su período de hibernación en el área de Wuhan, y **porque las secuencias conocidas de los coronavirus de murciélagos son significativamente diferentes de las del SARS-CoV-2**”. Enjuanes y su equipo subrayan que, si bien los murciélagos hospedan muchos virus similares al SARS-CoV, “su identidad de secuencia genómica con el nuevo virus de Wuhan es inferior al 96%, y **habría sido necesario el crecimiento reiterado de este virus a través de un vector intermedio para hacer evolucionar su secuencia** a la del SARS-CoV-2”. Esta aseveración encaja con algunas de las cuestiones que se plantean tanto Romeu-Ollé, como Li-Meng Yan.

En cuanto al papel del **BatCoV-RaTG13** como antecesor del SARS-CoV-2 o eslabón intermedio, **los académicos de la Universidad Rovira i Virgili comparten básicamente las mismas dudas que expresa el informe Yan**. Según la científica hongkonesa, “las publicaciones a favor de la teoría sobre el origen natural descansan en gran medida sobre una sola evidencia: un coronavirus de murciélago previamente descubierto, denominado RaTG13, cuya secuencia genómica coincide en un 96% con la del SARS-CoV-2”. Su descubrimiento contribuye una vez más a alejar la atención de los virus ZC45 y ZXC21. Sin embargo, “la existencia del RaTG13 en la naturaleza y la fiabilidad de su secuenciación están siendo ampliamente cuestionados”. Prueba de ello es que en el mismo número de la revista *Nature* donde se menciona por primera vez el virus

RaTG13, el primer científico que publicó la secuenciación del genoma completo del SARS-CoV-2, Yong-Zhen Zhan, señala que, desde una perspectiva evolutiva, los virus más próximos al SARS-CoV-2 son los coronavirus ZC45 y ZXC21. Hay que destacar que inmediatamente después de publicar sus evidencias, el laboratorio de Zhan fue temporalmente clausurado por las autoridades chinas.

[La noticia de Zhuang Pinghui](#) en el *South China Morning Post* donde se comenta este hecho resulta elocuente. En ella se explica que el 11 de enero de 2020 Yong-Zhen Zhan puso a disposición de la comunidad científica internacional el genoma del SARS-CoV-2, a fin de favorecer el temprano desarrollo de herramientas de diagnóstico, análisis y lucha contra la epidemia. Un día después, el centro donde trabajaba (*Shanghai Public Health Clinical Centre*) fue **cerrado por las autoridades para llevar a cabo una “rectificación”**. Los repetidos intentos de la periodista Zhuang Pinghui por obtener explicaciones únicamente obtuvieron el silencio como respuesta. La medida supuso un obstáculo para la contención de la COVID-19 en sus estadios iniciales y frenó los progresos de los centros de investigación y las empresas que se habían hecho eco del descubrimiento. **La Comisión Nacional de Salud de China sólo se decidió a compartir información con la OMS cuando Zhan ya había hecho públicos sus hallazgos.** Para ello, se sirvió –entre otros– del *Instituto de Virología de Wuhan (IVW)*, que ya estaba en el punto de mira como posible origen de la pandemia. De este modo, **el laboratorio ofreció una imagen pública de colaboración con la comunidad científica que contribuyó a exonerarlo de responsabilidades.**

En lo que concierne al virus RaTG13, los únicos datos de que se dispone fueron incorporados el 27 de enero de 2020 al repositorio GenBank por su supuesta descubridora, Zhengli Shi, directora del CEIE-IVW. Consta que la muestra fue recogida el 24 de julio de 2013 en Yunnan, China, a partir de un murciélago *Rhinolophus affinis*. **“Sin embargo, ningún virus vivo o ningún genoma intacto del RaTG13 ha sido jamás aislado o recuperado. Por consiguiente, la única prueba de la ‘existencia’ del RaTG13 en la naturaleza es su secuencia genómica publicada en GenBank”** –ha objetado Li-Meng Yan en su primer informe. A continuación, se detalla uno de los posibles procedimientos para falsificar la secuencia genómica de un virus e incorporar esa información a una base pública de datos. Además, se señalan varias características anormales en los datos disponibles sobre el virus, y se cuestiona la sucesión de fechas en la publicación de tales datos. El 27 de enero de 2020 se incorporó a GenBank la secuencia genómica completa del RaTG13. Las lecturas de secuencia en bruto estuvieron disponibles el 13 de febrero de 2020. Pero la secuenciación de datos destinada al *gap filling*, que es indispensable para ensamblar el genoma completo, sólo estuvo disponible el 19 de mayo de 2020. Es decir, primero se publicó la secuencia completa y finalmente la

información necesaria para lograr esa secuencia.

El punto más fuerte de la argumentación de Li-Meng Yan sobre el RaTG13, que se ha presentado a la comunidad científica como antecesor del SARS-CoV-2, es que **nadie –al margen del equipo del laboratorio de Wuhan- ha visto ni cotejado ninguna otra muestra del virus.**

Romeu-Ollé manifiestan el mismo estupor: “Dado que el BatCoV-RaTG13 se considera el origen probable del SARS-CoV-2, **es sorprendente que después de casi un año de la irrupción de la pandemia COVID-19, no se hayan aislado más coronavirus de murciélago de la especie BatCoV-RaTG13.** El murciélago es el reservorio natural de virus más estudiado. (...) **Se requieren más genomas de BatCoV-RaTG13 para validar estadísticamente el 96,2% de identidad con el genoma de SARS-CoV-2.** Además, todavía queda un 3,8% de diferencia entre ambos, lo que puede ser clave para explicar la presencia del *furin site* en la *spike glycoprotein* del SARS-CoV-2. Por contraste, actualmente hay miles de genomas completos disponibles de SARS-CoV-2 en GenBank”.

A partir de todas estas evidencias, las conclusiones de Romeu-Ollé son inquietantes: “Cada virus deriva de un virus *preexistente* y *nada en biología tiene sentido* excepto a la luz de la evolución, pero **a partir de la información actual disponible en las bases de datos es difícil encajar el origen del SARS-CoV-2 en un modelo evolutivo racional**”. Además, “su clasificación taxonómica también es confusa. (...) **Hay una duda razonable de que pertenezca al grupo taxonómico donde se ha clasificado** (linaje B del beta-coronavirus).” Incluso la directora del laboratorio de Wuhan, Zhengli Shi (2020), cuestiona implícitamente esta clasificación, aun sin tener en cuenta el *furin site*: “El análisis filogenético (...) mostró que, para todas las secuencias, el RaTG13 es el pariente más cercano del SARS-CoV-2 y ambos forman **un linaje distinto de otros SARSr-CoVs**”.

La investigación de los profesores españoles finaliza así: “**La presencia del *furin site* en el SARS-CoV-2** (en la parte más conservada de la proteína, y lejos de la región más variable) **es señal de un ‘eslabón perdido’ en nuestro conocimiento** de su proceso evolutivo y, en definitiva, de su origen. **Este eslabón perdido también pone en duda que el BatCoV-RaTG13 sea el progenitor directo del SARS-CoV-2.** (...) Por lo tanto, **existe una duda razonable sobre el origen del SARS-CoV-2.** (...) La disponibilidad de nuevos genomas BatCoV-RaTG13 es esencial para poder abrir perspectivas. De lo contrario, **el origen del SARS-CoV-2 es un lado oscuro de la COVID-19.** La duda puede hacer pensar que el SARS-CoV-2 sea un **producto de laboratorio** o un virus manipulado a propósito. **La tecnología necesaria para ello está disponible.** Para fines científicos y médicos, existen varios constructos sintéticos del genoma del SARS-CoV-2 en GenBank (MT108784.1, MT461669.1, MT461671.1,

MT461670.1). Con fines terapéuticos, en 2008 se creó un coronavirus recombinante sintético similar al SARS de murciélago, que resultó infeccioso en células cultivadas y en ratones. En este sentido, **el debate debe continuar**".

## BIOTECNOLOGÍA PARA CREAR EL SARS-COV-2

Como se ha indicado al final del epígrafe anterior, **la tecnología para el diseño del SARS-CoV-2 es una realidad de facto y se encuentra disponible**. Ésta no es una aseveración cuestionable, sino una constatación. De hecho, el virus está siendo sintetizado en laboratorios con el objeto de elaborar fármacos y vacunas. Este tipo de práctica ha suscitado polémica en la comunidad científica, dada la posibilidad de un “doble uso” de dudosa legitimidad ética, con gravísimas consecuencias. La preocupación crece si se tiene en cuenta que la regulación de estas intervenciones es insuficiente y varía según los estados. Faltan controles tanto nacionales como internacionales, de ahí que científicos como el ya mencionado Ralph Baric hayan desarrollado en China experimentos no permitidos en sus países de origen.

El primer informe Yan contiene una sección donde se describe de modo pormenorizado un posible procedimiento para sintetizar el SARS-CoV-2. La científica comenta:

**.-“Gigi Kwik Gronvall ha criticado mi descripción, porque dice que existen métodos más avanzados. Pero la técnica que explico se utiliza de modo habitual en muchos laboratorios porque es bien conocida, manejable y da resultado. Además, al hacerme esa crítica Gronvall está admitiendo implícitamente que es posible crear el SARS-CoV-2 en un laboratorio”.**

R. Segreto y Y. Deigin acaban de publicar un [artículo](#) sobre este tema, con un título significativo: “La estructura genética del SARS-CoV-2 no excluye un origen de laboratorio. La estructura quimérica del SARS-CoV-2 y su *furin cleavage* podrían ser resultado de manipulación genética” (*The genetic structure of SARS-CoV-2 does not rule out a laboratory origin. SARS-COV-2 chimeric structure and furin cleavage site might be the result of genetic manipulation*). Además de señalar diversos procedimientos biotecnológicos para manipular virus, este estudio revisa el actual estado de la investigación en torno al origen de la COVID-19 y refuta a quienes sostienen que procede de la naturaleza. La hipótesis sobre la cual gravita la argumentación es que el actual coronavirus podría ser fruto de manipulaciones genéticas destinadas a evaluar el potencial de los pangolines como hospedadores de coronavirus de murciélago y transmisores de éstos a los humanos. Tras presentar los últimos hallazgos científicos sobre los virus más próximos al SARS-CoV-2, Segreto y Deigin revisan la historia reciente de la ciencia, para mostrar la abundancia de manipulaciones genéticas sobre coronavirus. **Los científicos han estado creando coronavirus quiméricos durante dos décadas y nada impide pensar que hayan podido generar el virus que es responsable de la pandemia**. En este ámbito se destaca el papel de EcoHealth Alliance, así como los experimentos de Ralph Baric, ambos mencionados en epígrafes anteriores.

El ya citado artículo de K.G. Andersen, Ian Lipkin y sus colegas sobre el origen natural del SARS-CoV-2, es objeto de crítica pormenorizada. Los adversarios del informe Yan han pasado por alto numerosos estudios y experimentos dedicados a sintetizar virus en laboratorio a través de técnicas como el **pasaje en serie** y la **mutagénesis de sitio dirigido**, que en biología molecular se utiliza para generar mutaciones puntuales en una cadena de ADN/ARN.

La estructura genómica del SARS-CoV-2 es muy probablemente **quimérica**, pues su secuencia genómica coincide en gran medida con el coronavirus de murciélago *RaTG13*, y su dominio de unión al receptor (RBD) es casi idéntico al de un coronavirus de pangolín, lo cual le permite infectar a los humanos. Como las producciones quiméricas pueden surgir por recombinación natural o por intervención humana, ambas posibilidades deben ser examinadas. **Desechar una de ellas y tacharla de “conspirativa” no tiene sentido desde una perspectiva científica.** Conocer la verdad sobre el origen de la actual pandemia resulta imprescindible para la salud pública en todo el planeta.

Cabría pensar que la cepa quimérica del SARS-CoV-2 ha surgido de forma natural, a partir de eventos de recombinación entre el RBD de coronavirus de pangolines y el eje vertebral de un virus como el *RaTG13*. Pero para ello los dos virus tendrían que haber infectado a la misma célula del mismo organismo de forma simultánea, algo bastante improbable dada la baja densidad de población de pangolines y la escasa presencia de coronavirus en sus poblaciones naturales. Por otra parte, hay que tener en cuenta que el dominio de unión al receptor (RBD) del *RaTG13* no es compatible con el ACE2 del pangolín.

Las peculiaridades de la *spike protein* del SARS-CoV-2 también requieren explicación, como han resaltado Li-Meng Yan, Romeu-Ollé y muchos otros científicos. **El sitio polibásico de escisión de furina es una novedad sin precedentes** en la familia de los betacoronavirus del linaje B. Posee una importancia crucial, pues de él depende su capacidad de infectar a diversos tipos de tejidos y especies. La posibilidad de que este sitio haya surgido por recombinación ha sido cuestionada, debido a que la *spike protein* del SARS-CoV-2 no presenta ningún evento de recombinación, en contraste con lo que sucede con otros coronavirus.

De ahí que Segreto y Deigin se inclinen a pensar que el SARS-CoV-2 **es un producto de laboratorio.** Tanto el sitio de escisión como el dominio de unión al receptor (RBD) han podido ser diseñados en laboratorio a través de una técnica denominada **“mutagénesis de sitio dirigido”**. **La principal particularidad de esta técnica es que no deja rastro.**



## ¿SE PUEDE LLEGAR A ALGUNA CONCLUSIÓN?

Como se ha explicado a lo largo de este artículo, **sobre el origen natural del SARS-CoV-2 por el momento no hay evidencias concluyentes** ni demostraciones empíricas, aunque se han desarrollado iniciativas para orientar la narrativa en tal dirección, lo cual suscita legítimas sospechas. **Sobre la producción en laboratorio del virus a través de procedimientos de ingeniería genética existen elocuentes indicios** que merecen ulterior escrutinio. Aun así, [algunos científicos](#) advierten que no existe ningún método capaz de determinar con total certeza si el genoma de un virus ha sido manipulado ya que, por una parte, es posible intervenir en él sin dejar trazas aparentes, y por otra, en la naturaleza también se producen mutaciones, eliminaciones e inserciones que afectan a la secuencia genética.

Lograr una demostración científica de cuál ha sido origen del virus es una tarea compleja. Para llegar a la conclusión de que procede de la naturaleza sería preciso encontrar el eslabón perdido en la cadena evolutiva, un virus en la vida silvestre de características similares al SARS-CoV-2 como antecedente inmediato, un animal hospedador que ponga de manifiesto su origen zoonótico y su modo de transmisión a los humanos. Para sostener con un sólido fundamento que procede de un laboratorio **sería preciso desarrollar una investigación forense independiente**, algo que China no permite, lo cual induce a una razonable desconfianza. La Organización Mundial de la Salud no es el organismo adecuado para llevar a cabo tal examen, porque ella misma debería ser investigada por su deficiente actuación en la pandemia y su connivencia con las autoridades chinas.

Si existiera voluntad real de clarificar el origen del virus, un organismo instructor independiente de carácter internacional debería tener acceso libre y sin restricciones al Centro de Enfermedades Infecciosas Emergentes del *Instituto de Virología de Wuhan (CEIE-IVW)* y a sus bases de datos –aunque existen indicios de destrucción de pruebas, lo que *a priori* limita la efectividad de cualquier registro. Habría que conocer el detalle de los cuadernos de laboratorio, los registros de incidentes relacionados con la seguridad y los tipos de actividades desarrolladas en los últimos años, además de sus fuentes de financiación. También habría que interrogar a todos los empleados del instituto y de otros centros colaboradores.

El informe Yan aboga por que se lleve a cabo una investigación de este tipo. ¿Quién puede estar en contra de tal propuesta? La respuesta es simple: quien tiene algo que esconder.



## SÍNTESIS FINAL

- La científica Li-Meng Yan y otros autores han publicado dos informes sobre los orígenes de la pandemia donde tratan de demostrar que el SARS-CoV-2 es un producto de laboratorio.
- Prestigiosos miembros de la comunidad científica han criticado esos informes por considerar que no ofrecen una argumentación metodológicamente sólida y contrastada.
- El análisis de esta controversia revela conflictos de interés y significativas debilidades en la argumentación de quienes se oponen a Yan. Por otra parte, **se ha constatado que en el laboratorio de Wuhan se han realizado peligrosos experimentos sobre coronavirus, financiados por importantes organizaciones norteamericanas.**
- Tanto en España como en el extranjero se han publicado estudios científicos, metodológicamente rigurosos, en consonancia con las tesis de la científica disidente.
- Aun así, parece que no existen procedimientos que puedan ofrecer resultados definitivamente concluyentes en torno al origen artificial del virus.
- Ahora bien, **el origen natural del virus tampoco ha podido ser demostrado de manera fehaciente debido a la falta de pruebas.**
- Para avanzar en el conocimiento de los orígenes del SARS-CoV-2 sería necesaria una investigación independiente sobre las actividades desarrolladas en torno al laboratorio de Wuhan, algo que China no parece dispuesta a permitir.
- La Organización Mundial de la Salud no es el organismo adecuado para llevar a cabo una investigación, dada su deficiente gestión de la pandemia y su complicidad con China.
- Durante la entrevista exclusiva que ha propiciado este artículo, Yan ha denunciado la implicación de varios científicos y organizaciones en la generación y expansión de la COVID-19.
- Nuestro trabajo de investigación periodística sobre estos personajes e instituciones confirma la existencia de indicios sobre su responsabilidad en la pandemia. A ello hay que añadir el lucro que esta situación les está generando. Paradójicamente, **los responsables últimos de la crisis sanitaria global forman parte de las organizaciones que actualmente están liderando la lucha contra la COVID-19.**