

¿POR QUÉ SE OCULTARON SECUENCIAS GENÉTICAS DEL SARS-CoV-2 AL INICIO DE LA PANDEMIA?



Recientemente, investigadores chinos han hecho públicas secuencias genéticas del coronavirus SARS-CoV-2, que fueron eliminadas hace más de un año de bases de datos internacionales de libre acceso. Esta información ha permanecido oculta desde entonces.

El pasado mes de junio (2021) un científico descubrió que más de 200 secuencias genéticas obtenidas de muestras de pacientes de covid-19 aisladas en la República Popular China a comienzos de la pandemia [habían sido eliminadas](#) de una base de datos *online* de acceso libre. No se ofreció ninguna explicación. Jesse Bloom, virólogo del [Fred Hutchinson Cancer Center](#), en Seattle, estado de Washington, logró rastrear 13 de las secuencias en *Google Cloud*.

La explicación ofrecida ahora es que se trata de un *descuido editorial* por parte de una revista científica. En respuesta, la República Popular China ha *cargado* las secuencias en una base de datos distinta pero supervisada por el propio gobierno.

La historia nos remonta a principios del año 2020, cuando investigadores de la universidad de Wuhan investigaron una nueva manera de evaluar el

coronavirus que azotaba al país. A tal fin secuenciaron fragmentos genéticos relativamente cortos extraídos de muestras tomadas de 34 pacientes en un hospital de Wuhan, provincia de Hubei.

Los científicos chinos [publicaron sus hallazgos en marzo de 2020](#) en una base de datos denominada [Sequence Read Archive](#), administrada por los [National Institute of Health](#) de Estados Unidos. Publicaron (junio 2020) sus resultados en una revista científica germana, denominada [Nano-Micro-Small](#).

Jesse Bloom descubrió el *ocultamiento* de las secuencias genéticas del coronavirus durante la primavera de 2020 tras contrastar las informaciones preliminares sobre el coronavirus con los de una [publicación de mayo \(2020\)](#). Entre ambas existía una notable discrepancia. Solicitó información a los científicos chinos el 6 de junio, sin obtener respuesta. El día 22 publicó su informe, apenas mencionada en algunos medios de comunicación internacionales.

A raíz de la publicación, los científicos chinos respondieron a los *National Institute of Health* de Estados Unidos, que las secuencias habían sido retiradas de la base de datos inicial al objeto de *actualizarlas*; y que serían añadidas en una base de datos distinta.

Transcurrido un año desde 2020, Jessy Bloom no pudo encontrar las secuencias en ninguna otra base de datos referencial.

El 5 de julio (2021), más de un año después de que los investigadores chinos retiraran las secuencias del *Sequence Read Archive* nada se había realizado. Dos semanas después del informe de Jessy Bloom (publicado *online*), las secuencias [se cargaron sigilosamente en una base de datos del Centro Nacional de Bioinformación de la República Popular China](#), tarea realizada por Ben Hu, investigador de la universidad de Wuhan y coautor del trabajo publicado en la revista alemana *Nano-Micro-Small*, antes mencionado.

El 21 de julio (2021) la desaparición de las secuencias se mencionó durante una conferencia de prensa en Pekín, exónimo de Beijín, en la que los funcionarios chinos rechazaron las afirmaciones de que la pandemia comenzó por una fuga de un laboratorio de experimentación.

Según una [traducción](#) de la conferencia de prensa realizada por un periodista de la Agencia de Noticias china Xinhua, controlada por el gobierno, el viceministro de la Comisión Nacional de Salud del país, Zeng Yixin, declaró que el problema surgió cuando los *editores de la revista Nano-Micro-Small eliminaron por error varias secuencias del archivo de lectura de secuencias genéticas* (sic), añadiendo que los investigadores pensaron que ya no era necesario almacenar los datos en el *Sequence Read Archive*, administrado por los *National Institute of Health* de Estados Unidos. El editor de la revista alemana confirmó las declaraciones del gobierno de la República Popular China, comprometiéndose a enlazar con la base de datos (china) donde se hallan reubicados. La [palinodia](#) se realizó el jueves, 29 de julio (2021).

Sin embargo, nadie ha explicado por qué las secuencias se eliminaron del *Sequence Read Archive*, ni por qué se ha tardado un año en subsanar el *presunto error*.

Por sí solas las secuencias genéticas no pueden resolver la cuestión acerca del origen de la pandemia. La cuestión de si fue (como se afirma) causada por el *salto* de un virus de animales salvajes al hombre, por la fuga (accidental) de un laboratorio experimental, o por otras causas, continúa irresuelta.

En sus informes iniciales los investigadores de Wuhan escribieron que extrajeron material genético de muestras de pacientes ambulatorios con sospecha de lo que más tarde se terminaría denominando covid-19. Sin embargo, la base de datos china donde se han reubicado las secuencias *supuestamente perdidas* indican que las muestras se tomaron en el hospital Renmin, adscrito al hospital de Wuhan el 30 de enero, dos meses más tarde de los primeros informes de la *neumonía atípica*,

Así pues, la cuestión sobre el origen de la pandemia continúa siendo un misterio tras año y medio de muerte y sufrimiento a escala global.

Zaragoza, a 5 de agosto de 2021

Dr. José Manuel López Tricas
Farmacéutico especialista Farmacia Hospitalaria
Farmacia Las Fuentes
Zaragoza