



LA COLUMNA DE

Miguel Ángel

Wuhan, el origen que seis años después seguimos sin poder explicar

La ciencia ha reconstruido el SARS-CoV-2 con una precisión extraordinaria, pero seis años después todavía no ha conseguido reconstruir su primer salto al ser humano. La zoonosis continúa siendo una explicación perfectamente posible, aunque el animal que inició la cadena nunca apareció y la información necesaria para descartar un accidente relacionado con investigación sigue incompleta. Entre los coronavirus de murciélagos, la genética inversa, la financiación internacional y la opacidad de instituciones que deberían haber conservado cada registro, permanece una pregunta bastante más incómoda de lo que algunos quisieron admitir en 2020: qué ocurrió realmente en Wuhan.

Por Miguel Ángel Temprano

19 de agosto de 2026 · Tiempo de lectura: 6 minutos

Han pasado más de seis años desde que aparecieron en Wuhan aquellos primeros casos de neumonía que terminarían provocando una pandemia, millones de muertos y una transformación temporal de nuestra forma de vida. Sin embargo, hay una cuestión que continúa sin resolverse satisfactoriamente: ¿de dónde salió exactamente el SARS-CoV-2?

Durante los primeros meses de 2020 se impuso con bastante rapidez la hipótesis de un origen natural, probablemente mediante el salto de un coronavirus animal al ser humano. Era una posibilidad perfectamente razonable y sigue siendo hoy la explicación que cuenta con mayor respaldo en una parte importante de la literatura científica. Lo que siempre me resultó más difícil de aceptar fue la rapidez con la que algunos descartaron casi por completo un accidente relacionado con un laboratorio.

Yo estudié Biología Molecular hace muchos años. Yo soy bioquímico, no microbiólogo y no pretendo presentarme como tal, pero conozco suficientemente bien la genética molecular como para entender una recombinación, una enzima de restricción, un clon infeccioso o lo que significa reconstruir un virus a partir de DNA complementario. Precisamente por eso había un argumento que escuché repetidamente en 2020 y que

nunca terminó de convencerme, que era que, si el virus hubiera sido manipulado, deberían encontrarse en su genoma las “cicatrices” de aquella manipulación. El problema es que para entonces eso llevaba años sin ser necesariamente cierto.

“La pregunta no es si Wuhan tenía un BSL-4, sino qué virus se manipulaban, dónde y bajo qué condiciones.”

El Wuhan Institute of Virology disponía de un laboratorio BSL-4, el máximo nivel de bioseguridad. Una instalación de este tipo está diseñada para trabajar con patógenos especialmente peligrosos mediante sistemas de presión diferencial, filtración del aire, descontaminación, accesos restringidos y, en determinados casos, trajes presurizados con suministro independiente de aire. Sobre el papel, todo está diseñado para que un agente biológico no salga de allí.

Pero dentro del sistema sigue habiendo personas y las personas cometemos errores. Y esto determina que los jefes de seguridad no sean policías, sino gente como yo. Bueno en realidad, como un compañero mío de carrera que acabo de jefe de seguridad de Nuestro laboratorio de nivel 4. Además, y esto es bastante más importante, que el WIV dispusiera de un BSL-4 no

significa que toda su investigación con coronavirus se realizara en ese nivel de contención. Parte de los trabajos se efectuó en instalaciones de menor nivel. La pregunta interesante no es, por tanto, cómo pudo escapar un virus de una fortaleza BSL-4, sino qué virus se estaba manipulando, dónde y bajo qué condiciones.

“investigar cómo un virus puede volverse más peligroso entraña el riesgo de crear aquello que intentamos anticipar”

Aquí aparece la famosa *gain of function*. La expresión se ha convertido en un término político, aunque en biología significa simplemente que un organismo adquiere una función nueva o aumenta alguna que ya tenía. En un virus puede significar mayor capacidad de replicación, una mejor utilización de un receptor celular, ampliación de su rango de hospedadores o un aumento de transmisibilidad.

Pero, ¿por qué querría alguien hacer eso? Porque conocer qué cambios necesita un coronavirus animal para infectar eficazmente al ser humano puede ayudarnos a vigilar esos mismos cambios en la naturaleza, desarrollar antivirales o preparar vacunas. La lógica científica existe. El problema es que, para conocer experimentalmente cómo puede convertirse un virus en algo más peligroso, podemos terminar creando precisamente aquello que intentamos anticipar.

Este debate no nació con la pandemia. En 2014, durante la Administración Obama, Estados Unidos suspendió temporalmente la financiación federal de determinadas investigaciones con influenza, SARS y MERS cuando existiera un riesgo razonable de aumentar su patogenicidad o transmisibilidad. No fue una prohibición general de toda investigación de ganancia de función, como se ha dicho muchas veces, pero demuestra que el problema de bioseguridad ya preocupaba seriamente años antes de Wuhan.

“dinero público estadounidense terminó financiando investigación sobre coronavirus en Wuhan; eso está documentado”

El NIAID, dirigido por Anthony Fauci, financió a EcoHealth Alliance para estudiar el riesgo de emergencia de coronavirus de murciélagos. EcoHealth, dirigida por Peter Daszak, subcontrató parte del trabajo al Wuhan Institute of Virology. Existe, por tanto, una cadena documentada de financiación pública estadounidense que terminó sufragando investigación sobre coronavirus en Wuhan.

De ahí a sostener que Fauci financió conscientemente “la creación del COVID” hay un trecho enorme y

ninguna prueba suficiente para recorrerlo. Otra cuestión es que parte del trabajo recibiera dinero estadounidense y que posteriormente el propio Inspector General del Departamento de Salud concluyera que la supervisión de determinadas ayudas y subcontratos había sido deficiente.

Dentro de estas investigaciones se trabajaba además con coronavirus quiméricos. Lo de “virus quimérico” suena bastante peor de lo que es. Básicamente es el resultado de tomar una parte de un virus e introducirlo en otro para averiguar qué hace. Puede utilizarse, por ejemplo, el esqueleto de un coronavirus y sustituir su proteína *Spike* por la de otro, observando después si esa nueva *Spike* permite utilizar receptores humanos o modifica su comportamiento. Ya por entonces esto tampoco era ni ciencia ficción ni trabajo clandestino. Ralph Baric, investigador de la Universidad de Carolina del Norte, llevaba años publicando investigaciones de este tipo y colaborando con científicos chinos.

“la ausencia de cicatrices genéticas no permite excluir una manipulación”

Aquí aparece, desde mi punto de vista, uno de los elementos más interesantes de toda la historia. Los coronavirus tienen genomas de RNA enormes para tratarse de virus, alrededor de treinta mil nucleótidos. A principios de este siglo Boyd Yount, Ralph Baric y otros investigadores desarrollaron sistemas de genética inversa capaces de dividir el genoma en fragmentos de DNA complementario, modificarlos y volver después a ensamblarlos para recuperar un virus infeccioso.

En 2002 publicaron un sistema denominado *No See'm cloning*. La gracia del método estaba precisamente en que los sitios utilizados para ensamblar los fragmentos podían desaparecer una vez completada la reconstrucción. Un año después el mismo grupo publicó la reconstrucción de SARS-CoV a partir de un cDNA infeccioso completo. Estamos hablando de 2002 y 2003.

Cuando en 2020 se utilizaba la ausencia de determinadas “cicatrices” genéticas como argumento para descartar una manipulación, se estaba simplificando demasiado. La ingeniería molecular disponía desde hacía casi dos décadas de procedimientos capaces de efectuar determinadas modificaciones sin dejar las antiguas señales de clonación. Que una manipulación pueda hacerse sin dejar esas señales no demuestra que el SARS-CoV-2 fuera manipulado; significa, sencillamente, que la ausencia de cicatrices no permite excluirlo.

La genética inversa hace posible algo conceptualmente extraordinario, empezar no por el virus, sino por su secuencia. A partir de ella podemos construir DNA,

obtener RNA y terminar recuperando un virus infeccioso. Hemos recorrido el camino al revés. Es una herramienta formidable, aunque complica mucho cualquier análisis forense posterior, porque una modificación realizada en un laboratorio puede reproducir exactamente un cambio que también podría haber aparecido mediante mutación o recombinación natural.

“ni la hipótesis de laboratorio ni la zoonótica han encontrado todavía la pieza decisiva”

La hipótesis de una manipulación tiene un problema enorme y es que no conocemos públicamente ningún virus almacenado en el WIV antes de 2019 que pueda identificarse como progenitor inmediato del SARS-CoV-2. RaTG13, el coronavirus más famoso de su colección comparte alrededor del 96 % del genoma, pero en treinta mil nucleótidos eso significa más de mil diferencias. Una verdadera barbaridad, y esa pieza sigue sin aparecer.

Lo curioso es que tampoco la explicación zoonótica ha conseguido cerrar por completo el círculo. Más de seis años después seguimos sin disponer de un animal concreto del que podamos decir que transmitió el SARS-CoV-2 al primer ser humano. La OMS considera que el peso de la evidencia disponible favorece actualmente una zoonosis, pero reconoce al mismo tiempo que no ha podido evaluar completamente la posibilidad de un accidente de laboratorio porque sigue faltando información. Esto huele más a que a una respuesta científica a una respuesta política.

Existe además una tercera posibilidad que frecuentemente se olvida. El virus podría haber sido completamente natural y aun así haber llegado a la población a través de una actividad de investigación. Un investigador recoge muestras de murciélagos, las transporta, las procesa y se infecta accidentalmente durante alguna de esas fases. En ese escenario no habría manipulación genética alguna y, sin embargo, el inicio de la epidemia seguiría estando relacionado con investigación científica. La pregunta “¿natural o artificial?” se queda corta; lo importante es reconstruir la cadena de acontecimientos que llevó al virus desde su reservorio hasta el primer ser humano infectado.

“la opacidad no demuestra un origen, pero impide cerrar la discusión”

Con el tiempo apareció otra cuestión bastante poco edificante. Los correos de David Morens, asesor científico del NIAID, mostraron el uso de cuentas privadas para determinadas comunicaciones y conversaciones

sobre cómo evitar solicitudes de acceso a información. Esto no demuestra que Fauci supiera que el virus había salido de Wuhan, pero cuesta sostener que semejante comportamiento ayudara a generar confianza. Cuando faltan documentos, la sospecha ocupa inmediatamente su lugar.

Algo parecido ocurre con China. Si durante las primeras semanas las autoridades sospecharon que el virus podía estar relacionado con una actividad científica, tenían razones poderosas para no reconocerlo. Una admisión semejante habría supuesto asumir el coste político de una negligencia de bioseguridad y abrir una discusión internacional sobre responsabilidades económicas de una magnitud difícil de imaginar. Existe incluso una tesis bastante más inquietante y es que Pekín no tenía ningún interés en detener inmediatamente la circulación internacional mientras sólo China soportara el coste económico de la epidemia. La lógica económica existe, pero aquí conviene no correr más que las pruebas. Sabemos que China ocultó información, reprimió algunas alertas tempranas y que el virus circuló internacionalmente antes del cierre de Wuhan. Lo que no sabemos es si permitir esa expansión fue una decisión deliberada o simplemente la consecuencia de haber intentado ocultar durante demasiado tiempo un problema que se les estaba escapando de las manos.

“mi probabilidad subjetiva de un accidente relacionado con investigación es hoy mayor que en 2020”

Después de esta acumulación de hechos, dudas y comportamientos difíciles de explicar llega la pregunta que realmente importa: ¿qué creo que ocurrió? No puedo demostrar que el SARS-CoV-2 saliera del Wuhan Institute of Virology y tampoco puedo demostrar que fuera manipulado genéticamente. Quien afirme cualquiera de esas dos cosas como un hecho científicamente establecido está yendo más allá de la evidencia disponible.

Si me preguntan hoy qué probabilidad atribuyo a un accidente relacionado con investigación frente a la que le habría atribuido en enero de 2020, mi respuesta sí ha cambiado de manera considerable. No por una única señal genética, sino por acumulación. Wuhan albergaba uno de los principales centros mundiales de investigación de coronavirus de murciélagos; sus investigadores llevaban años recolectándolos y caracterizándolos, utilizaban genética inversa, construían virus quiméricos, trabajaban bajo distintos niveles de contención y parte de sus investigaciones fueron financiadas mediante un sistema que posteriormente resultó estar insuficientemente supervisado. Añádase la imposibilidad de acceder a determinados registros

y la existencia, desde hacía muchos años, de técnicas capaces de realizar algunas manipulaciones sin dejar las antiguas cicatrices moleculares.

Por deformación profesional tiendo a pensar estas cosas de forma bastante bayesiana, qué quieren que les diga. Partíamos en 2020 de una probabilidad y desde entonces han aparecido datos nuevos. Mi probabilidad subjetiva de un accidente relacionado con investigación es hoy claramente superior a la que habría asignado al comienzo de la pandemia, aunque ninguno de esos datos lo demuestre por sí solo.

“los virus no conservan memoria de lo que les hacemos, pero los laboratorios deberían hacerlo”

Quizá nunca sepamos exactamente qué ocurrió. También es posible que el virus saltara de un animal al ser humano y que la presencia en Wuhan de un gran centro de investigación de coronavirus fuera una extraordinaria coincidencia. Pero incluso si mañana se

demonstrara eso, quedaría una conclusión incómoda: durante las últimas décadas la biología molecular ha desarrollado herramientas capaces de manipular virus con una precisión extraordinaria, mientras nuestros sistemas de control, trazabilidad y supervisión han avanzado bastante más despacio.

Podemos reconstruir genomas, intercambiar proteínas, introducir mutaciones y recuperar virus infecciosos a partir de una secuencia. La bioseguridad futura no puede limitarse a disponer de trajes presurizados, puertas herméticas y filtros HEPA. Necesitamos registros completos, trazabilidad de muestras, secuencias depositadas, auditorías independientes y transparencia en la financiación.

Quizá dedicamos demasiado tiempo a buscar en el propio virus una cicatriz que resolviera el misterio. Después de seis años tengo la impresión de que, si la respuesta existe, probablemente estaba en los registros, las muestras y los cuadernos de laboratorio. Los virus no conservan memoria de lo que les hacemos, pero los laboratorios deberían hacerlo.