

Este análisis comprueba que el SARS-CoV-2 se originó en un laboratorio

Análisis escrito por [Dr. Joseph Mercola](#)

✓ Datos comprobados

HISTORIA EN BREVE

- › Un análisis Bayesiano muy conservador entierra toda duda razonable de que el SARS-CoV-2 se originó en un laboratorio. Existe una probabilidad del 99.8 % de que el SARS-CoV-2 se haya originado en un laboratorio y solo una probabilidad del 0.2 % de que se haya originado en la naturaleza
- › Ninguna de las 80 000 muestras de 209 especies animales diferentes ha demostrado contener SARS-CoV-2
- › De los primeros 259 casos en China, ninguno pudo vincularse al contacto con animales. Todos fueron transmisiones interpersonales. Esto es el equivalente a ir a Las Vegas, lanzar una moneda y sacar cara 259 veces, lo cual es casi imposible
- › Cuando se combinan estas dos anomalías estadísticas, la probabilidad real de que el virus provenga de la naturaleza es inferior a uno en todos los átomos del universo: 10^{80} , que es una cifra enorme, por lo que es casi imposible
- › El SARS-CoV-2 tiene una firma proteica similar a la de la melitina, una toxina del veneno de abeja

En esta entrevista, el Dr. Steven Quay, uno de los científicos más citados del mundo, discute su análisis Bayesiano publicado el 29 de enero de 2021, el cual concluye que, sin lugar a dudas, el SARS-CoV-2 se originó en un laboratorio. Quay es un médico con un doctorado en Química.

Igualmente, posee 87 patentes en 22 campos médicos, incluido el gadolinio que se utiliza con imágenes de resonancia magnética.

A lo largo de su carrera, Quay ha publicado 360 artículos que se han citado más de 10 000 veces. No obstante, su artículo sobre el origen del COVID se ha descargado 170 000 veces. El análisis Bayesiano, o inferencia Bayesiana, es una herramienta estadística que se utiliza para responder preguntas sobre parámetros desconocidos por medio de distribuciones de probabilidad para datos observables.

El análisis muy conservador de Quay demuestra que solo hay una probabilidad del 0.2 % de que este virus se haya originado en la naturaleza y una probabilidad del 99.8 % de que haya emergido de un laboratorio. Su artículo de 140 páginas puede descargarse de zenodo.org para quienes quieran ahondar en la información de este análisis estadístico. Quay presentó estos datos a los representantes de la Cámara durante una reunión del subcomité sobre la crisis del coronavirus, el 26 de junio de 2021.

En vez de utilizar las estadísticas observadas de los datos que recopiló, redujo radicalmente la probabilidad a 1 en 20. Cuando se combinan todas las anomalías estadísticas de los 26 puntos de datos diferentes que recopiló, la probabilidad real de que el virus provenga de la naturaleza es inferior a 1 en todos los átomos del universo: 10^{80} , que es una cifra enorme, por lo que es casi imposible.

El SARS-CoV-2 contiene una secuencia de proteínas que se encuentra en la toxina del veneno de abeja

Para enero de 2020, Quay sabía que el SARS-CoV-2 podría ser problemático.

"En ese momento nadie prestó atención porque no había necesidad de hacerlo", dice. "Vi este virus salir de China. Observé la secuencia y recuerdo que le dije a mi esposa: 'sé lo que les hará a las células', porque durante cinco años en Stanford, estudié y fui el experto mundial en la toxina melitina, que es una toxina del veneno de abeja, lo que produce el dolor cuando entra en contacto con el veneno de abeja ..."

La toxina del veneno de abeja, melitina, tiene la misma secuencia que el SARS-CoV-2 ... Dirijo una empresa pública, así que fui a la junta un par de semanas después y dije: 'mira, creo que podemos llegar a algunas terapias e ideas relacionadas'. De hecho, estamos en ensayos clínicos con algunos productos terapéuticos contra el SARS-CoV-2.

Luego, comencé a escuchar algunas advertencias de salud pública muy descabelladas sobre los cubrebocas, distanciamiento social y otras cuestiones, así que escribí un libro breve que se llama 'Stay Safe: [A Physician's Guide to Survive Coronavirus]'. Eso me tomó la temporada de verano. Y luego volví a retomar una idea. Estaba muy preocupado por lo que percibía como propiedades de este virus, que nunca antes había observado.

Ahora, es de conocimiento público que el gobierno identificó uno de mis artículos, así que fui contactado por el Departamento de Estado en el otoño y, en esencia, fui asesor de sus programas, lo que incluyó una profunda participación de tres horas en sus diferentes comités o agencias ...

Continúo impulsando el tema porque ... si es cierto que provino de la naturaleza, hay ciertas acciones que deberíamos tomar de forma diferente para que no suceda de nuevo. Pero, si emergió de un laboratorio, hay un conjunto de medidas completamente diferentes que debemos implementar. No se trata de buscar culpables".

Diversas maneras en que un virus puede volverse más peligroso

En fechas recientes, Quay publicó otro artículo en el que revela que el Instituto de Virología de Wuhan (WIV, por sus siglas en inglés) también trabajaba en otro virus, el virus Nipah, que tiene una tasa de letalidad del 90 %. No es necesario ser un genio para descubrir lo que podría pasar si se escapara un virus con ese nivel de letalidad. Quay explica:

"El WIV publicó un artículo inicial sobre muestras de pacientes con COVID en el hospital ... Que es el artículo más leído desde que inició la pandemia. Hice un

análisis profundo de los datos sin procesar. La secuencia es de 30 000 nucleótidos, los 55 millones de nucleótidos de los datos sin procesar. Lo que observamos es una huella digital de lo que han hecho durante los últimos dos años. Han hecho una gran cantidad de investigaciones descabelladas".

Como explicó Quay, el WIV ha existido durante unos 40 años. En el 2003, tras la aparición del SARS-CoV-1, los Estados Unidos y Francia ayudaron a China a reformar el WIV para convertirlo en un laboratorio biológico BSL 4 más seguro, el único en China. Desde entonces, el WIV se convirtió en un laboratorio principal para analizar los virus zoonóticos. También, es uno de los tres principales laboratorios de biología sintética con ganancia de función, que puede lograrse de diversas formas.

Si se sabe lo que quiere modificarse, puede insertarse un nuevo aminoácido sintético en el patógeno. Si no se tiene una idea precisa del cambio que se quiere conseguir, pero se pretende que el patógeno se adapte de un animal a un humano, puede hacerse lo que se llama pasaje seriado, en el que el virus pasa por una serie de tejidos animales y humanos.

Por ejemplo, podría empezar infectando a 20 ratones humanizados con un virus, luego aislar el virus del ratón más enfermo y dárselo a otros 20 ejemplares. Los ratones humanizados son ratones modificados genéticamente para que tengan tejido pulmonar humano. Después de cuatro o cinco pasajes similares, el virus habrá mutado para atacar y matar a los huéspedes humanos.

"La tercera forma es colocar grandes fragmentos del material. Por ejemplo, la parte del virus del SARS-CoV-2 que interactúa con la célula tiene unos 200 aminoácidos, así que se multiplica por tres el ácido nucleico, serían 600. Se puede colocar un gran fragmento de 600 y pasarlo instantáneamente de un animal a los humanos, o llevarlo en la dirección deseada.

Así que, esas son las tres [estrategias principales]: saber qué hacer con los puntos aislados, dejar que la naturaleza lo haga de forma aleatoria a través de un pasaje seriado y luego colocar grandes fragmentos".

¿En qué consiste el Teorema Bayesiano?

Como lo dije anteriormente, el análisis Bayesiano es una herramienta estadística que emplea distribuciones de probabilidad. El teorema fue desarrollado por Thomas Bayes, un ministro presbiteriano del siglo XVII y estadístico-matemático que publicó muchos trabajos durante su vida. Tras su muerte, su patrimonio sucesorio demostró unas notas privadas en las que se detallaba un proceso para entender acontecimientos grandes y complejos de forma sencilla y directa. La ecuación Bayesiana es A multiplicado por B, dividido entre C. Quay explica:

"Es exactamente lo mismo que hacemos cuando tenemos un equipo de béisbol favorito y lo vemos durante la temporada. Antes de la temporada, ya sabemos lo que hicieron el año pasado. Sabemos quiénes son los nuevos jugadores, entrenadores, todas esas cuestiones, y desarrollamos lo que llamamos una predicción previa.

Clasificamos a los equipos en función de lo que creemos que ocurrirá en las Series Mundiales, y eso es lo que denomina nuestras probabilidades previas y posteriores. Luego, comienza la temporada y empiezan a ganar y perder partidos, las personas se lesionan, obtienen nuevos jugadores, hacen fichajes y hay actualizaciones cada semana.

Quizás, al comienzo de las Series Mundiales, se haya alejado mucho del punto en el que se encontraba al principio de la temporada, ya que ahora sólo quedan dos equipos; sin embargo, aún se desconoce el análisis final. Una de las advertencias de esta obra de 140 páginas se encuentra al final, aunque me parece que puede haber una posibilidad entre 500 de que se haya generado de la naturaleza, eso significa que, existe una probabilidad muy elevada de que se haya originado en un laboratorio".

Origen del SARS-CoV-2 según el Análisis Bayesiano

Con respecto al SARS-CoV-2, "A" sería la estimación previa de la probabilidad de que proceda de un laboratorio o de la naturaleza. "B" es la nueva evidencia, la nueva

probabilidad de que provenga de un laboratorio, y "C" es la probabilidad de que haya emergido de la naturaleza. Al multiplicar A y B, y dividirlo entre C, se obtiene un nuevo principal A, una única probabilidad. Sin embargo, a medida que se acumulan nuevos datos, la respuesta cambia.

"En esencia, lo primero que hice fue asumir la probabilidad previa de que haya emergido de la naturaleza o de un laboratorio, sin saber nada. Ese tiene que ser el punto de partida. Se obtuvo la información a través de tres artículos. Uno decía que ocho veces al año ocurre un salto natural de la naturaleza a un ser humano.

Otro artículo decía que, una vez al año, hay una fuga de laboratorio en Asia, por lo que la probabilidad es de 8:1 [a favor del origen natural]. Eso representa una probabilidad del 85 % de que se originó en la naturaleza. Utilicé tres artículos, y mi punto de partida fue una probabilidad del 98 % de que emergió de la naturaleza, sin contar con más datos".

Quay no incluyó los tres artículos en los que se apoyaron los medios de comunicación convencionales y los verificadores de hechos para desacreditar la teoría del origen en el laboratorio, y en su artículo explica por qué fueron excluidos. En resumen, se basaban en la especulación y no en la ciencia, por lo que el sesgo evidente y la carencia de hechos científicos les otorgaba poca fiabilidad.

Enseguida, agregó 26 pruebas diferentes en la ecuación. El primer dato fue el hecho de que el virus surgió por primera vez en Wuhan (China), algo que nunca antes había ocurrido. Wuhan tiene una población de 11 millones de personas. Es una zona muy urbana donde los humanos tienen poco contacto con la naturaleza. Wuhan también cuenta con uno de los tres únicos laboratorios de bioseguridad nivel 4 del mundo que realizan investigaciones específicas sobre coronavirus. Luego, calculó las probabilidades.

"Conoce la superficie y población de China. Si el virus ocurriera al azar, ¿cuál sería la probabilidad de que se produjera en Wuhan? Si hay un laboratorio en

Wuhan, ¿qué posibilidades hay de que se haya escapado a otro lugar de China y que no haya aparecido en Wuhan?

Dicho de otra manera. Si provino de la naturaleza, ¿por qué apareció en Wuhan? Si salió de Wuhan, ¿cuál es la probabilidad de que haya aparecido por primera vez en otro lugar de China? Eso impacta muy fuertemente en las probabilidades. Ese fue el primer punto, luego trabajaron en los demás".

¿Qué es la transmisión zoonótica?

La cuestión de la zoonosis es una pieza clave que marca una gran diferencia en este cálculo Bayesiano. Para que ocurra el proceso de zoonosis, debe haber un animal con columna vertebral (vértebras) infectado por un microbio. Por ejemplo, la malaria no es una enfermedad zoonótica, porque los mosquitos no tienen vértebras. La malaria es una enfermedad transmitida por vectores.

La clave para encontrar el origen de una transmisión zoonótica es localizar al animal. Si el animal está en la comunidad, la transmisión zoonótica se produce a través de un proceso natural. Si la transmisión se produce en un laboratorio, se trata de una infección adquirida en el laboratorio, no de una transmisión zoonótica. Al principio, nos dijeron que hasta el 70 % de los primeros pacientes de COVID habían visitado uno o más mercados de Wuhan, algunos con animales vivos a la venta.

El problema es que el SARS-CoV-2 no se encontró en ninguno de los más de 1000 especímenes animales recolectados en esos mercados. También tomaron muestras de más de 1000 alimentos congelados importados a China y todas resultaron estar limpias. Sin embargo, alrededor del 15 % de las muestras ambientales tenía presencia del virus.

Asimismo, recolectaron muestras de los demás mercados de la provincia de Hubei, donde se encuentra Wuhan. Pero, no tenían virus. Se analizaron unos 1000 murciélagos en Hubei y no se encontró ningún virus. Al final se analizaron más de 80 000 animales que representaban a 209 especies de todas las provincias de China y no se encontró rastro de SARS-CoV-2.

En comparación, el SARS-1 se encontró en el 85 % de los animales analizados. El huésped original fue identificado como civeta. El MERS, procedente de Oriente Medio, se originó en un murciélago que lo transmitió a un camello antes de convertirse en un virus humano y se encontró en el 90 % de los animales. Sin embargo, tras la mayor vigilancia realizada en la historia, en la que se han analizado 80 000 especímenes de animales, no se encontró ninguno portador del SARS-CoV-2.

"En mi análisis Bayesiano ... aunque debería agregar 80 000 en el denominador de mi ecuación, lo que hice fue degradarlo al estándar en los ensayos clínicos de biología a una P de 0.05. Y dije: 'a pesar de que era 0 de 80 000 [el virus], lo trataré como si fuera un evento de 1 en 20,' porque esa era la única manera en que podía continuar el análisis. De lo contrario, lo hubiera terminado desde el principio", explica Quay.

Para ser claros, esto le otorga una ventaja muy injusta a la teoría del origen zoonótico, pero Quay quería tener un análisis completo de todos los parámetros. La diversidad es un rasgo distintivo de la naturaleza; sin embargo, no hay diversidad de este virus en la vida silvestre. Los defensores de la zoonosis han argumentado que el virus debe encontrarse en altas concentraciones en una especie intermedia, pero ni una de las 80 000 muestras de 209 especies animales diferentes fue portadora del virus.

No se encuentra ningún reservorio animal o huésped intermedio

El virus en sí es otra pieza clave del análisis. Los murciélagos son los reservorios naturales de los coronavirus. Los virus nunca se erradican, ya que los murciélagos nunca se enferman con ellos. Sólo habitan en los murciélagos durante décadas, mutando y recombinándose con otros virus durante el proceso. El contacto entre murciélagos y humanos es muy poco frecuente, por lo que la mayoría de las veces la transferencia se produce entre los murciélagos, el huésped reservorio y un huésped intermedio antes de entrar en la población humana.

“ De los primeros 259 casos en China, ninguno pudo vincularse al contacto con animales. Todos fueron transmisiones interpersonales. Esto es el equivalente a ir a Las Vegas, lanzar una moneda y obtener cara 259 veces, lo cual es prácticamente imposible. ”

Eso es lo que ocurrió con el SARS-1 y el MERS. Los primeros casos de SARS-1 y MERS se dividieron de forma equitativa entre la transmisión en personas, y las transmisiones que se produjeron entre diferentes animales y personas. Esto significa que lo más probable es que ambos virus sean de origen zoonótico.

Como se mencionó anteriormente, Quay cita investigaciones que demuestran que las transmisiones naturales a un humano se producen ocho veces al año, mientras que las fugas de laboratorio se producen una vez al año. Eso nos da una probabilidad de 8 a 1 de que sea de origen zoonótico. Sin embargo, de los primeros 259 casos en China, ninguno se atribuyó al contacto con animales. Todos fueron transmisiones interpersonales.

Como señala Quay, "esto es el equivalente de ir a Las Vegas, lanzar una moneda y obtener cara 259 veces. Cuando le pide a su estadístico que lo haga, es un valor P con 84 ceros y un número, así que, de nuevo, eso es imposible".

Para entender lo grande que es esta cifra, el número estimado de átomos en el universo es de 10 a la potencia de 80. A pesar de que esto demuestra que es más o menos imposible que el SARS-CoV-2 tenga un origen zoonótico, Quay le dio un valor P de sólo 0.5 (o una probabilidad de 1 entre 20), de nuevo, sólo para seguir con el análisis.

"No se encuentra en los animales salvajes. El virus es un espécimen puro, empieza con una secuencia y comete un error cada dos semanas de forma aleatoria, y si es el tipo de error que le agrada, se lo queda y entonces se desarrolla", dice.

"De nuevo, el SARS-1, el MERS, cualquier otra zoonosis, cuando se pasa a los humanos, es un proceso de dos pasos. Al principio, se pasa a los humanos, pero no tiene todo lo que necesita. No puede fabricar muchos virus y por eso se destruye, y luego lo vuelve a intentar, una y otra vez. Se pasa a los camellos, ese tipo de cosas.

Con el tiempo, logra todas las mutaciones que necesita para soportar la transferencia entre humanos. Entonces se establece la base para una epidemia, pero ese es un proceso largo. En el caso del SARS-1, se tardó un año y medio. Con el MERS, se necesitaron dos años y medio en camellos, antes de llegar a ese punto. Pero ¿qué significa eso? Cada vez que un humano contrae una infección ... hay un registro en su sangre. Produce anticuerpos contra el virus.

Una vez que se sabe que una zoonosis pasará a los humanos, deja un registro en las muestras del hospital y obtiene una prueba de la epidemia del propio virus, puede volver al hospital y encontrar muestras. Por lo regular, puede oscilar entre el 1, 4, 7 y casi el 20 % de los ejemplares.

Por ejemplo, las personas que trabajan en el mercado tendrán pruebas de anticuerpos de que tenían la infección, lo supieran o no.

Se trata de una herramienta muy poderosa. Debido a la capacidad única de este virus para lograr la transmisión interpersonal, [Kristian Andersen, un virólogo del Instituto de Investigación Scripps de California publicó un artículo que apoya el origen zoonótico] predijo que habría mucha seroconversión preepidémica.

Son palabras elegantes para decir "vaya a un hospital, saque muestras del refrigerador, analícelas y busque un alto porcentaje". Por supuesto, las personas le tomaron la palabra y analizaron más de 9900 muestras almacenadas en diciembre [2020] y antes en Wuhan. ¿Cuántos cree que encontraron que fueran positivos?

Mi estadístico dice que deberían haber obtenido entre 100 y 400. Pero, obtuvieron cero. Si ejecuta el proceso, es una probabilidad de 1 en un millón.

El virus tiene la increíble capacidad de ser el más agresivo entre humanos que se haya visto en la historia de la virología, pero no tiene el rasgo distintivo de cómo se generaría en la naturaleza, que es el contacto humano preepidémico. No puede haber ambas propiedades en el mismo virus, si proviene de la naturaleza.

Ahora bien, si se toma un ratón que fue humanizado en un laboratorio para que tenga pulmones humanos y se hace un pasaje seriado, esa es una forma efectiva de hacerlo.

Aunque parezca sorprendente, dos meses después de que estallara la epidemia, estábamos en febrero-marzo de 2020, la Dra. Shi, del Instituto de Virología de Wuhan, y el Dr. Baric, en los Estados Unidos, el principal biólogo a nivel mundial de la investigación de los coronavirus, publicaron un artículo en el que decían: 'si cultiva este virus en ratones transgénicos, matará a los ratones y, por cierto, contraerán infecciones cerebrales, lo que es muy inusual'.

Yo diría: 'sí, es probable que ese haya sido el experimento que se realizó en 2019 y que haya provocado el brote'.

De nuevo, mediante el uso de datos muy conservadores, el análisis de Quay demuestra que existe una probabilidad del 99.8 % de que el SARS-CoV-2 se haya creado en un laboratorio.

Las extrañas proteínas del SARS-CoV-2 pueden suprimir su función inmunológica

Al final de la entrevista, Quay suelta otro bombazo. El SARS-CoV-2 produce tres tipos principales de proteínas. Las primeras son las proteínas estructurales de un virus: las proteínas Spike, envoltura y nucleoplasma. También elabora proteínas que se encargan del proceso de fabricación de las células, lo que permite que el virus se replique dentro de la célula. Además de éstas, también produce dos proteínas muy extrañas que se excretan en la sangre.

"Estas extrañas proteínas no son el virus y no están en la célula", explica Quay. "Cuando tiene una infección, presenta fiebre, suda y siente escalofríos, se siente muy mal de salud. Pero, no es por el virus. Esa es la respuesta del interferón que le ayuda a combatir el virus, y en la prehistoria es probable que les indique a los miembros de su tribu aislarse en su propia choza. Por lo que evolucionó como una señal social para la supervivencia de la tribu".

Fuentes y Referencias

- [PR Newswire/Yahoo! Finance January 29, 2021, About Steven Quay](#)
- [Zenodo January 29, 2021](#)
- [Bayesian.org](#)
- [Select Subcommittee on the Coronavirus Crisis, Opening Remarks by Dr. Steven Quay June 26, 2021 \(PDF\)](#)
- [Nature Medicine March 17, 2020; 26: 450-452](#)