

Manuel Ansede. Los expertos en la Biblia saben lo importantes que son las erratas para averiguar la antigüedad de un ejemplar. Los impresores reales de Londres, por ejemplo, se comieron en 1631 la palabra “no” al copiar uno de los diez mandamientos, el séptimo, que se publicó así: “Cometerás adulterio”. Solo con ver ese fallo, cualquier investigador pensaría en la llamada biblia adúltera del siglo XVII. El nuevo coronavirus, como los copistas bíblicos, es muy bueno haciendo copias de sí mismo, pero de vez en cuando también se equivoca al transcribir las 30.000 letras químicas de su genoma, así que los científicos pueden inspeccionar esos errores para reconstruir su historia. Un virus de octubre está a unas 20 mutaciones de distancia de los primeros estudiados al inicio de la pandemia.

El análisis genético de los coronavirus de 2.170 pacientes, el mayor realizado hasta la fecha, ha identificado al menos 519 introducciones independientes del virus en España durante la primera ola, la mayoría a partir de mediados de febrero. Los investigadores señalan “entradas múltiples por Valencia” tras el partido de fútbol Atalanta-Valencia, jugado el 19 de febrero en Milán, al que acudieron unos 2.500 aficionados valencianistas. Los científicos también sugieren un papel relevante de la Semana de la Moda de Milán, celebrada del 18 al 24 de febrero con visitantes españoles, y de la feria internacional de arte contemporáneo ARCO en Madrid, inaugurada el 27 de febrero en IFEMA, el mismo recinto ferial madrileño que un mes después estaría [reconvertido en un hospital](#) para enfermos de covid.

“No existe un paciente cero”, recalca [el informe](#), elaborado para las autoridades sanitarias por un equipo encabezado por el biólogo [Iñaki Comas](#)

, del Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC). Los autores han identificado dos familias genéticas, denominadas SEC7 y SEC8, que son “los principales grupos causantes de la epidemia en España”, al concentrar el mayor número de contagios: el 10% y el 30%, respectivamente. La SEC8 llegó a representar el 60% de los casos secuenciados en las primeras semanas de marzo. Ambas familias se corresponden a cepas del virus circulantes en China al comienzo de la pandemia. “Esto sugiere que las introducciones se dieron muy pronto en España”, mientras que en Europa predominaron otros tipos posteriores, señalan los autores.

Una familia genética del coronavirus, bautizada SEC8, llegó a representar el 60% de los casos secuenciados a comienzos de marzo

El Centro Europeo para la Prevención y el Control de las Enfermedades ya alertó el 18 de enero de que el aeropuerto de Wuhan (China) tenía seis vuelos semanales directos a París,

tres a Roma y otros tres a Londres. El Gobierno español decretó el estado de alarma el 14 de marzo, imponiendo el aislamiento de millones de personas en sus casas y el blindaje fronterizo. “Un control de fronteras más estricto, unido a cierres de movilidad tempranos y locales, probablemente hubiera limitado la expansión del SEC8 y, por tanto, de la epidemia en España”, sostiene el equipo de Comas.

El informe recuerda que el caso más antiguo de covid en España fue el de un hombre de 69 años que regresó el 30 de enero de un viaje a Nepal y falleció el 13 de febrero por neumonía en un hospital de Valencia. “Sin embargo, la identificación de un caso temprano no implica que el paciente en cuestión sea el generador o iniciador de la pandemia en España. De hecho, ni en los estudios epidemiológicos ni en nuestros análisis este paciente generó ningún caso secundario”, explican los científicos. Aquel caso procedente de Nepal “no dejó rastro”, según los investigadores.

El equipo de Iñaki Comas ha cruzado los resultados de los análisis genómicos con los escasos datos epidemiológicos para intentar explicar “cómo unos pocos casos pueden convertirse en miles en solo unas semanas”. Su informe señala que la variante SEC8 se introdujo pronto desde Italia por Valencia y Madrid, y posiblemente por otras ciudades, y se diseminó rápidamente gracias a varios “eventos de superdispersión local”, como un funeral en Vitoria el 23 de febrero, con más de 60 personas infectadas entre los asistentes y sus contactos cercanos.

La familia SEC8, sorprendentemente, no presenta [la mutación D614G](#), un cambio en una sola letra del genoma del virus que algunos científicos creen asociada a una mayor capacidad para infectar. “No hemos detectado ningún tipo de mutación específica [vinculada a una mayor transmisibilidad]. El éxito de una mutación tiene más que ver con la oportunidad: estar en el sitio correcto en el momento indicado”, opina Comas.

“Todo el mundo ha llegado tarde en esta pandemia, incluidos nosotros con este informe”, admite el biólogo Iñaki Comas

Estas variantes genéticas dominantes en la primera ola son ahora, sin embargo, muy residuales. “Prácticamente todas se han extinguido, indicando el gran éxito que representó el confinamiento”, afirman los investigadores, que tienen datos preliminares de que nuevos grupos han reemplazado a los de la primera ola.

España es el segundo país europeo y el cuarto del mundo en número de genomas del virus secuenciados, sobre todo gracias al consorcio [SeqCOVID](#), dirigido por Iñaki Comas y por el genetista [Fernando González Candelas](#), catedrático de la Universidad de Valencia. Sin embargo, sus resultados han llegado con mucha demora, según reconoce el propio Comas. “Todo el mundo ha llegado tarde en esta pandemia, incluidos nosotros con este informe”, admite el biólogo.

Su dossier enumera “toda una serie de problemas” que han impedido generar datos con rapidez. “La información en tiempo real, como ocurre en el Reino Unido, requiere de personal disponible que esté dedicado a tiempo completo a generar informes. SeqCOVID no dispone de ese personal por falta de presupuesto”, critica el documento, que lleva los sellos del CSIC y del Ministerio de Ciencia.

El informe también lamenta la falta de acceso a muestras de pacientes, por la sobrecarga en los hospitales durante la pandemia, y sobre todo a sus datos epidemiológicos: dónde y con quiénes estuvieron esas personas en los días previos. “Para la mayoría de casos solo tenemos un número limitado de variables recogidas. Ligar esos casos a datos epidemiológicos es casi imposible dada la gran variedad de instituciones que deben involucrarse para su obtención”, reconocen los autores en su informe. “No existe una estructura de vigilancia epidemiológica con genomas en España”, señala Iñaki Comas, que pide a las autoridades que se fijen como objetivo conseguir esta vigilancia “en tiempo real”.

Fuente: El País