

“La idea de un paciente cero es un estigma, buscar a un falso culpable”

FERRAN BONO, Valencia

La misma metodología en la investigación que permitió condenar hace 13 años al anestesista Juan Maeso por contagiar a 275 personas con la hepatitis C está empleando el científico Fernando González Candelas para confeccionar ahora el mapa epidemiológico genético del coronavirus en España. En ambos casos se trabaja con una parte de la teoría de la evolución, llamada de la coalescencia, en la que se busca el ancestro común, en términos más coloquiales, “el Adán y Eva de los microorganismos”, explica el catedrático de Genética.

Dos grandes pantallas con sendos mapamundis presiden su despacho: uno da cuenta de los contagios y muertes por covid-19 y otro de las secuenciaciones del genoma y su dispersión. “Hoy contamos con herramientas más poderosas: entonces solo trabajábamos con fragmentos del genoma del virus; ahora lo hacemos con el genoma completo, pero conceptualmente no hay diferencias”, comenta sobre el estudio elaborado con su colega Andrés Moya y publicado en la revista *BMC Biology* que le procuró hace más de una década reconocimiento fuera y dentro del ámbito científico.

En la condena de 2.000 años a Maeso por inyectarse un poco de anestesia antes de hacerlo a sus pacientes pesó decisivamente aquella investigación. Probó que el sanitario (hoy en prisión) no era una víctima más, como argumentaba su defensa, sino el ancestro de las infecciones. Fue un ejemplo de aplicación práctica de la investigación genética, un aspecto al que concede mucha importancia González Candelas, el primero en secuenciar el genoma del coronavirus en España.

Nacido en Valladolid hace 60 años y radicado en Valencia desde niño, el genetista lidera, junto con Iñaki Comas, el ambicioso proyecto de reunir hasta 20.000 secuencias del genoma en España. La investigación del CSIC, en



Fernando González Candelas, la semana pasada en la fundación Fisabio de Valencia. / MÓNICA TORRES

colaboración con la Fundación Fisabio de la Generalitat y la Universitat de València, cuenta de momento con 750.000 euros de fondos donados por Mapfre y la participación de numerosos expertos interdisciplinarios y de más de 40 hospitales españoles.

“El objetivo principal es poder entender y dar información a las autoridades sanitarias con fines básicos y de aplicación de cómo se ha ido expandiendo el virus para tomar medidas. Los objetivos adicionales son muchos: averiguar las vías de entrada, ver cómo aumentan algunos virus y otros no, por qué proliferan unas semillas, si el virus ha entrado, por ejemplo, una o varias veces en una residencia o en un hospital o si el personal se ha infectado dentro o fuera...”, señala.

Lleva ya recogidas unas 600 secuencias reunidas, la mayoría de Valencia. Pero es reticente a

avanzar alguna conclusión en mitad de la investigación, a pesar de “las circunstancias especiales” que comprende por la emergencia, pero que empujan a análisis “apresurados que no cumplen con los tiempos de la ciencia”.

Apunta, no obstante, una idea básica esbozada también por otros científicos: “No existe un paciente cero ni en Valencia ni en España y, posiblemente, se puede inferir, no existe tampoco un paciente cero para la pandemia. Cuando se inicia la epidemia normalmente ya hay muchos más casos que no se han detectado. Se ve el primer paciente el 6 de diciembre y otro el 8, pero hasta el 24 no llama la atención. Y estás viendo la punta del iceberg, no ves la masa. Sabemos que hay un gran número de casos asintomáticos o con síntomas leves. Estos coinciden con el inicio de la época de las gripes y los catarros y

entonces se les diagnostica así hasta que algunos ingresan con síntomas más graves y el especialista dice que esto no es gripe. Pero no sabemos cuántos más han sido infectados y no detectados. Esa idea de buscar el paciente cero es un estigma, una etiqueta periodística, que pone la presión en identificar a un culpable que no es tal”.

“Es muy humano buscar al responsable, pero sirve para lo que sirve. EE UU culpa a China de inventarse el virus y China a EE UU porque en sus laboratorios había científicos americanos y EE UU quiere fastidiar a China por la guerra comercial de 5G y entonces llegan los conspiranoicos”, apostilla en su despacho de la Fundación Fisabio de Valencia. “Da rabia que haya gente inteligente que se olvide de pensar y se deje llevar por ideas que se acomodan más a sus filias y a sus fobias que lo que sería racional”, agrega.

Escasa mutación

González Candelas no duda de que el coronavirus pasó del reino animal al humano, como otros muchos casos de virus como el ébola o el VIH. “Como científico solo puedo decir no hay ningún dato que nos lleve a pensar lo contrario”, afirma. La escasa mutación del coronavirus, menor que la de la gripe, significa que “en el tratamiento de la futura vacuna es menos probable que aparezcan mutaciones de resistencia a los tratamientos de escape”. Pero, para los genetistas, significa también que “dificulta el seguimiento del virus, porque si muta podemos seguir muy bien sus distintos linajes”.

El genetista subraya que “en la ciencia no sirven las anécdotas”. “No sirve decir que una persona vacunada tuvo problemas para decir que las vacunas matan. Uno de los problemas es lo eficiente que han sido las vacunas, porque la gente no ha vivido un mundo sin vacunas. Entonces es muy fácil decir que las vacunas en general son malas, como sostienen algunos. Malo era cuando la mitad de la población moría antes de los 10 años y la esperanza de vida de la humanidad era de 30 y pocos. Prácticamente, en el siglo XX se ha duplicado la esperanza de vida de 40 a 80 años en muchas sociedades gracias a la higiene, los antibióticos y las vacunas”.

El científico prepara el mapa secuencial del coronavirus en España

“Podremos saber, por ejemplo, por qué proliferan unas semillas y otras no”