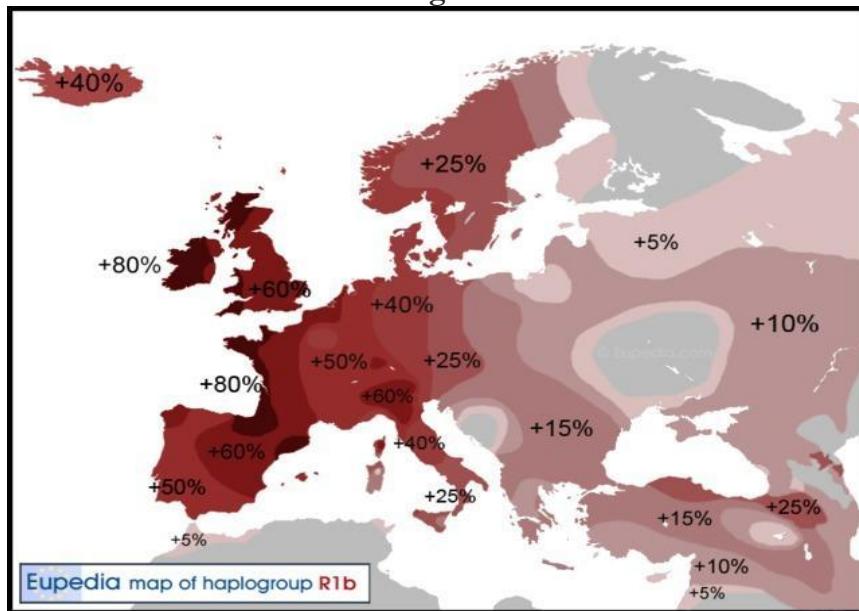


## Coronavirus, Genética de las poblaciones y Humanidades<sup>5</sup>

Ángel GÓMEZ MORENO<sup>6</sup>

En este estudio, pongo de relieve la relación entre la geografía del coronavirus y la genética europea. Ciertamente, llama la atención que la epidemia (en puridad, no merece llamarse *pandemia*) derivada del coronavirus (SARS CoV-2) se cebe en las comunidades humanas en que impera el haplogrupo R1b, característico de Europa Occidental. Más sorprende, no obstante, que el hecho haya escapado a la atención de la comunidad académica, que debería trabajar con la presente hipótesis por las implicaciones que tiene. [Al respecto, véase la imagen 1, que añade porcentajes del citado haplogrupo R1b a una gradación por intensidad en el mismo color.]

Imagen 1



<sup>5</sup> Estudio que desarrolla la *Lección de Clausura* del Curso Académico 2019-20 en el seno del [Institut Superior de Investigació Cooperativa IVITRA \[ISIC-IVITRA\]](#) de la Universitat d'Alacant / Universidad de Alicante, en el marco del *15è Simposi Internacional en Noves Tendències en I+D+i en Literatura, Llengua, Ensenyament i TIC / 15º Simposio Internacional en I+D+i en Literatura, Lengua, Educación y TIC / 15<sup>th</sup> International Symposium New Trends in R+D+I in Literature, Language, Education and IST. From Innovation to Canon* (marzo, 2020). El autor desea agradecer la colaboración en especial de Charles B. Faulhaber (UC Berkely), así como tambien la de Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) y Vicent Martínes Peres (Universitat d'Alacant).

<sup>6</sup> Catedrático de Universidad / *Full Professor*, Universidad Complutense de Madrid (UCM). *E-mail:* [agomezmo@ucm.es](mailto:agomezmo@ucm.es)

Desde su foco difusor en la lejana China, el coronavirus dio el salto a Europa de un modo imposible de precisar (su *trazabilidad* es compleja, como sabemos). Lo único seguro es que este minúsculo y temible invasor, de cuya existencia las autoridades chinas informaron a la OMS el 31 de diciembre de 2019, dio la cara en Europa un mes más tarde. Fue el 31 de enero cuando dos turistas chinos que se encontraban en Roma fueron hospitalizados por presentar un cuadro clínico sospechoso y preocupante. En cuestión de días, el virus se había extendido por Lombardía, Véneto, Emilia Romaña y toda la Italia septentrional, contagiando a miles y miles de personas.

En esa región, el coronavirus arraigó con fuerza inusitada, nada comparable a lo sucedido en otras partes, entre ellas el propio sur de Italia. El mapa italiano del coronavirus se perfiló de inmediato, y se ha mantenido sin apenas variaciones: la epidemia va de más a menos cuando descendemos por la Península de los Apeninos y tiene su frecuencia más baja (en número de contagios y muertes) en Calabria y Sicilia. La geografía y las magnitudes del coronavirus, actualizadas como conviene por los expertos de la Johns Hopkins University (Baltimore, MD, USA), son de público dominio. [Las cifras corresponden a las de ese banco de datos el 19 de abril de 2020.]

Para el iniciado en Genética de poblaciones, el mapa del coronavirus demuestra que la enfermedad de que es causa (COVID-19) tiene mayor incidencia en las zonas en que predomina el haplogrupo R1b. Y aclararé que el *haplogrupo* lo definen las variaciones en el ADN de un individuo, que comparte con miembros de su misma comunidad humana. Añádasé que los alelos determinan el ADN y que son muchas las enfermedades y síndromes de carácter hereditario que se deben a la alteración de algún alelo.

El experto en Genética, el genetista, es un científico del ámbito de la Medicina o la Biología molecular; en cambio, la Genética de poblaciones ataÑe, entre otros, al lingüista (al indoeuropeísta, pongo por caso) y al especialista en Prehistoria o Historia antigua; del mismo modo, sus útiles de trabajo no están en un laboratorio sino fundamentalmente sino en una buena biblioteca y se basa de continuo en la estadística. A veces, la Genética de poblaciones se usa para pesquisas más cercanas en el tiempo: en la Edad Media e incluso en épocas posteriores. En estos casos, cabe reconstruir el pasado de modo hasta hace poco inimaginable.

Así, el actual ADN de los manchegos (que portan algunas variedades de R1b) se remonta a los gascones y vascones que acompañaron a Alfonso VI en su campaña

toledana de 1085 (de ello me ocupo en un libro de 2018, que se centra en las localidades de la Mesa de Ocaña y se apoya en la toponimia); del mismo modo, la genética de los mallorquines de hoy confirma que su origen está en el Ampurdán, los Pirineos y el Languedoc pues ellos repoblaron las Islas Baleares tras la campaña de Jaime I.

Conviene revisar a S. M. Adams *et al.*, “The genetic legacy of religious diversity and intolerance: paternal lineages of Christians, Jews and Muslims in the Iberian Peninsula”, [\*The American Journal of Human Genetics\*, 83 \(2008\), 725-736](https://doi.org/10.1101/082008.725-736). En este estudio, se ve cómo, en la Península Ibérica, junto a una mayoría europea (con las distintas ramas del haplogrupo R1b y, en concreto, con un potente R1b1b2a1b\*, también conocido como R1b1b2a1a2, P-312 o S-116), hay dos importantes minorías genéticas no europeas: una norteafricana (10'6%) y otra sefardí (19'8%), reflejo de siglos de contacto y de procesos de conversión voluntarios o forzados.

Ese estudio se realizó sobre un total de 1.140 individuos. En el mapa resultante, llama la atención la correspondencia total de haplogrupos con etnias o razas, operación no poco dudosa al identificarse automáticamente haplogrupo y grupo étnico-cultural. Por ejemplo, no deja de ser un exceso hacer judíos a todos los individuos que portan los haplogrupos J o K; del mismo modo, hay que tener presente que, en la comunidad askenazi, R1b oscila entre el 8 y el 9%; por su parte, en el caso de los sefardíes, esa cifra se mueve entre el 13 y el 15%. [Los resultados de Adams *et al.* en un mapa de diagramas en la imagen 2.]

Veamos de manera pormenorizada cómo la fórmula *a mayor frecuencia de R1b mayor incidencia, probada o probable (o, si se prefiere, real o potencial), de la COVID-19* se valida en la práctica totalidad de los casos; de hecho, es tan elocuente su abundancia como su baja frecuencia o su ausencia total. De atender a Italia, hay que señalar que, entre los Alpes cisalpinos y la Toscana, R1b alcanza porcentajes muy elevados, pues está presente en más del 60% de la población masculina. Por el contrario, en el sur, donde la incidencia de la COVID-19 es menor, R1b llega al 25% (Calabria) o queda en un 20% (Sicilia).

**Imagen 2**


En *Eupedia* podemos comprobar que, en el meridián italiano, R1b cede ante haplogrupos del Mediterráneo oriental y el norte de África. Esa diversidad aporta sentido a dos cifras tan extremas como los 5.561 casos por millón de habitantes de Lombardía, frente a 457 en Sicilia. Pasemos revista a aquellos países y regiones, ya estén en Europa u otros continentes, cuyas cifras resultan más ilustrativas. Revelador es el caso de Grecia, donde el coronavirus muestra su cara más amable, pues suma 200 contagios de SARS-CoV-2 por millón de habitantes (para hacerse una idea de las magnitudes, basta comparar esa cifra con los 6.882 casos de Madrid).

¿A qué se debe tamaña diferencia? Creo yo que no sólo a lo que proclaman los periodistas (como Cristina Losada, que se refiere a “El ‘milagro’ griego frente al coronavirus”, *Libertad digital*, 6-IV-2020). En mi opinión, este hecho concuerda con una realidad incontestable: la genética de los griegos difiere por completo de la propia de los pobladores de Europa occidental. Concretamente, en Grecia los haplogrupos hegemónicos son el E1B1B, propio del norte de África, con otros dos, el J2 y I2, propios del Mediterráneo oriental; por su parte, el haplogrupo R1b aparece en un 15% aproximado de su población. [Compruébese en uno de los mapas genéticos del Proyecto Eupedia en la imagen 3.]

Prestemos atención a Alemania, cuyos buenos resultados en la lucha contra la epidemia se deberían —y esta opinión es casi unánime— a los medios con que cuenta, especialmente a sus empresas y laboratorios médico-farmacéuticos; a ello, habría que añadir la eficacia y rapidez de su reacción frente al virus y otros posibles factores privativos. En mi opinión, y sin que ello suponga minusvalorar la calidad del sistema sanitario de ese país, la genética de los alemanes resulta más eficaz en este caso que la de un español o un británico. Las cifras del SARS-CoV-2 y la COVID-19 en Alemania, tan envidiadas por los españoles, tienen que ver con el hecho de que Alemania es una zona de tránsito genético.

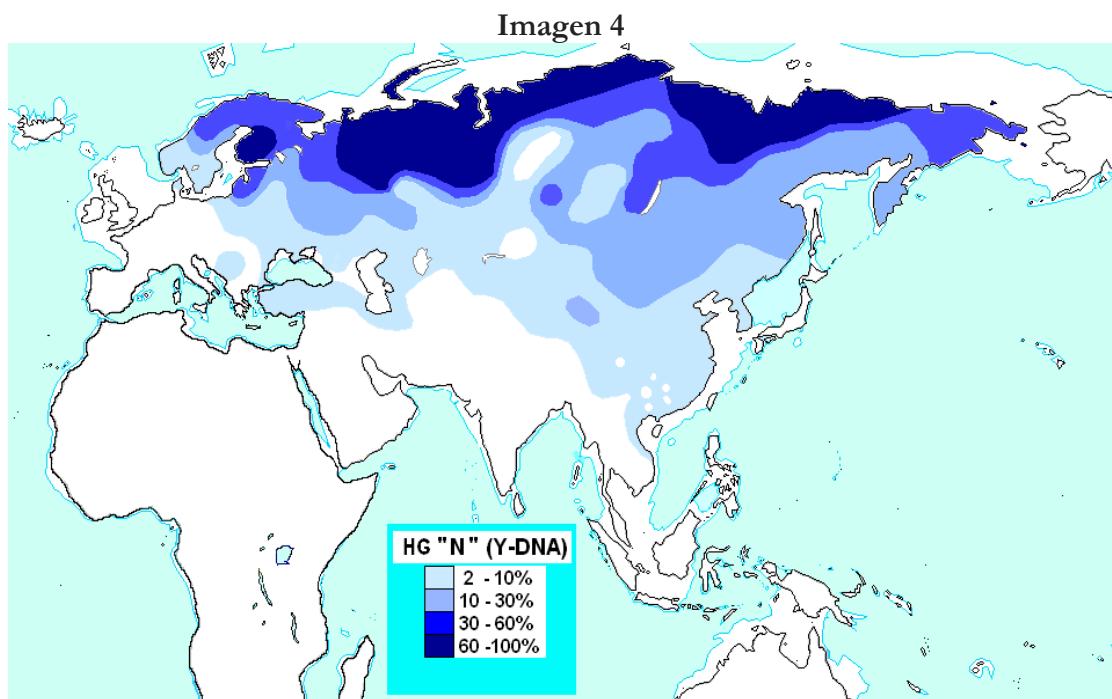
Imagen 3



Ciertamente, en ella comienza el descenso en la frecuencia del haplogrupo R1b (44%) y el incremento en R1a (16%), característico de los pueblos eslavos; en la misma medida se siente el escandinavo I1, al que se une un popurrí genético de baja frecuencia. Idéntica es la proporción de Austria, aunque llaman la atención dos hechos: la diversidad genética del país y, comparativamente, la baja frecuencia de R1b (32%), superado por la suma del escandinavo I1 (12%), el eslavo R1a (19%), el eslavo-balcánico I2a-b (9%); y en segundo término, la presencia nada despreciable del

haplogrupo africano E1b1b (8%). Por cierto, curiosidad donde las haya, éste era el haplogrupo de Adolf Hitler.

En fin, Rusia, donde el haplogrupo R1a es hegemónico —pues alcanza el 46% del total, muy por delante de N (23%), de origen euroasiático y segundo en frecuencia, y de I2 (11%), también euroasiático y tercero en frecuencia—, el virus tiene una cifra insignificante si se compara con las de sus vecinos de la Europa Central y Occidental: tan sólo 92 casos por millón. [*La distribución del haplogrupo N, común en Rusia y, sobre todo, en China, se ve en la imagen 4.*]



Como hemos visto, el haplogrupo R1b abarca desde el norte de Italia a Finisterre y tiene una frecuencia muy alta en el País Vasco (85%), Irlanda (81%) y en dos regiones francesas: Bretaña (80%) y Normandía (76%). Tras Irlanda, los grandes reservorios del R1b por países corresponden, por este mismo orden, a España (69%), Gran Bretaña (67%), Bélgica (61%) y Francia (58'5%). Luego viene Italia, con una frecuencia muy distinta al norte o al sur. En la Europa del R1b, la COVID-19 tiene efectos devastadores.

Por un tiempo, las cifras y la información en general parecían quitarme la razón, al menos en los casos de Gran Bretaña y Francia, dos de los grandes reservorios de R1b; sin embargo, en la primera semana de abril, los contagios y las cifras de muertos se dispararon hasta marcar máximos. El 15 de abril Francia tuvo 1.427 muertos y Gran Bretaña 761. Los cambios de tendencia son continuos y parecen la norma; de ese modo, el 16 de abril la cifra se redujo a la mitad: 753 decesos. Las autoridades sanitarias deben saber, antes de nada, que la clave de este todavía gigantesco dilema está en la Genética de poblaciones. En realidad, las cifras suben y bajan de un día para otro, como en Francia, que el 16 de abril vio reducida la cifra de muertos hasta 753.

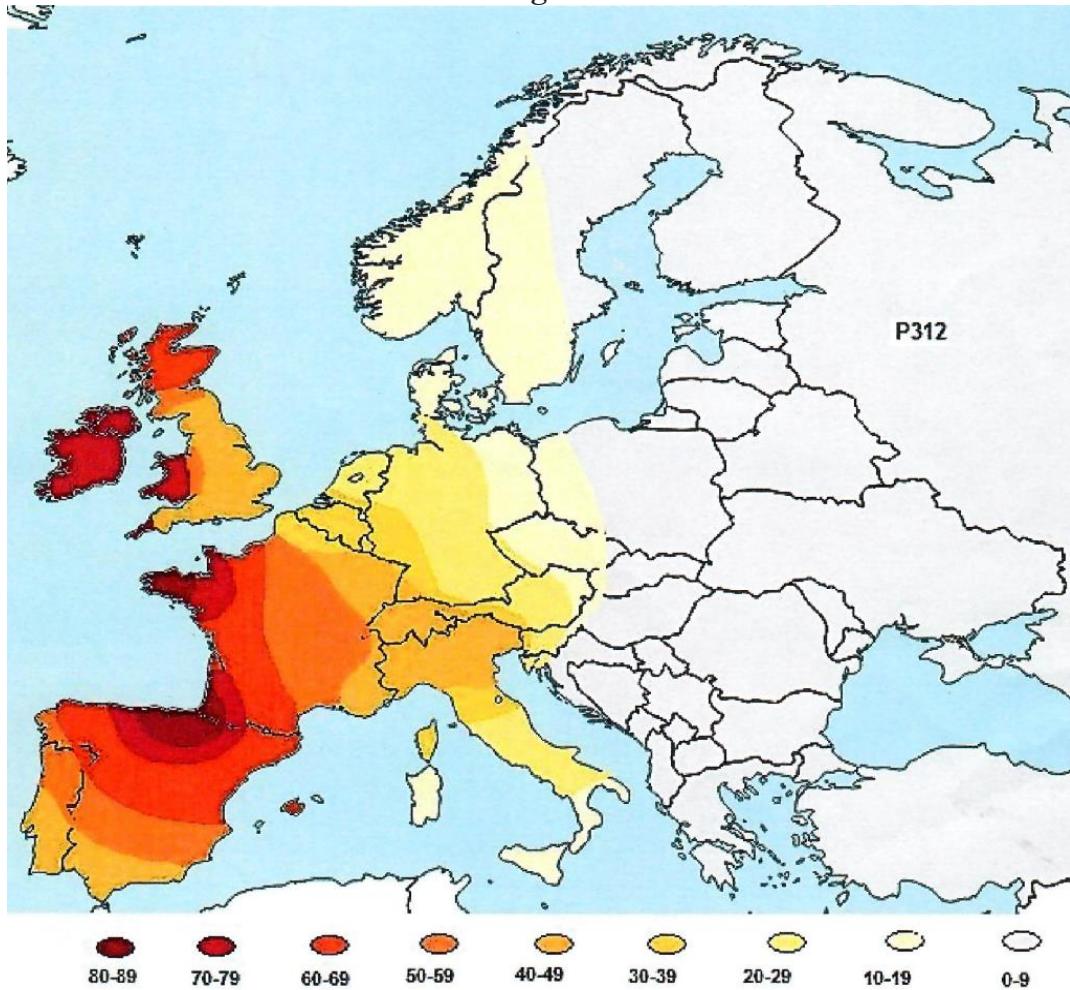
De Bélgica hay que decir que le corresponde el lugar que justamente ocupa, pues su R1b representa el 61% de R1b y los contagios por millón de habitantes son 3,226, lo que supera la cifra de Italia (2.920). También sorprende que sean tan parecidas las cifras de sus dos regiones principales: la de los valones (3.078) y la de los flamencos (3.288). Aunque las proporciones no sean exactas, de Holanda, con un 49% de R1b y 1.860 casos por millón de habitantes, cabe decir que apenas si se aparta de la fórmula aquí aplicada.

A nuestro cálculo, sólo se resiste —y conviene precisar que de forma igualmente relativa— Irlanda, aunque su número de casos, que ayer alcanzó los 3,000 casos por millón no es una cifra baja en términos absolutos; sin embargo, empatar en contagios con Suiza, que anda también por los 3.000 casos aproximados, debe considerarse todo un logro; ya que el R1b suizo queda a más de treinta puntos del irlandés: 50% frente a 81%. Hay que comparar magnitudes sabiendo lo que se hace, pero tanto o más se necesita que los parámetros sean idénticos o muy parecidos. En ese sentido, llama mucho la atención que el aumento de casos en Irlanda se considere un fracaso absoluto al comparar las cifras con las de países semejantes por su población (“Coronavirus news: Data shows Ireland has high amount of Covid-19 deaths **compared to similar nations**”); sin embargo, lo que importa —ya lo he dicho— no es el número absoluto o relativo de habitantes, ni la renta per cápita, sino el porcentaje de R1b de cada país.

Si comprobamos el R1b de las cinco *similar nations*, caemos en la cuenta de que la operación es fallida en origen. ¿Qué tenemos frente al 81% de Irlanda, Pues veamos los porcentajes respectivos, en orden decreciente, de Dinamarca (33%), Noruega (32%), Eslovaquia (14,5%), Croacia (,5%) y Finlandia (3,5)? A la luz de ese dato, la operación es aberrante. Un dato a tener en cuenta es la división de los haplogrupos en

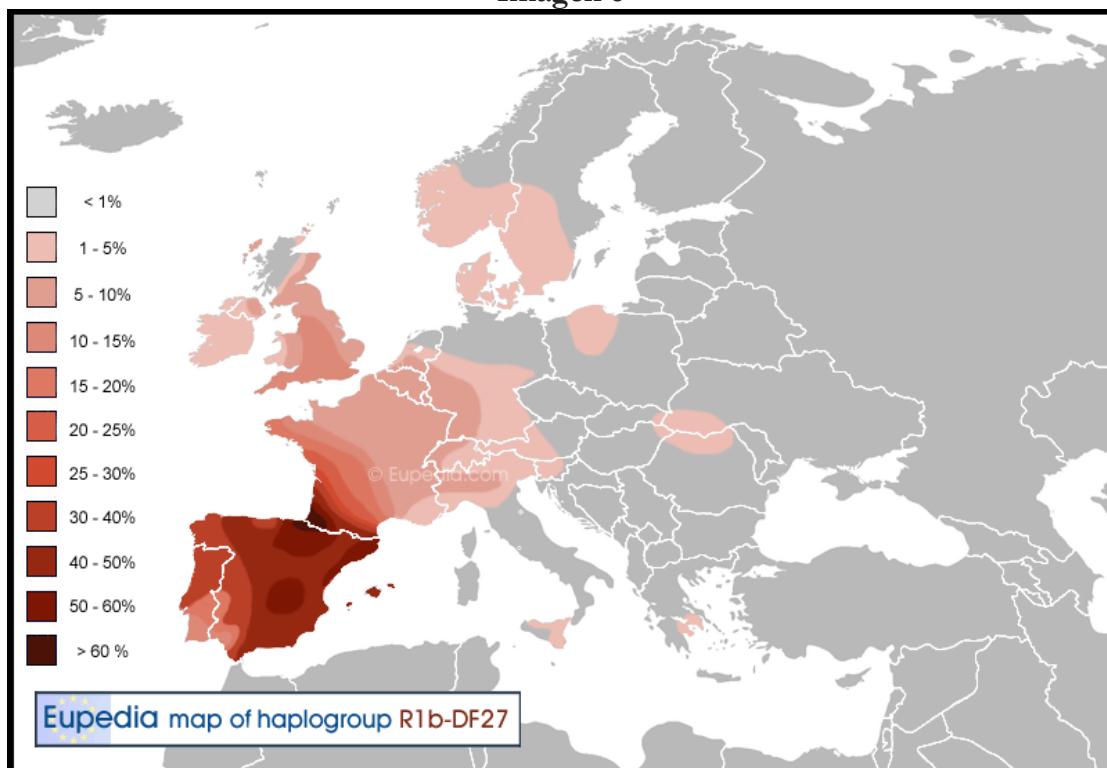
ramas o en subclados; a ese respecto, hay un dato de la mayor importancia. En los países o regiones de Europa en que impera R1b, la más poderosa de sus ramas, por frecuencia y extensión, es P316, S112 o R1b1b2a1b. A menudo se le adhiere una etiqueta, *italo-celta* o *italo-céltico*, por el hecho de que, en el pasado, su foco irradiador se situaba en el entorno de los Alpes italianos. En los últimos años, se han propuesto nuevas teorías sobre la génesis y expansión de este y otros desarrollos de R1b y, en especial, se ha prestado especial atención preferente al País Vasco como posible foco irradiador. En todo caso, resaltaré de nuevo la importancia que P312 puede tener en el caso presente, ya que sería el blanco, diana o *target* ideal en el caso de un conflicto NBQ. Nosotros, ni nos lo planteamos, pero en un desarrollo teórico convendría tener este factor en cuenta. [Distribución de P312 en la imagen 5.]

Imagen 5



En cambio, otros subclados del R1b son casi exclusivos de un país o región, como es el caso del DF27, característico de la Península Ibérica y concentrado en el País Vasco y los Pirineos; de la primera zona, la vascongada, iríamos a los vascos foramontanos y los manchegos; del extremo oriental de esa misma cadena montañosa, vamos a las Islas Baleares gracias igualmente al fenómeno de la repoblación. [El subclado DF27, según el banco de datos de Eupedia en 2017, en la imagen 6.]

Imagen 6



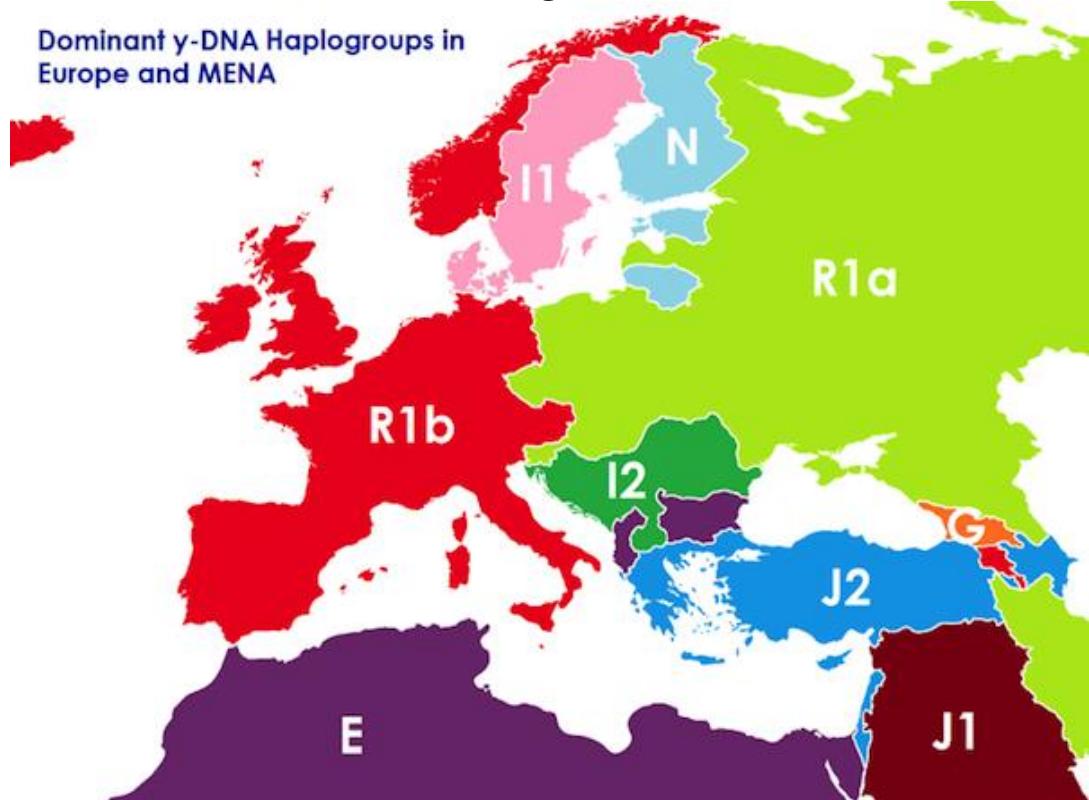
El corte genético del Estrecho de Gibraltar es el más tajante, ya que en 10 km se pasa del haplogrupo europeo R1b al norteafricano E1b1b. Aparentemente, si la información de que disponemos es correcta, la población autóctona del norte de África sería resistente al virus, ya que Marruecos sólo contabiliza 42 casos por millón de habitantes. A ese respecto, es importante disponer de la totalidad de las cifras de la COVID-19 en Ceuta y Melilla, aunque por ahora sólo dispongo de los relativos a la primera ciudad.

Por cierto, esos datos respaldarían mi hipótesis: un 87% de los contagiados son europeos caucásicos, frente a un 13% de origen magrebí. Reténgase, por otra parte,

que los europeos representan el 52% del total y los segundos el 48%; sin embargo, los números oficiales se apartan de los verdaderos, que hablan de una población de origen magrebí muy superior en porcentaje (70-75%), lo que deja las proporciones en lo que a la COVID-19 se refiere en un 90-95% frente a un 5-10% respectivamente. Quien pueda debe completar y actualizar la información relativa a estas dos plazas o ciudades españolas en África.

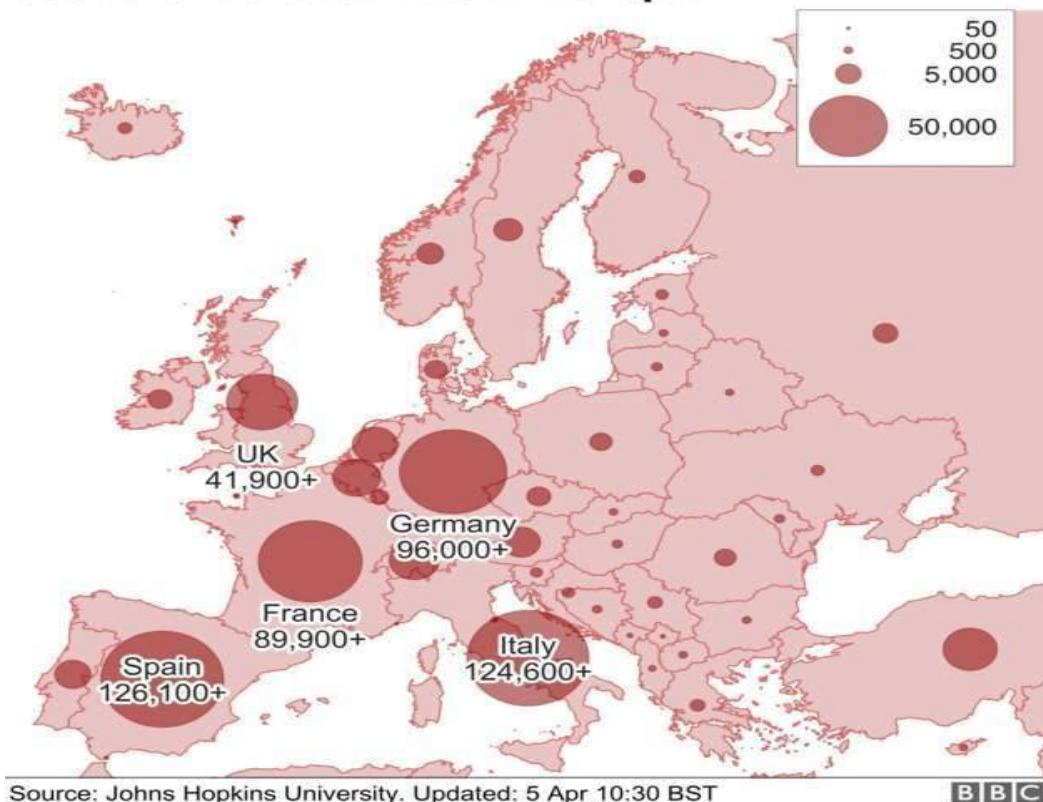
El recuento y fijación de porcentajes son determinantes para validar, revisar o refutar la relación entre el coronavirus y el haplogrupo R1b, que aquí defiendo. Del seguimiento y cotejo de los datos resultará que mi hipótesis se desestime finalmente o se considere con mayor detenimiento. Ese análisis (o cualquier otro con base en la Genética) puede explicarnos el porqué de la diversa incidencia de la COVID-19, tanto en Europa como el resto del mundo. [Véase la imagen 7, con un mapa de los haplogrupos predominantes en Europa y zonas próximas de África y Asia].

Imagen 7



Interesantísimo es lo que pueda ocurrir en Australia, donde el haplogrupo R1b es el más frecuente con diferencia. Este dato debe cruzarse con otros como son el aislamiento geográfico y el aislamiento adicional, resultante del cierre de las fronteras y el control establecido por las autoridades en esa nación-continente. [La incidencia del COVID-19 en Europa reflejada en un mapa del 5 de abril en la imagen 8.]

**Imagen 8**  
**Cases of coronavirus in Europe**



Si no partimos del hecho señalado, no se explica la baja incidencia de la COVID-19 en los países más poblados de Asia y África, que no cuentan con una sanidad pública desarrollada como la occidental y tienen una renta muy baja. Me refiero a la India, con una población de 1.352 millones y una tasa de contagios de 5,5 por millón; o a Nigeria, con una población de 196 millones y poco más de 1 caso por millón. Del mismo modo, choca que Egipto (con 98 millones de habitantes y 18 casos) y también Indonesia (con 264 millones de habitantes y 14 casos) queden a años luz de las cifras de Europa o América.

En fin, me interesa destacar un caso especialmente revelador: el de Zambia, país en que la mitad de la población ha llegado a estar infectada por el VIH (y me despreocupo de las cifras actuales porque no las preciso ahora) y al que, en línea con el resto del África Negra, apenas afecta la COVID-19. Son solamente 3 casos por millón. Para poner orden en las cifras de la COVID-19 y anticipar su evolución, no hay que apartar la vista de sus reservorios principales, que invitan a formular una serie de preguntas. Esta es, en mi opinión, la primera de todas: ¿qué pasará, a partir de ahora, en los Estados Unidos?

Si la razón me asiste, cabe esperar una explosión en el número de nuevos casos; de hecho, el cambio de tendencia comenzó días antes de que yo procediese a la recogida de datos para este artículo. La causa, como sin duda suponen, radica en que el haplogrupo R1b está en el ADN primario de muchos norteamericanos, con un grupo especialmente nutrido como es el que forman los descendientes de irlandeses, británicos y escoceses, que suman 87 millones de personas. Al respecto, remito a los mapas y tablas que adoban el trabajo de Richard Morrill, “[Race, Ancestry, and Genetic Composition of the U.S.](#)”, [newgeography, 22-IX-2015](#), que adjudica el haplogrupo R1b a 188 millones de los 328 millones de habitantes de Estados Unidos.

En este cómputo, hay un procedimiento viciado en origen: sus cifras parten de una operación mendaz como es establecer una correspondencia absoluta entre un grupo social y un haplogrupo genético. Lo mismo hacen Adams *et al.* (2008) en el trabajo que recién acabamos de ver. A la impresionante cifra a la que llega Morrill habría que añadir casos de carga autosomal R1b, de no poca frecuencia en el conjunto de la población afroamericana e hispanoamericana. De la escasa incidencia de la COVID-19 en África se deduce que el coronavirus no se asocia al Mt-ADN U6, presente en la mayoría de los africanos y los afroamericanos.

En otros países de Hispanoamérica, sucede otro tanto, sin que sea determinante el aspecto marcadamente amerindio de gran parte de la población. Pienso en concreto en Ecuador, donde un reciente estudio coordinado por el Centro de Investigación Genética y Genómica de la Universidad (UTE) ha concluido que, frente al linaje amerindio del Mt-ADN (esto es, el ADN mitocondrial o materno), el Y-ADN (esto es, el ADN paterno) revela un mestizaje del 60%; por lo demás, el 30% es amerindio y el 10% africano). Como muchos de los ancestros son españoles, el haplogrupo más frecuente con diferencia es el R1b.

## Conclusiones

Concluyamos. La Genética de poblaciones muestra que el enemigo invisible, silente y terrible al que hoy enfrentamos causa más estragos en unos países que en otros y se muestra más cruel con determinados grupos o individuos. Por ello, España y algunos de los países más dinámicos de Occidente, en que R1b está en la mayoría de la población masculina, constituyen el objetivo principal del coronavirus. La lucha contra tan poderoso enemigo (poco más que una gripe, se nos decía para tranquilizarnos) tiene hoy dimensiones de epopeya, aunque no hay un único héroe, sino miles de personas que arriesgan su vida en el trato directo con los enfermos en unas condiciones perfectamente mejorables.

En mi opinión, era imposible anticipar lo ocurrido en el Occidente europeo; es más, aún carecemos de claves básicas para controlar y neutralizar el virus. Ahora bien, el solo hecho de atender preferentemente a un haplogrupo, el R1b, en relación con el acceso del SARS-CoV-2 al cuerpo humano y el desarrollo de la COVID-19 puede derivar en un uso inteligente de las armas con que acudimos al combate. Les he contado todo lo que sé, que ojalá sirva para apuntar algunas líneas de investigación e inducir una serie de actuaciones.

Entre las principales ideas que se ocurren, una es la búsqueda de un remedio (sobre todo, de una vacuna) en el entorno del haplogrupo R1b. En especial, habrá que prestar atención al modo en que se interrelacionan el SARS-CoV-2 y P312, la forma más frecuente y extendida de R1b. Para acabar, les propongo un juego que se diría infantil por lo sencillo y que al mismo tiempo no puede ser más revelador de que vamos por el buen camino.

\*\*\*