

Coronavirus y Genética: no hay milagro que valga⁴

Ángel GÓMEZ MORENO⁵

Para Steven G. Symmes (1952-2016), estimado amigo

28 de abril de 2020

[Reflexiones sobre mi artículo: [“Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”,](#) [Mirabilia 30 \(2020/1\), Special issue on “War and Disease in Middle Ages and Antiquity”](#).]

A falta de ensayos que lo confirmen, la observación y el análisis de una serie de datos de público dominio revelan lo estrecha que es la relación del SARS-CoV-2 (coronavirus) y el haplogrupo masculino (Y-ADN o, en inglés, Y-DNA) R1b. Las estadísticas de la COVID-19 (enfermedad asociada al coronavirus) prueban que su incidencia es mucho mayor en las zonas en que R1b alcanza porcentajes más elevados; de hecho, en el artículo previo, me serví de esta fórmula: *a mayor frecuencia de R1b mayor incidencia, probada o probable (real o potencial), de la COVID-19*. La distribución del haplogrupo es casi exclusivamente europea; para ser más exactos, de R1b cabe decir que es el haplogrupo por excelencia de los pueblos de Europa Occidental.

Mientras la Genética se ocupa del estudio del ADN, la Genética de poblaciones recurre a los datos aportados por los genetistas para estudiar los desplazamientos humanos desde la Prehistoria en adelante; de ese modo, se arroja nueva luz sobre procesos como la evolución de las culturas o la formación y expansión de las lenguas, extintas o vivas. Mientras la Genética de poblaciones, lenta pero inexorablemente, gana prosélitos entre los expertos en Ciencias Sociales y Humanas, la Genética está perfectamente instalada en todas las especialidades de Ciencias de la Vida y Ciencias de la Salud y desempeña una función primordial en la lucha contra las enfermedades.

En la seguridad de que la Genética estará cada vez más presente en nuestras vidas y reclama una atención creciente en cualesquier circunstancias, conviene familiarizarse

⁴ Este trabajo habría tenido mayores dificultades y no habría alcanzado el punto de bondad académica que ahora tiene de no mediar dos grandes amigos, sabios y generosos, que aparecen y se me ofrecen en el preciso momento en que más los preciso: los profesores Charles B. Faulhaber (University of California, Berkeley, y Elena del Río (University of Georgia, Atlanta) Gracias a ti, Charles; gracias a ti, Elena.

⁵ Catedrático de Universidad / Full Professor, Universidad Complutense de Madrid (UCM). E-mail: agomezmo@ucm.es.

con su metalenguaje fundamental, en esencia el mismo de la Genética de poblaciones. Son voces como *mitocondrial*, *autosoma*, *alelo*, *haplotipo* o *haplogrupo*, que deberían incorporarse al vocabulario activo de cualquiera supuestamente informado. A quien lea estas líneas le bastará saber que un haplogrupo es un patrón genético característico de los miembros de una sociedad humana con siglos, si es que no milenios, de vida común. Al haplogrupo se llega desde los haplotipos, que son las configuraciones genéticas que heredamos de nuestros progenitores.

Reitero mi confianza absoluta en los genetistas, a los que sólo aconsejaría – desde la prudencia y la humildad con que el neófito se dirige al experto – que presten atención al papel que desempeña el haplogrupo R1b en el proceso que comienza con el arraigo del coronavirus, continúa con el desarrollo de la enfermedad y concluye con la curación o el fallecimiento del enfermo. Lo más importante es determinar si existe alguna causa objetiva para que el coronavirus cause los mayores estragos en la “Europa R1b”. De la demostración de que el coronavirus se replica en mayor medida en varones que portan el haplogrupo R1b que en otros con haplogrupos diferentes cabría extraer lecciones muy importantes.

En el proceso referido, a los medios de comunicación les corresponde una tarea de la mayor importancia, dada su capacidad para modular y moldear la opinión pública. Por desgracia, en las últimas semanas pierden el tiempo en una tarea de utilidad dudosa y, por el modo en que la llevan a cabo, no poco injusta. Si así me expreso es porque, en sus comparativas, no se contempla el factor genético. Hablo, claro está, de la valoración de la gestión del coronavirus por parte de las autoridades políticas y sanitarias de cada nación. Si las cifras son buenas, se recurre a un sintagma en que la voz *milagro* viene acompañada del gentilicio de turno: *milagro griego*, *milagro portugués* o *milagro alemán*. Aunque me ocuparé concretamente de estos tres, en los últimos días (28-29 de abril), se ha vuelto a hablar del *milagro austriaco*, del que me ocupé en mi artículo previo. Sigo el orden señalado y comienzo con el *milagro griego*.

El *New York Times* del día 28 de abril incluye un artículo de Iliana Magra (“Greece has ‘defied the odds’ in the Pandemic”) que demuestra que la sociedad griega interpreta su proclamada victoria contra el coronavirus en clave épico-patriótica. En vez de celebrar lo que han logrado todos juntos (pues, por cercano que quede, el pretérito perfecto forma parte del pasado), este logro ha activado un espíritu regeneracionista que esperan actúe como el más poderoso de los revulsivos. Que los griegos aprovechen el

que tienen por éxito sin paliativos frente al coronavirus me parece estupendo; para ello, claro está, no hay nada mejor que ignorar el factor genético.

En el caso de Grecia, la escasa incidencia de la enfermedad se corresponde (y para ello no hay más que invertir la fórmula expresada al comienzo) con la baja frecuencia de R1b, cuya media es de 11,5% en el país; no obstante, hay zonas de Grecia en que este haplogrupo no llega ni tan siquiera al 10%. A ello hay que unir la elevada frecuencia de otros haplogrupos que remiten al Este de Europa y Oriente Medio, como J2 (21%), I2 (9,5%) y G (6,5%); al Este de Europa, como el eslavo R1a (11,5%); y al Norte de África, como E1b1b (21%). La variedad de sus haplogrupos, su elevada frecuencia y su lejanía respecto de la “Europa R1b” son razones suficientes para que la COVID-19 cause menos estragos en Grecia.

En atención a este dato, hay que recordar que la “Europa R1b” la forman inicialmente cuatro naciones: Irlanda (81%), España (69%), Gran Bretaña (67%) y Bélgica (61%). A ellas, debemos añadir dos naciones más en atención a unas regiones determinadas: la primera es Francia, gracias a la altísima frecuencia que presenta R1b en la larga franja que discurre a lo largo de la costa atlántica, desde los Pirineos, a través de Bretaña hasta llegar a Normandía (en todo este territorio, oscila entre 80% y 90%); la segunda es Italia, en atención a Lombardía y el septentrión (donde anda por encima de 60%). Portugal no entra en este grupo porque su R1b sólo llega a un 56%, a 13 puntos de la vecina España.

De acuerdo con la fórmula indicada, situaría de entrada a Portugal a cierta distancia de los países y regiones más castigados por el coronavirus, con España al frente. Eso es lo que ocurre, aunque la explicación difiera según quien interprete los datos y estemos en la mitad septentrional o meridional (es en ésta, entre Lisboa y Faro, donde la COVID-19 tiene menos contagios). Comoquiera que sea, en Portugal o cualquier otro lugar del mundo, el factor genético importa tanto o más que la gestión de la pandemia. O mucho más incluso, como se concluye ante la elevada frecuencia del haplogrupo E1b1b, que se diría refractario a la COVID-19 y que llega al 14% en Portugal. Otros haplogrupos aparentemente resistentes al virus y frecuentes en Portugal son el J2 (9,5%) y el G (6%), ambos de origen euroasiático. Con las magnitudes de la COVID-19 a la vista, ya hemos considerado la fortaleza de estos mismos haplogrupos en el Sur de Italia y Grecia.

Ahora pasemos al *milagro alemán*. El mapa de la COVID-19 en Alemania coincide punto por punto con el de R1b, que podemos ver en Eupedia: en el Norte, un 36%; en el Este, otro 36%; en el Oeste, un 47%; y en el Sur, un 48,5 (en la Wikipedia se dice que, en Baviera, R1b alcanza el 50%). ¿Qué sentido hemos de dar a estos porcentajes cuando se contrastan con las magnitudes de la pandemia? En mi opinión, ponen de manifiesto lo injusto que resulta enfrentar a los eficaces y diligentes alemanes con los torpes y perezosos españoles. Quienes así se expresan no manifiestan sus críticas al gobierno de turno sino sus prejuicios, que ofenden a cuantos han plantado cara a una enfermedad que, según se decía, cursaba como una gripe suave. Pocos, a la vista está, sabían lo que les aguardaba; por eso, duele que el lehendakari Urkullu afirme que su modelo es el alemán, no el español. A ese respecto, le invito a que repare en un experimento que desplaza el foco de atención a la frontera de Alemania con Polonia.

Con sus 1.960 contagios por millón y 6.623 muertos (las cifras corresponden en todos los casos al día 1 de mayo), Alemania acompleja a las naciones en que prevalece el R1b; sin embargo, si comparamos sus cifras con las de Polonia (con 335 contagios por millón y 644 muertos) todo cambia. Y tengamos presente que la población de Polonia es de 38,5 millones y la de Alemania de 81 millones. Así las cosas, si no mediase el factor genético, la cifra de muertos en Alemania debería ser de 1.355 muertos, lo que supone que en realidad tiene 5.268 más de los que por una simple regla de tres le corresponderían. Acaso ahora les diga algo el súbito descenso de R1b en Polonia, que queda en un raquíctico 12%. ¿Hablamos, entonces, de un “milagro” polaco, o mejor lo dejamos estar?

Como vemos, el análisis de magnitudes en la crisis del COVID-19 debe partir de un hecho: los criterios adoptados por cada nación son tan diversos e inestables que pierden su valor comparativo. Lo peor es que la Genética se ignore en esos y otros casos cuando puede iluminarlo todo y dar con una solución definitiva. De ese modo, la Genética ofrece una explicación que aclara el porqué de las diferencias entre Lombardía y Croacia. Antes de nada, debemos retener un dato: entre Milán y Zagreb, median 520 kms, menos incluso que en el trayecto de Madrid a Sevilla. Sin embargo, entre la región y el nuevo país, como también entre ambas ciudades, se abre un verdadero abismo genético. Conviene decir que unos y otros son europeos, sí, pero distintos por completo, ya que, mientras unos son propiamente occidentales, otros se autoidentifican como eslavos del Sur (los colores blanco, rojo y azul de la bandera paneslava lo dicen todo). Basta ver que, entre la Toscana y los Alpes, R1b supera el

60% en muchos lugares. El contraste con Croacia, donde R1b llega sólo a un 8,5%, explica lo demás: los 7.506 contagios de Lombardía y los 509 casos de Croacia.

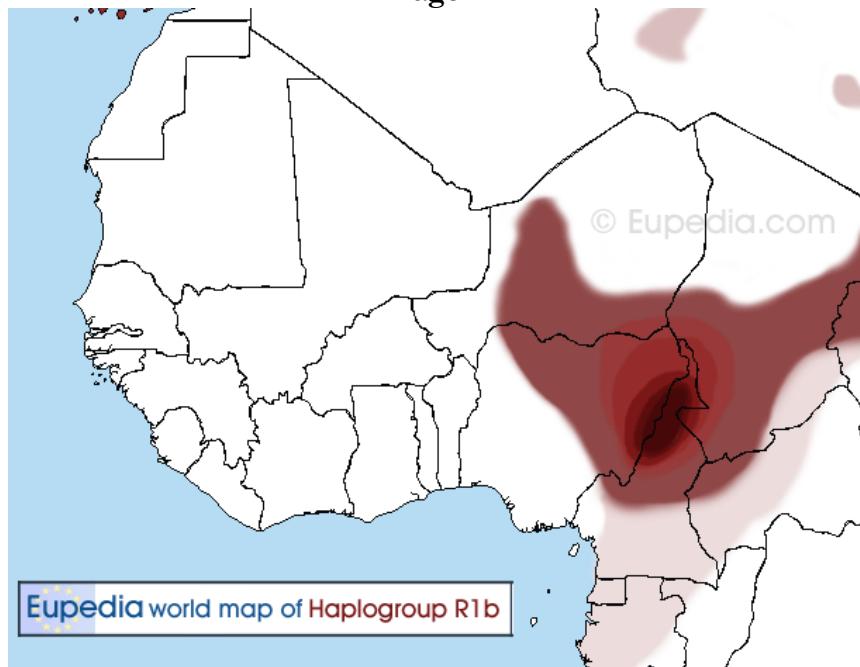
A veces, la taumaturgia no se expresa en forma de milagro sino de puro asombro (hay que recordar que la raíz de la palabra es la misma que encontramos en el verbo griego clásico *θαυμάζειν*, ‘asombrarse’ o ‘maravillarse’). Pues bien, asombro es lo que causaban en periodistas y expertos de Irlanda las magnitudes de su país “if compared with similar nations”. Lo malo es que la similitud radicaba en su población, pues los países comparados eran Dinamarca, Noruega, Finlandia, Eslovaquia y Croacia, y no en atención a su composición genética. Las cuentas no podían salir, pues al 81% de Rb1 de Irlanda se contraponían unos porcentajes muy bajos en los demás países, que tocan fondo con el 3'5% de R1b de Finlandia. Por otra parte, Irlanda, que se ha movido entre el optimismo y el pesimismo, encara ahora la realidad con unas cifras crecientes que alcanzan los 4.233 contagios.

¿Para qué seguir? Podríamos multiplicar el número de “milagros” para dar cabida a casos como el de Siria, país que, en un estado de completa destrucción y a falta de medicinas, alimentos y agua potable, suma 2,4 contagios por millón de habitantes; o el de Mongolia, con 11,5 casos (¿irá a cuenta de la eficacia asiática, tantas veces proclamada con relación a la evolución de la pandemia en Corea del Sur?). En fin, la superpoblación o la falta de profilaxis no ha disparado las cifras ni en la India, que va por los 25,5 casos por millón de habitantes, o Indonesia, que llega a los 38 casos. Los ejemplos que me dan la razón son muchos más, pero bastan los expuestos.

Les invito a recalar fugazmente en el corazón de África fijando la atención en dos países: Nigeria, que, con casi 200 millones de habitantes en un territorio equivalente a vez y media el de España, tiene sólo 9 contagios por millón de habitantes; y el segundo, el más llamativo sin lugar a duda, es Zambia, que sucumbió al VIH (virus del SIDA), que llegó a contagiar a la mitad de la población, y presenta tan sólo 6 casos por millón de habitantes. Ahora, para facilitar el contraste, recuerdo las terroríficas cifras de contagios en La Rioja (12.411), Madrid (9.182) o Castilla-La Mancha (7.754). Si este repaso da al traste con algunas *idées reçues*, me daré por satisfecho.

Addendum (5 de abril de 2020)

Imagen 1



Confieso que, a última hora, decidí dejar fuera de este artículo un dato curioso, aunque conocido de sobra y convenientemente reflejado en los mapas de haplogrupos: el de que las tribus hausa, tradicionalmente distribuidas por el noreste de la moderna Nigeria, a orillas del lago Chad, presentan unos porcentajes muy elevados de R1b. La bibliografía es abundante y cuenta con monografías recientes, como [la que recomiendo inicialmente al interesado por el asunto](#).

Pues bien, en las últimas semanas, los medios de comunicación han venido recogiendo un llamativo y súbito incremento en las tasas de mortandad habituales en la zona. Para este hecho no había explicación, [como decía la BBC](#). Ayer, por fin, las agencias de prensa informaban de que la causa de esas muertes es la que algunos sospechábamos: la COVID-19, que muestra de nuevo su predilección por el haplogrupo R1b. Al respecto, basta leer el titular de la noticia dada por la TV News Channel (4-5-2020): “Mass deaths in Kano linked to COVID-19”. Conviene tener en cuenta un dato: Kano es la capital del norte del país y, por culpa de la guerra del Chad, acoge a la mayor parte de la población que antaño se hallaba distribuida por el noreste, a un paso, no más, de Yámena.