



Coronavirus, Population Genetics, and Humanities¹
Coronavirus, Genética de las poblaciones y Humanidades
Coronavirus, Genètica de les poblacions i Humanitats
Coronavírus, *Genética das populações* e Ciências Humanas

Ángel GÓMEZ MORENO²

FORTHCOMING ARTICLE FOR A SPECIAL MONOGRAPHIC ISSUE OF
MIRABILIA
ON “WAR AND DISEASE IN MIDDLE AGES AND ANTIQUITY”
Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.).
Mirabilia 30 (2020/1)
War and Disease in Antiquity and Middle Ages
Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media
Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana
Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média
<https://www.revistamirabilia.com>

¹ This is an enlarged version of a talk delivered by the author to mark the Closing of the School Year 2019-2020 within the [Institut Superior de Investigació Cooperativa IVITRA \[ISIC-IVITRA\]](#) from the Universitat d'Alacant/Universidad de Alicante. The author wishes to thank in particular the help of Charles B. Faulhaber (UC Berkeley), as well as that of Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) and Vicent Martines Peres (Universitat d'Alacant).

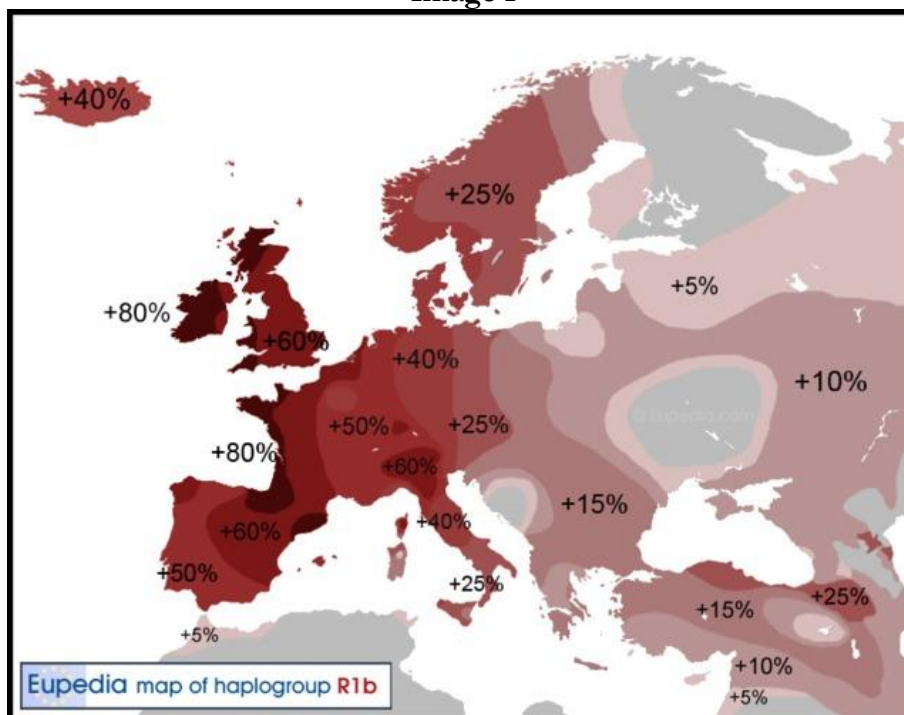
² Catedrático de Universidad / Full Professor, Universidad Complutense de Madrid (UCM). E-mail: agomezmo@ucm.es.

Coronavirus, Population Genetics, and Humanities³

Ángel GÓMEZ MORENO⁴

In this study, I should like to bring to your attention the correspondence between the distribution of the coronavirus (SARS CoV-2) and the resulting COVID-19 pandemic in Europe and the map of European genetics. It is noteworthy that the pandemic strikes most deeply in those human communities in which the R1b haplogroup, characteristic of Western Europe, predominates. However, it is even more noteworthy that this fact could have escaped the attention of the scientific community, which should take into account the hypothesis presented here because of its possible implications. [In this regard, see image 1, in which the percentage of haplogroup R1b is indicated by color intensity gradation.

Image 1



³ This is an enlarged version of a talk delivered by the author to mark the Closing of the School Year 2019-2020 within the [Institut Superior de Investigació Cooperativa IVITRA \[ISIC-IVITRA\]](#) from the Universitat d’Alacant/Universidad de Alicante. The author wishes to thank in particular the help of Charles B. Faulhaber (UC Berkeley), as well as that of Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) and Vicent Martines Peres (Universitat d’Alacant).

⁴ Catedrático de Universidad / Full Professor, Universidad Complutense de Madrid (UCM). E-mail: agomezmo@ucm.es.



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

From far-distant China, the coronavirus came to Europe in a way impossible to specify (its traceability is complex, as we know). The only certainty is that this minuscule and fearsome invader, of whose existence the Chinese authorities informed the WHO on December 31, 2019, had showed its face in Europe at least by the end of January. It was on January 31 when two Chinese tourists in Rome were hospitalized with suspicious and worrying clinical symptoms. In a matter of days, the virus had spread throughout Lombardy, Veneto, Emilia Romagna and, indeed, all of northern Italy, infecting many thousands of people.

In this region, the coronavirus struck deeply, far beyond what occurred elsewhere, including in southern Italy itself. The Italian map of the coronavirus assumed a profile from the very beginning and has remained almost unchanged: the pandemic ebbs as we move down the Apennine Peninsula, with its lowest frequency (in number of infections and deaths) in Calabria and Sicily (the geography and intensity of the coronavirus, updated regularly by experts of the Johns Hopkins University [Baltimore, MD, USA], are in the public domain. The numbers used here are those from April 19, 2020).

For those acquainted with Population Genetics, the coronavirus map shows us that the illness it causes, COVID-19, has a higher incidence in areas where haplogroup R1b predominates. For those who are not familiar with genetics, I should clarify that a “haplogroup” is defined by DNA variations that individuals share with other members of the human community to which they themselves belong in the present and / or to which their ancestors belonged to in the past. I shall add that alleles, alternate forms of a gene that arise by mutation, determine DNA and that many illnesses and hereditary syndromes are caused by allele alterations.

While the geneticist is usually a research physician or a molecular biologist, the expert in population genetics may be a linguist (for instance, someone devoted to the study of Indo-European) or an archeologist or historian (someone interested in Prehistory or later periods, whose instruments are found not in a laboratory but in a library) and who routinely works with statistics. Population genetics is used for research on the Middle Ages as well as on even more recent periods.

In such cases population genetics allows us to reconstruct the past in a way no one could have foreseen even a few years ago. Thus, the current genetics of La Mancha region (South Central Spain) allows us to delve into a thousand years of history, to the 1085 Toledo campaign, when King Alphonse VI conquered the city of Toledo with



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

thousands of Gascon and Basque soldiers (I devoted attention to this event in a recent book on Basque toponyms in the region). In exactly the same way, population genetics confirms the origins (Empordà, the Pyrenees, and Languedoc) of those who repopulated the Balearic Islands after their conquest by James I (1229-1235).

Susan 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), 725-36 is also based on population genetics. The authors point out that in the Iberian Peninsula, together with a European majority (different branches of the R1b haplogroup and, specifically, with the mighty R1b1b2a1b*, also known as R1b1b2a1a2, P312 or S-116), there are two important non-European genetic minorities: North African (10.6%) and Sephardic (19.8%). For this international group modern Spanish genetics reflects centuries of contact and conversion processes.

This study was based on a total of 1,140 individuals. In the resulting map, the total correspondence of haplogroups with ethnic groups or races is noteworthy, although the automatic identification of haplogroups with ethnic-cultural groups is not a little suspect. For example, it is excessive to identify as Jews all those individuals who carry haplogroups J or K; similarly, one must also take into consideration the fact that R1b ranges between 7% and 8% in the Ashkenazi community of eastern Europe, while in the case of the Sephardim, or Hispanic Jews, the percentage varies between 13% and 14% [see the results of the study in the map of graphs in image 2.]

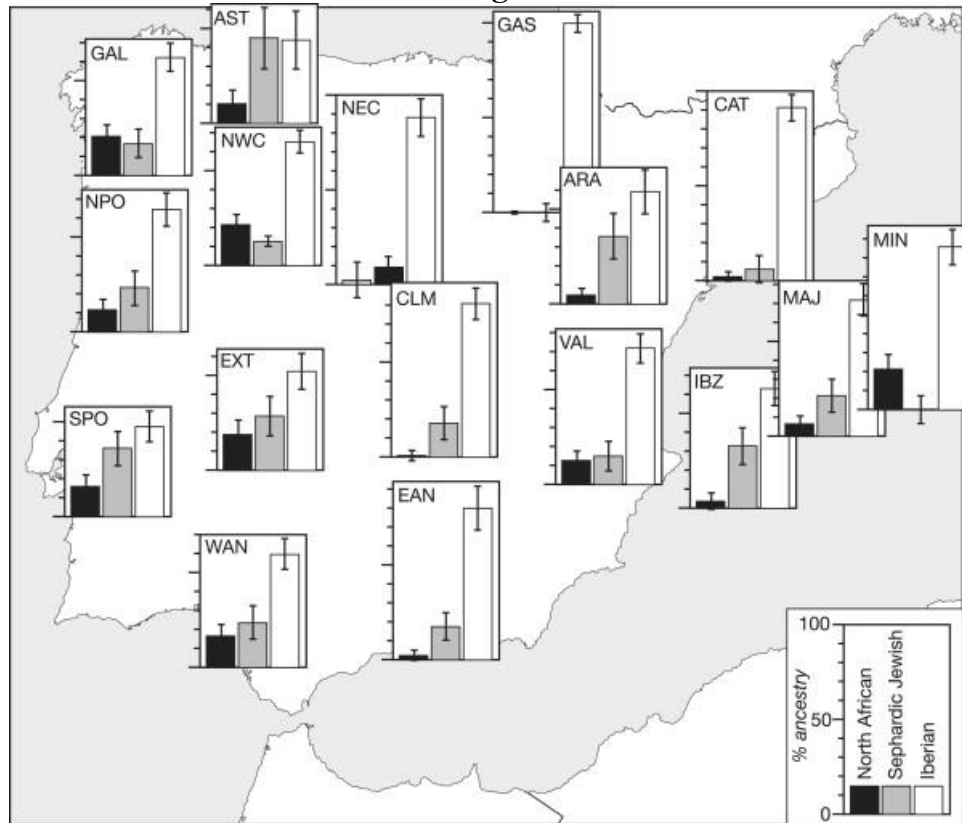
Now we shall examine in detail how the formula “to a greater frequency of R1b corresponds a greater incidence of proven or probable (or, if one prefers, real or potential) COVID-19” proves valid in almost all cases. In this sense, its abundance is just as eloquent as its low frequency or even total absence. Let us begin with Italy. First, we must take into consideration that the highest percentages of R1b are found between the Alps and Tuscany, in some areas it is present in more than 60% of the male population. On the contrary, in the South, where the incidence of COVID-19 is much lower, R1b reaches at most 25% in Calabria and some 20% elsewhere (Sicily).

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Image 2



[Eupedia](#) allows us to verify that in Southern Italy R1b gives way to two other haplogroups combined: Eastern Mediterranean J1 and J2n (23%) and North-African E1b1b (20.5%). This diversity explains such extreme figures as the 5,561 cases per million inhabitants in Lombardy as opposed to the 457 in Sicily. Let us look at other countries or regions, in Europe or on other continents, where the figures are more illustrative.

The case of Greece, where the coronavirus has shown its friendliest face, is an absolute revelation: it has caused just 187 SARS-CoV-2 infections per million inhabitants (as compared to the 6,882 cases per million in Madrid). How can we explain this? Although we cannot discard the explanation offered by the media (for instance, Cristina Losada refers to “El ‘milagro’ griego frente al coronavirus”, *Libertad Digital*, 6 April 2020), this fact agrees with an indisputable reality: the genetics of the Greek population differs profoundly from that of populations of other Western European countries. Concretely, in Greece, the dominant haplogroups are of North-African (E1B1B) and Eastern Mediterranean (J1 and J2) origin; while on the other

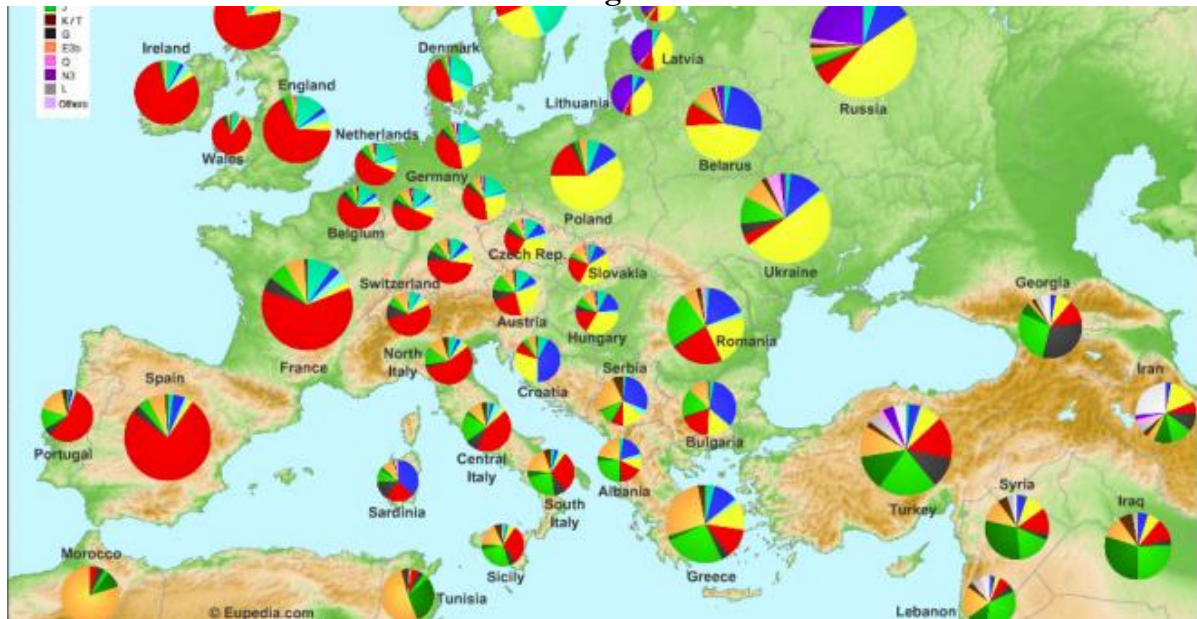
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

hand the R1b haplogroup appears in only some 15% of the Greek population. [See the genetic map from the Eupedia Project in image 3.]

Image 3



Let us now turn our attention to Germany, whose impressive results to date are due—and this opinion is almost unanimous—to the country’s economic resources, its enthusiastic investment in research in the health sciences, and a unique network of laboratories in the medical and pharmaceutical industries. To these almost unmatched means we should add the efficiency and speed of Germany’s political reaction against the virus. However, in my opinion, and without underestimating the German health system, the genetics of the German population may also play an important role. It is likely that the SARS-CoV-2 and COVID-19 figures in Germany, so envied by Spaniards, have to do with the fact that Germany is a genetic transition zone.

It is the case that the decrease in the frequency of the haplogroup R1b (44%) and the increase in R1a (16%), characteristic of the Slavic peoples, moves eastward from Germany; the Scandinavian haplogroup I1 is present in roughly the same proportion, followed by a pot-pourri of low-frequency haplogroups. This proportion is identical in Austria, although two facts stand out: Austria's genetic diversity and, the comparatively low frequency of R1b (32%), surpassed by the sum of the Scandinavian I1 (12%), the Slavic R1a (19%), and the Slavic-Balkan I2a-b (9%) haplogroups; and secondly, the not inconsiderable presence of the African haplogroup E1b1b (8%). By

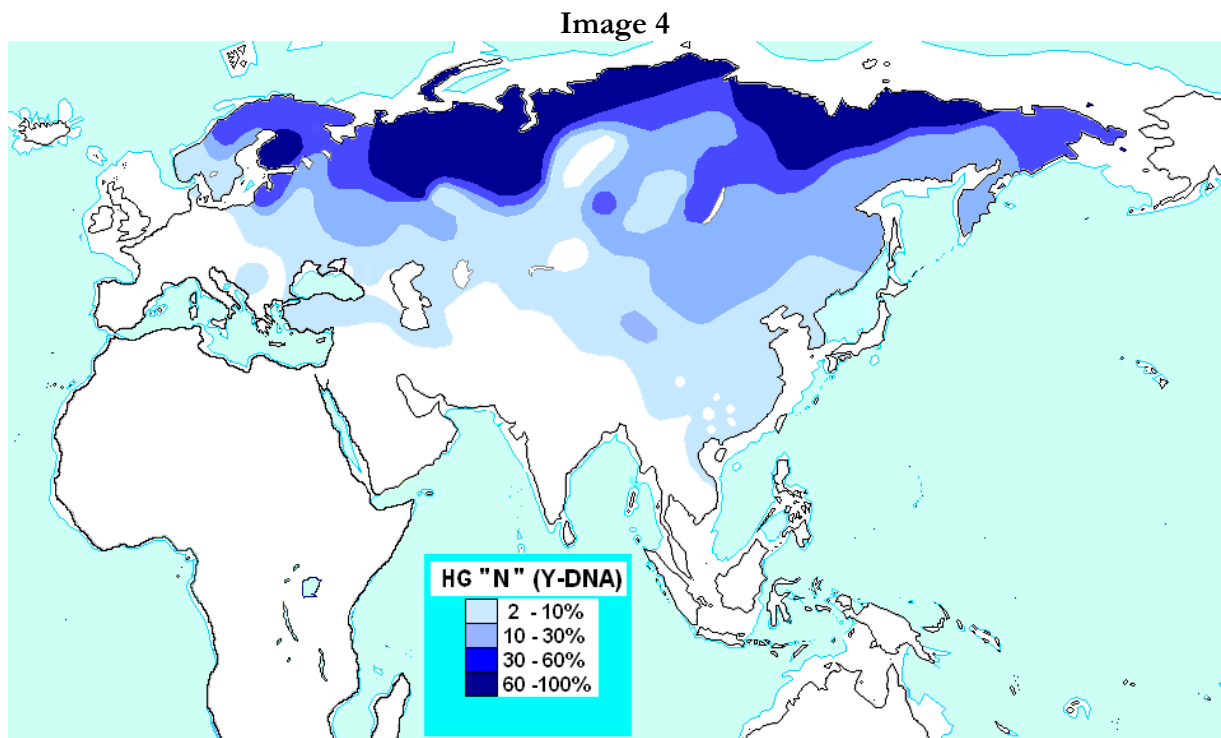
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

the way, ironically, according to some analyses, this seems to be the haplogroup of Adolf Hitler.

Finally, in Russia, the haplogroup R1a is dominant, with 46% of the total, well ahead of N (23%), second in frequency, which is of Eurasian origin, and also of I2 (11%), third in frequency and also of Eurasian origin. This genetic mixture, where R1b (no more than 6%) is almost absent, corresponds perfectly to the number of SARS CoV-2 infections: only 92 cases per million inhabitants. [*Distribution of haplogroup N, common in Russia and, above all, in China, in image 4.*]



As we have seen, in Europe the R1b haplogroup spans from Northern Italy to Finisterre in northwestern Spain, with a very high frequency in the Basque Country (90%), Ireland (81%) and in two French regions: Brittany (80%) and Normandy (76 %). After Ireland, the largest reservoirs of R1b by country are, in order, Spain (69%), Great Britain (67%), Belgium (61%) and France (58.5%). Italy comes next, although the incidence of R1b varies greatly by region, as we have seen. In R1b Europe, COVID-19 has had devastating effects.

For a time, Britain and France were thought to be—at least relatively—safe from what was happening in Italy and Spain; however, in the first week of April, the death



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

toll figures shot up to record highs. The same day I finished the first version of this article (April 15) the media began to spread terrible news: once again an increase in the number of deaths in France (1,427) and Great Britain (761). The authorities of these countries, as well as those of others in which R1b is predominant, must realize that the key to these figures lies in genetics. [Addenda 1º: The daily magnitudes show a rise and fall, since only one day later (April 16) the number of deaths fell by half, to 753 in France.

Let us continue our journey. With regard to Belgium, its incidence of COVID-19 corresponds to the haplogroup data, since R1b is found in 61% of its population. Thus, the number of infections (3,226 per million, above Italy, with 2,920) is what one would expect. It is surprising that the numbers should be practically the same for Walloons, the French-speaking population (3,078), as for Flemish (3,288).

Although the proportions are not exact, one can say of the Netherlands, with 49% of R1b and 1,324 cases per million inhabitants, that it departs from the formula minimally. But we do have to deal with a couple of partial exceptions to the rule: one is Switzerland, whose incidence (3,168 cases per million) is higher than would be expected, given the fact that R1b is found in 50% of the population; and the other is Ireland, which leads the list in R1b (81%), but only 2,998 cases per million. However, in the last week the Irish situation has worsened considerably, with an astonishing boost from 1,814 on April 16 to the current figure.

Sooner or later in all countries or regions where R1b is dominant, COVID-19 incidence and death reach an intensity unknown in other countries where R1b is low or virtually non-existent: almost all of Africa and a good part of Asia, but also the European countries of the old Iron Curtain (R1) or of the South, of which Greece is emblematic, where R1b almost does not exist.

Because it is so frequent in the most developed countries, R1b has been intensely studied by population geneticists, who have segmented this haplogroup into branches or clades (a group of organisms descended from a common ancestor). Among them, the most frequent and widespread is P312, S116, or R1b1b2a1b (my own haplogroup). The *italo-celtic* label has been attached to this subclade because, in the past the center of its radiation was thought to lie in the Italian Alps. In recent years, new theories have emerged about the genesis and expansion of these sub-haplogroups and subclades. Special attention has been paid to the Basque Country and its role as a

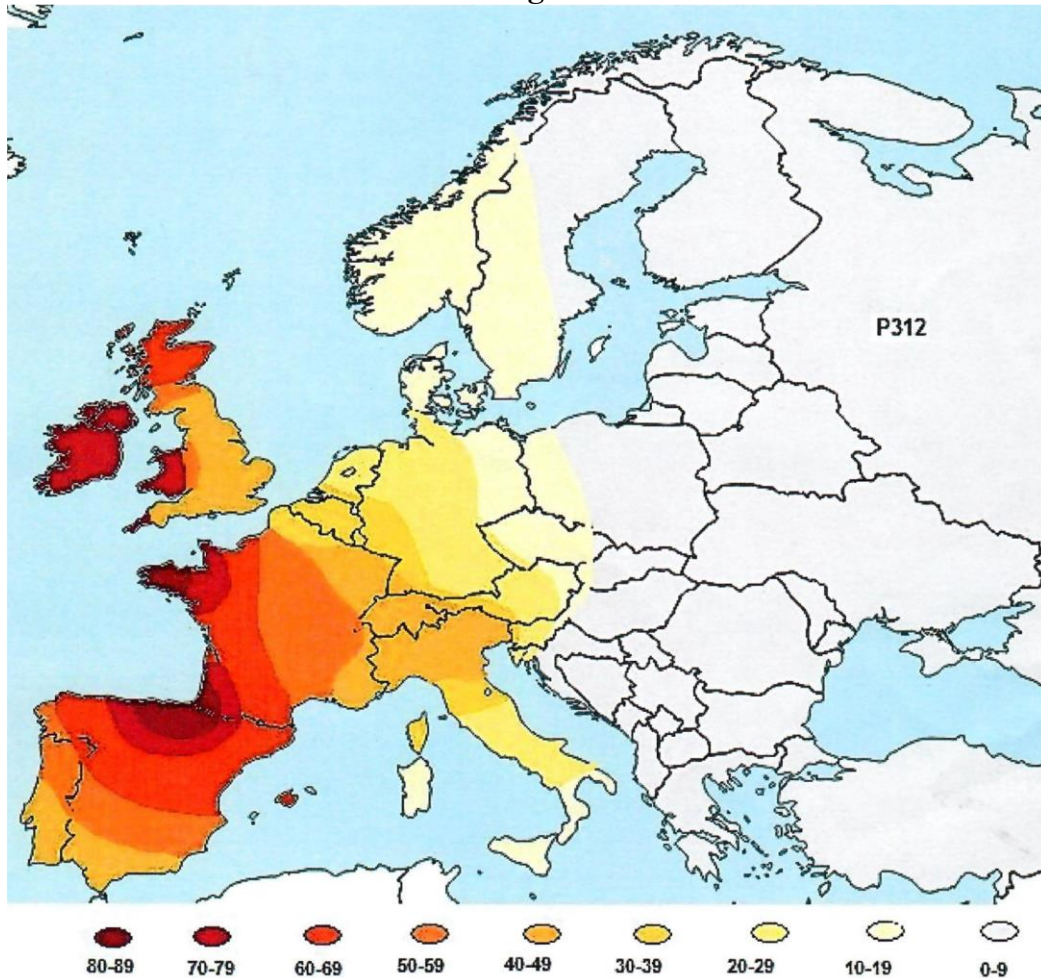
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

center of radiation. In any case, I stress again the importance of P312 for this analysis, since it is present in all of the large R1b communities [*Distribution of P312 in image 5.*]

Image 5



On the other hand, some branches or subclades of R1b are linked almost exclusively to a given country or region. For instance, DF27, characteristic of the Iberian Peninsula, reaches its highest density in the Basque Country and the Pyrenees. This helps to explain why the highest percentage of COVID-19 cases in Spain (as of 19 April), 11,556 per million inhabitants, is found precisely in La Rioja, a region bordering the Basque Country with universally renowned wines.

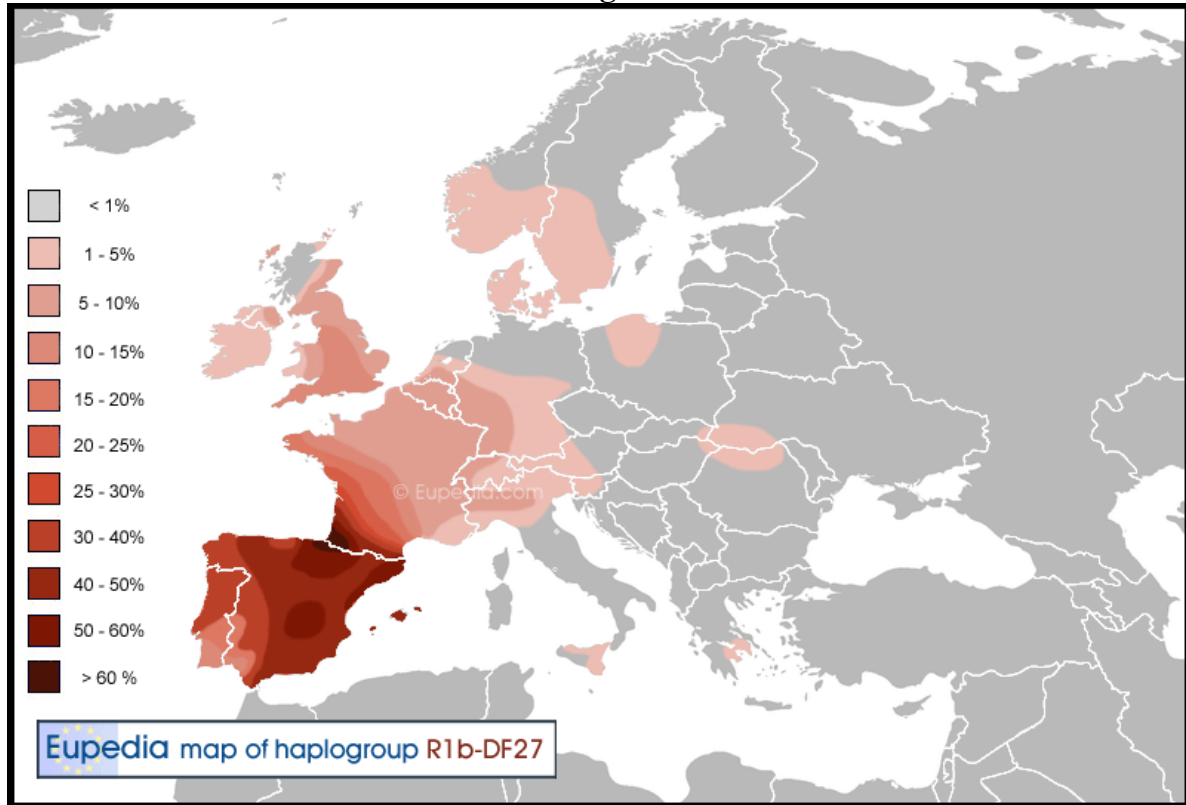
Moreover, DF27 presents very high figures in La Mancha (Central Spain) as well as in the Balearic Islands. This distribution is closely related to the history of Spain, as I pointed out at the beginning of this paper [*DF27, according to the Eupedia Project in 2017, in image 6.*]

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Image 6



The genetic border of the Strait of Gibraltar is virtually absolute; although only 10 km wide it completely separates the European haplogroup R1b and the North African haplogroup E1b1b. If the available information is reliable, the indigenous population of North Africa seems to be much more resistant to the virus, since Morocco has only 42 cases per million. In this regard, it is important to have reliable information about COVID-19 in Ceuta and Melilla, the Spanish enclaves in Morocco. I have been able to gather information only about the first (April 11), Ceuta, where about 87% of those infected are Caucasian Europeans, while 13% are North African. Keep in mind, however, that Europeans represent 52% of the city's total population and North Africans 48%. Nevertheless, the official numbers do not coincide with the real ones, which speak of a North-African population of 70-75% in Ceuta. This brings the proportions of infected persons closer to 90-95% for Caucasian Europeans and 5-10% North African. Completing and updating the information about these Spanish enclaves in Africa is fundamental.

Counting and fixing percentages are vital tasks needed to confirm, revise or refute my hypothesis regarding the relationship between the coronavirus and the R1b

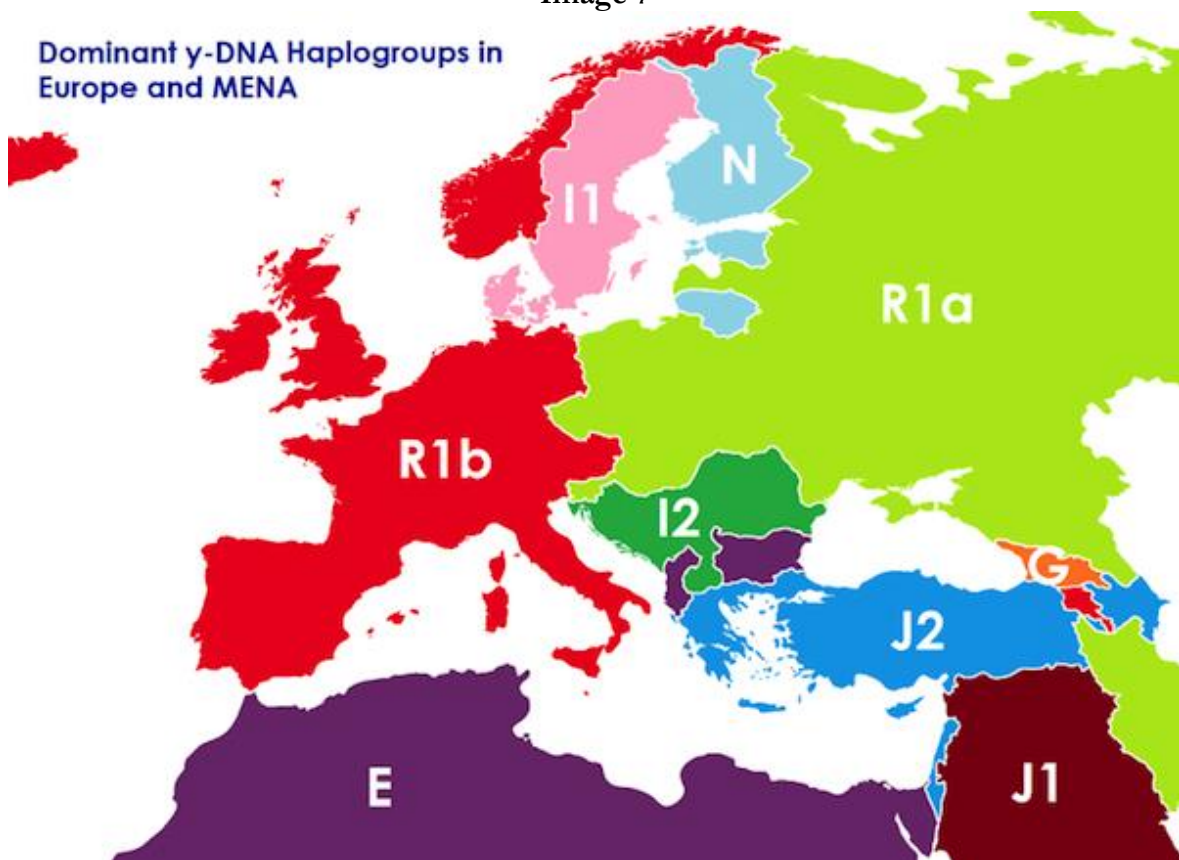
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

haplogroup, which I am defending here. This analysis (or any other based on genetics) may be able to throw light on the diverse incidence of COVID-19 in Europe and the rest of the world as well as to suggest strategies for its eventual containment. [See image 7, a map of the prevailing haplogroups in Europe and neighboring areas in Africa and Asia, and image 8, The incidence of COVID-19 in Europe, as reflected on a map of April 5]

Image 7



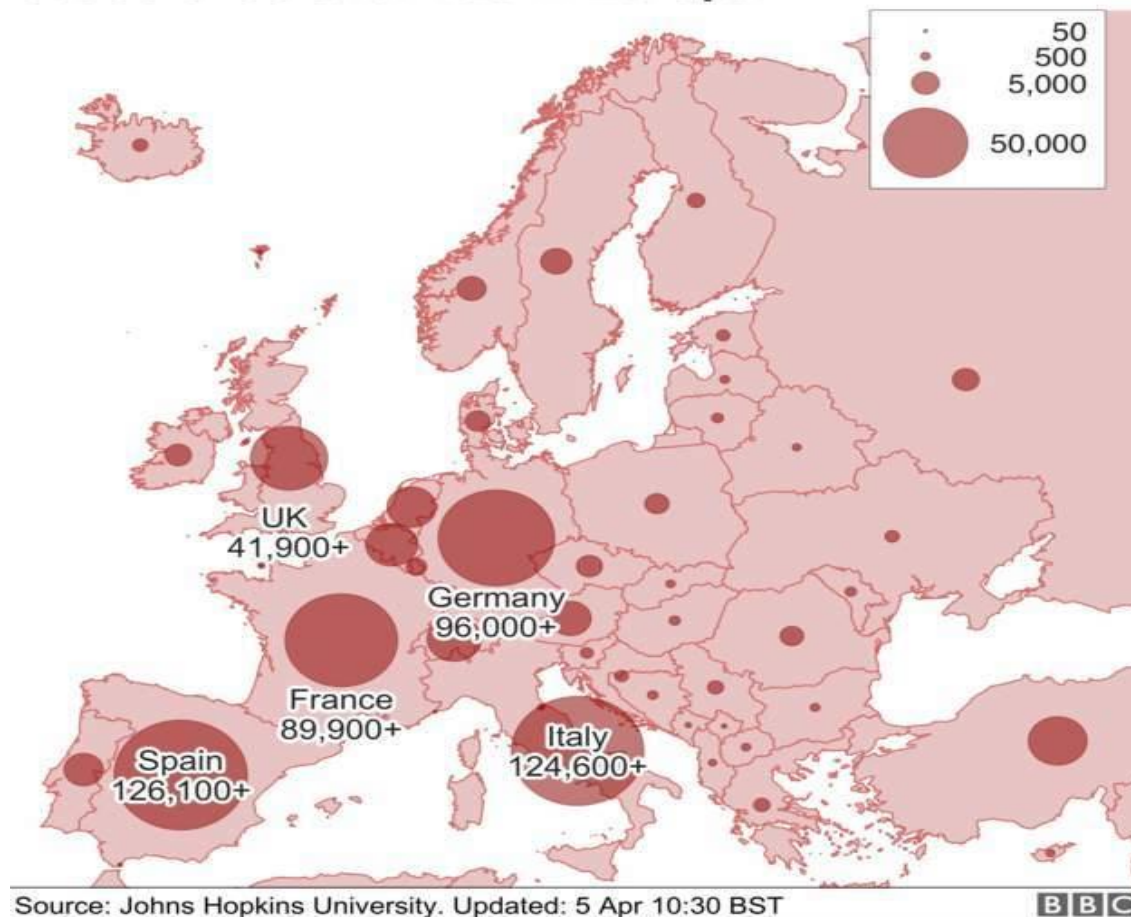
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Image 8

Cases of coronavirus in Europe



Special attention should be paid to Australia, where the R1b haplogroup is the most dominant by far. The percentage of R1b compared to other haplogroups and the number of cases per million are also relevant, but these data must also take into account Australia’s special circumstances: its geographic isolation reinforced by the closure of borders and the rigorous control established by the authorities of what is a nation-continent.

Now, let us return to the extremely low incidence of COVID-19 in Morocco. But in neighboring Spain, which counts itself among the nations with the highest quality of life and almost equals Japan in life expectancy, is living a drama: the current drama of Western Europe. Morocco is not an exception in its relative immunity: most countries in Africa and Asia share that immunity as well as a role as mere witnesses to this drama. Even in countries with a large population, a health system that does not



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

deserve the name, and with an extremely low per capita income, SARS CoV-2 is not feared as much as the measures taken to defeat it. I refer to India, with 1,352 million people and a contagion rate of 11.5 per million; Nigeria, a population 196 million and little more than 2.5 case per million. Similarly, it is shocking that Egypt (with 98 million inhabitants and 30 cases) and Indonesia (264 million inhabitants and 23 cases) are light-years away from the figures of Europe or America.

Especially revealing is the case of Zambia, a country in which half of the population became infected with HIV during the worst years of AIDS. But now, with only 3 cases per million, it seems that COVID-19 hardly affects it, in line with the rest of Black Africa. This fact can only be qualified as “amazing”, but it is a reality we must somehow explain. My hypothesis explains it. African peoples, from the Mediterranean border down to the cold waters of Cape Point, have the same shield: their genes and the absence from them of R1b.

A simple glance at the Johns Hopkins University map confirms that little has changed since the media noted the advent of the virus. Even in those early moments some commentators claimed that Africans were somehow immune to the virus. On February 27, *Le Monde* emphasized that Africa resisted the threat better than any other continent. One month later (March 24), BBC Africa said: «L'épidémie de coronavirus n'est plus une menace pour l'Afrique»; or this one: «le nombre relativement faible de cas en Afrique a déconcerté les experts».

The journalists have a reliable source in the electronic pages of Johns Hopkins University. The misinformed populace, in cities or villages, the savanna or the tropical forest, says “The coronavirus disease is a white man's disease”; or “The coronavirus is triumphing in Africa because of white people.” Authorized voices, however, warn that no one has a 100% guarantee of escaping from COVID-19. In South-Africa, where the risk of getting infected is much higher than in the deepest Africa, Landon Myer, Head of the School. of Public Health at the University of Cape Town, says: “There is no evidence whatsoever that any particular group of people are immune from the SARS CoV-2 virus that is causing the Covid-19 epidemic.” I agree with this expert as much as I disagree with those misinformed people who consider themselves protected by melanin in their skin or by some special climate conditions, supposedly inimical to SARS CoV-2.

As we have already seen, the haplogroup R1b offers the best lodging for SARS CoV-2 as well as an optimal home for the development of the associated illness. And since



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

R1b is present everywhere in the U.S., we can understand why the number of infections and deaths grew exponentially before adequate social distancing measures were implemented. To repeat, the R1b haplogroup is the most frequent among North Americans, with a total of 87 million people of Irish, British and Scottish descent who bear it. Though no more than a survey based “on astoundingly unreliable data,” Richard Morrill adjudicates, in “Race, Ancestry, and Genetic Composition of the US” (*Newgeography*, 9/22/2015) R1b to 188 million people in a total of 328 million in the country. And we should remember that autosomal R1b is also frequent in African Americans and still more so in those of Hispanic ancestry. Since both Africans and African Americans, share Mt-DNA U6, which is dominant in North Africa where COVID-19 has had little penetration, we conclude that the ease with which the virus enters bodies is not determined by this haplogroup.

In Central and South America, R1b is present in many people who look Amerindian. A study coordinated by the Centro de Investigación Genética y Genómica of the Universidad Tecnológica Equinoccial (UTE) of Ecuador concluded that in comparison with the Amerindian purity of Mt-DNA (mitochondrial or maternal DNA), Y-DNA (paternal), reflects a mixture of 60% European DNA, 30% Amerindian DNA, and 10% African DNA. Because the European ancestors were Spanish, the most frequent haplogroup is, by far, R1b.

Conclusion

Let us conclude: Population genetics show that the invisible, silent, and terrible enemy that faces us today inflicts more damage on some countries than on others and shows itself to be crueler to some groups or individuals than others. For this reason, Spain and other western countries where the frequency of R1b is very high, have become the principal target of COVID-19.

More than a single battle: we need a long-lasting campaign of epic proportions against such a powerful enemy (“little more than a flu”, according to some politicians). But instead of the lonely struggle of a single epic hero—a Roland or a Cid Campeador—we need thousands of fearless men and women who are willing to risk their lives by dealing directly with COVID-19 patients, although conditions can be improved. In my opinion it was impossible to anticipate what has occurred in western Europe. Moreover, at this early stage in our knowledge, we still lack fundamental tools, principles, and strategies to understand, control, and neutralize the virus. One of these, perhaps the main one, may well be genetics, which must be used in a new way,

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

skillfully and fruitfully, to understand the relationship between SARS-CoV-2, haplogroup R1b, as well as the less susceptible haplogroups: it is time to follow this path until it has yielded the knowledge that may be able to save us, or at least put us on the road to safety.

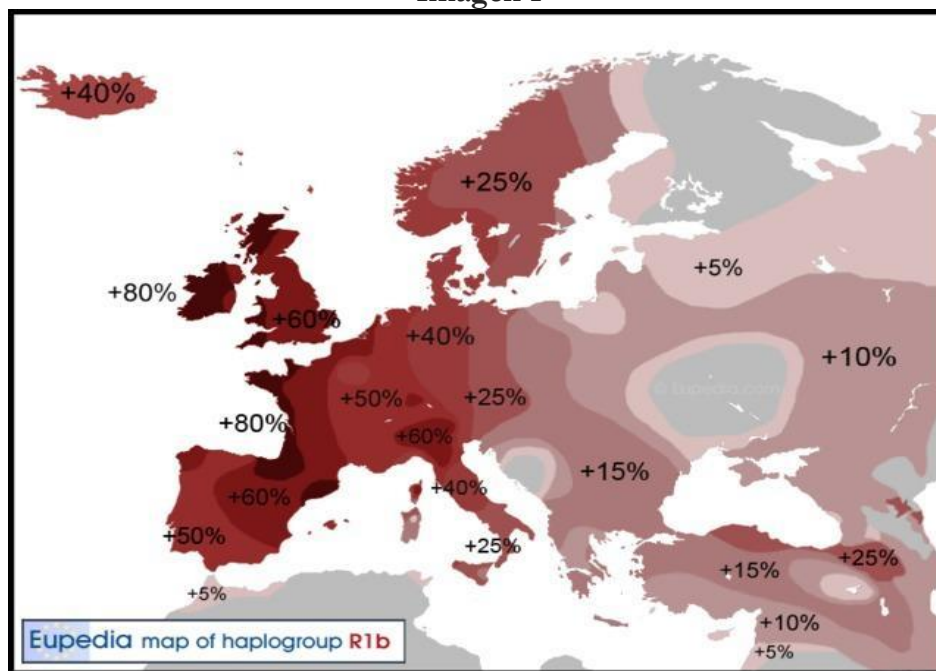
R1b is defenseless against SARS-CoV-2. This fact can provide vital information or simple but valuable clues showing how to approach the virus and how to destroy it. Getting acquainted with our haplogroup (my haplogroup) may focus the kind of research that could help to design the long-sought vaccine. Special attention must be paid to the way in which SARS-CoV-2 and P312, the most frequent and widespread of all R1b branches and clades, are interrelated.

Coronavirus, Genética de las poblaciones y Humanidades⁵

Ángel GÓMEZ MORENO⁶

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 ceba 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



⁵ 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 / 15th 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 también la de Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) y Vicent Martines Peres (Universitat d’Alacant).

⁶ Catedrático de Universidad / *Full Professor*, Universidad Complutense de Madrid (UCM). *E-mail:* agomezmo@ucm.es



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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 Romagna 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



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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](#). 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 meridión 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.*]

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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



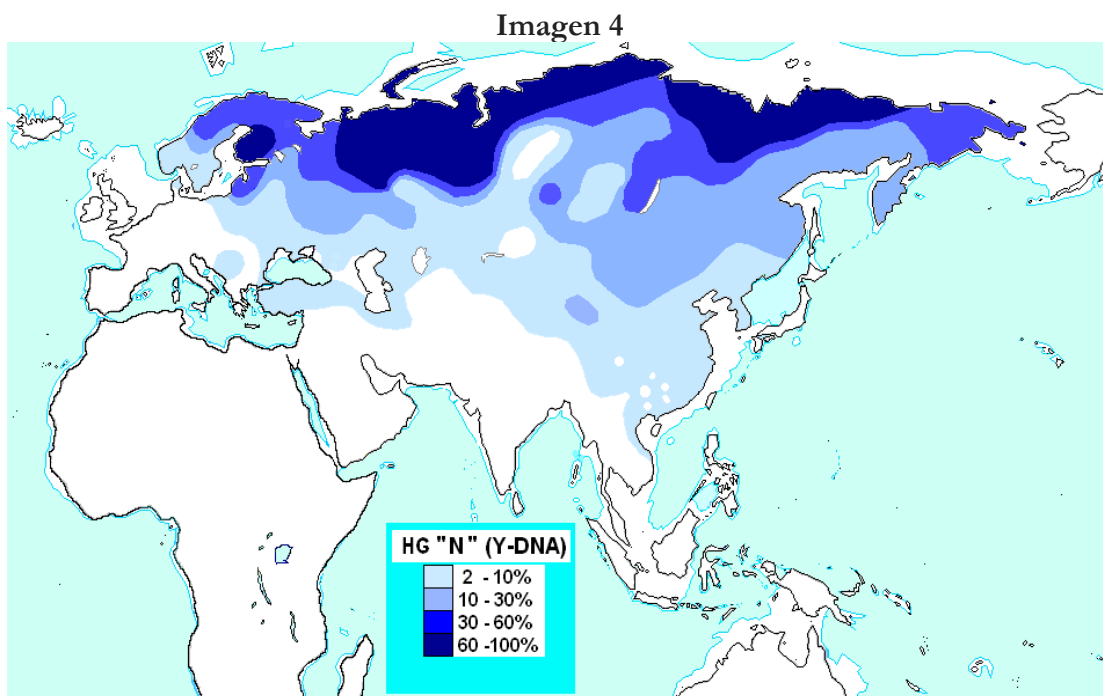
Ciertamente, en ella comienza el descenso en la frecuencia del haplogrupo R1b (44%) y el incremento en R1a (16%), característico de los pueblos eslavos; en la misma medida se siente el escandinavo I1, al que se une un popurrí genético de baja frecuencia. Idéntica es la proporción de Austria, aunque llaman 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.

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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.

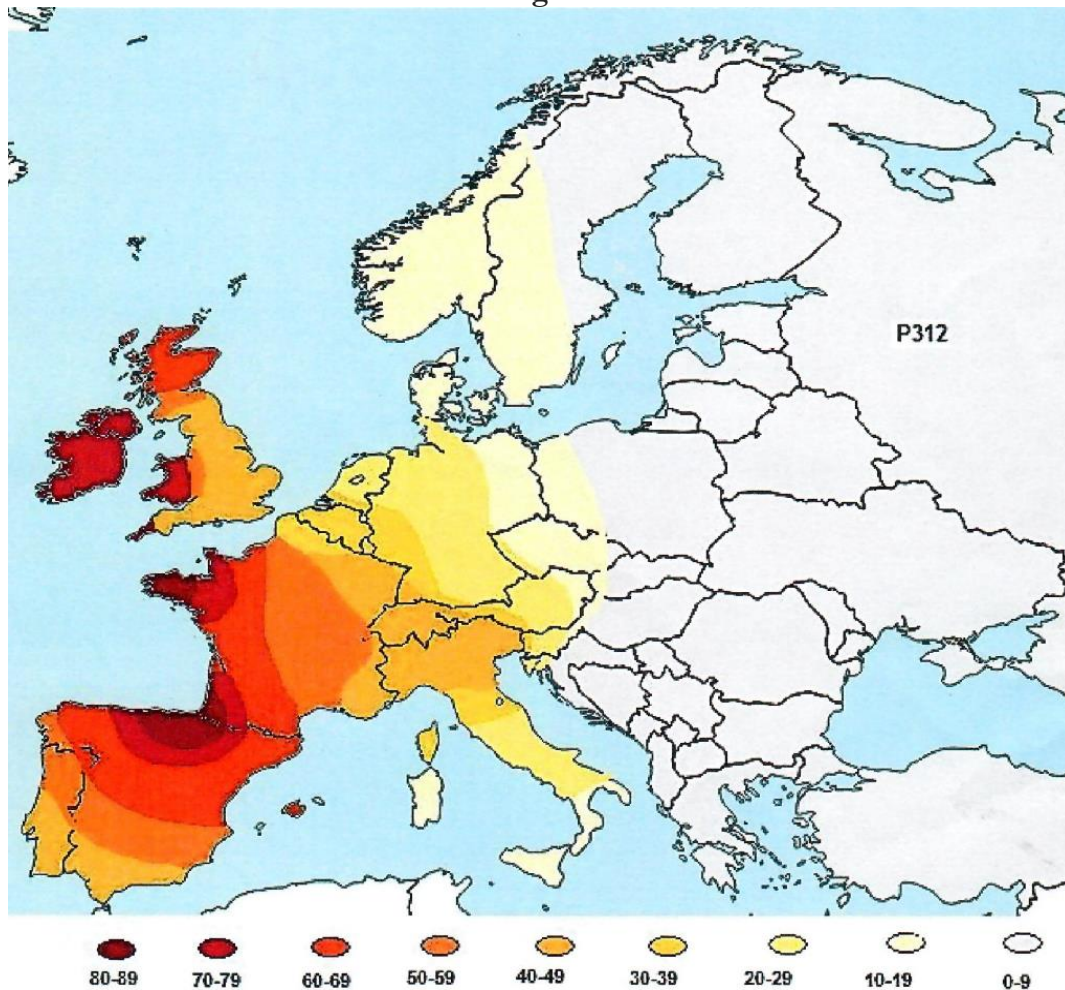
De Bélgica hay que decir que le corresponde el lugar que justamente ocupa, pues su R1b representa el 61% de R1b y los contagios por millón de habitantes son 3,226, lo que supera la cifra de Italia (2.920). También sorprende que sean tan parecidas las cifras de sus dos regiones principales: la de los 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



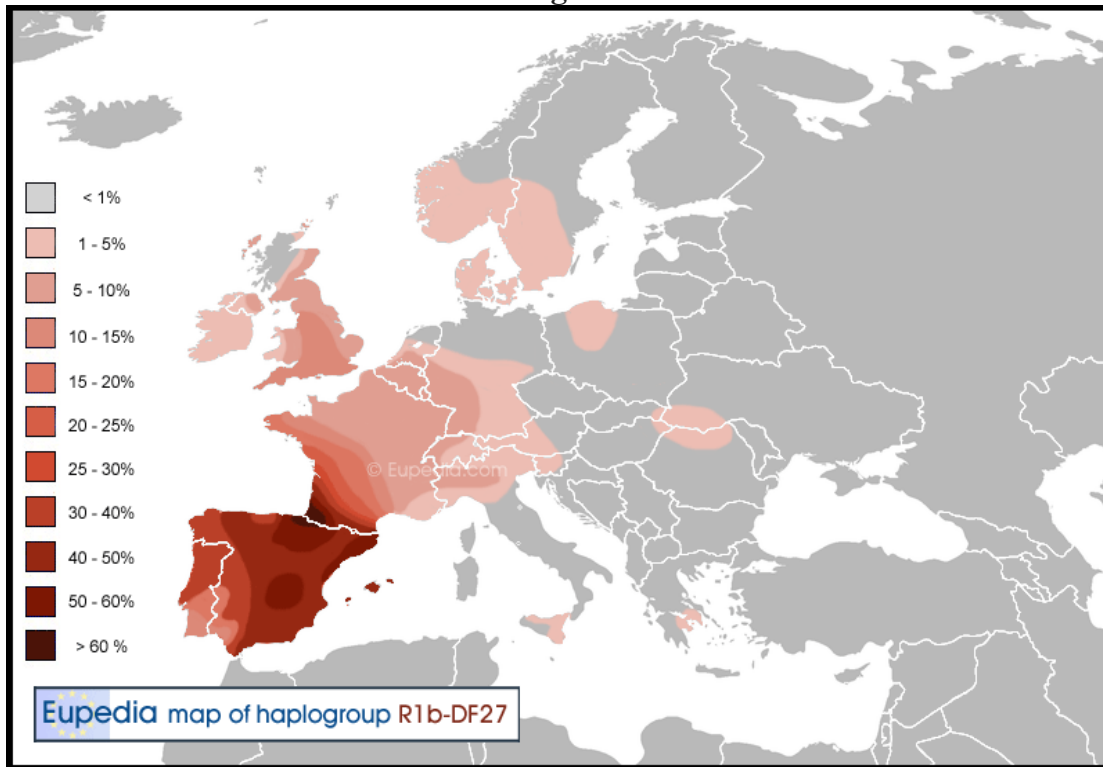
En cambio, otros subclados del R1b son casi exclusivos de un país o región, como es el caso del DF27, característico de la Península Ibérica y concentrado en el País Vasco y los Pirineos; de la primera zona, la vascongada, iríamos a los vascos foramontanos y los manchegos; del extremo oriental de esa 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.]

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Imagen 6

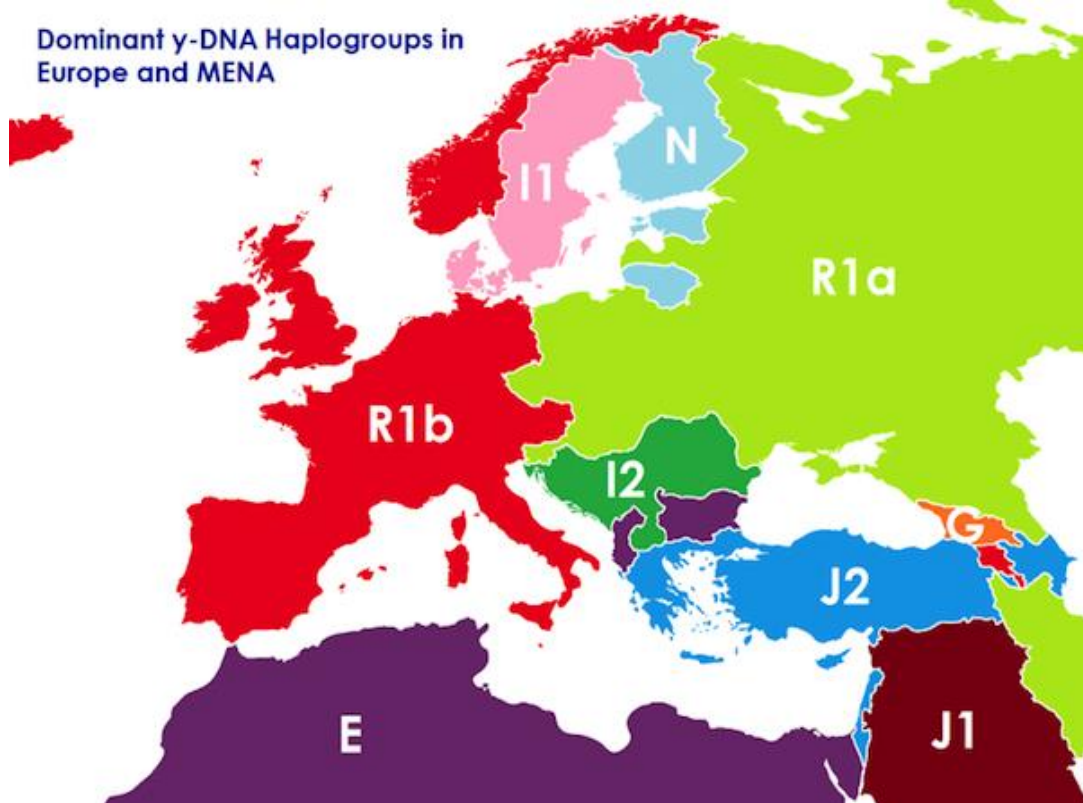


El corte genético del Estrecho de Gibraltar es el más tajante, ya que en 10 km se pasa del haplogrupo europeo R1b al norteafricano E1b1b. Aparentemente, si la información de que disponemos es correcta, la población autóctona del norte de África sería resistente al virus, ya que Marruecos sólo contabiliza 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.].

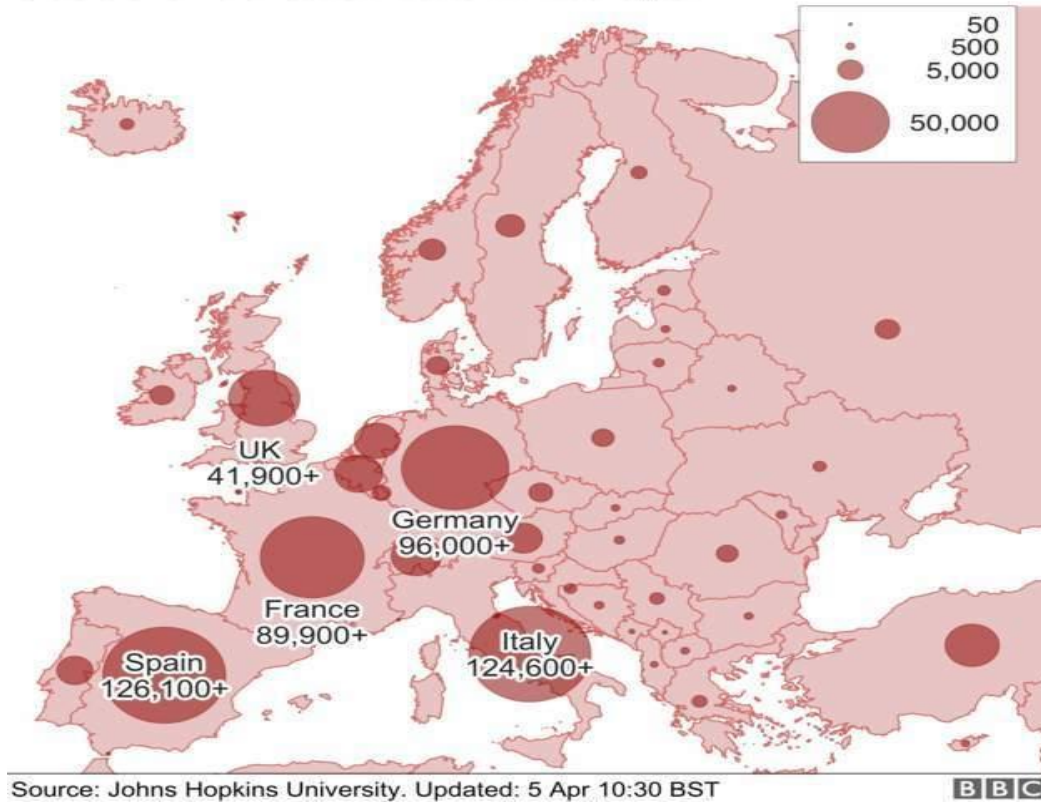
Imagen 7



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



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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

Concluamos. 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



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

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.

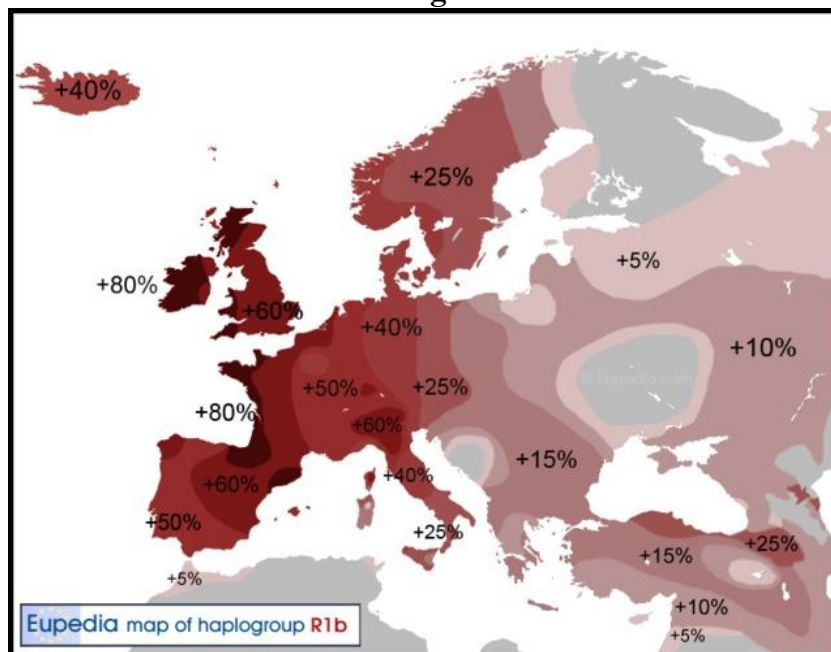
Entre las principales ideas que se ocurren, una es la búsqueda de un remedio (sobre todo, de una vacuna) en el entorno del haplogrupo R1b. En especial, habrá que prestar atención al modo en que se interrelacionan el SARS-CoV-2 y P312, la forma más frecuente y extendida de R1b. Para acabar, les propongo 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.

Coronavirus, Genètica de les poblacions i Humanitats⁷

Ángel GÓMEZ MORENO⁸

En aquest estudi, vull fer notar la correspondència entre la distribució del coronavirus (SARS CoV-2) i la pandèmia COVID-19 resultant a Europa i el mapa de la genètica europea. Cal destacar que la pandèmia es produeix més profundament en aquelles comunitats humanes en què predomina l’haplogroup R1b, característic d’Europa occidental. Tot i això, és encara més destacable que aquest fet hauria escapat a l’atenció de la comunitat científica, la qual hauria de tenir en compte la hipòtesi aquí presentada per les seues possibles implicacions. [En aquest sentit, vegeu la imatge 1, en la qual el percentatge d’haplogroup R1b està indicat per la intensitat del color de la gradació.]

Imatge 1



⁷ Estudi que desenvolupa la *Lliçó de Cloenda* del Curs acadèmic 2019-20 al si de l'[Institut Superior d'Investigació Cooperativa IVITRA \[ISIC-IVITRA\]](#) de la Universitat d'Alacant /Universidad de Alicante, en el marc 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 / 15th International Symposium New Trends in R+D+I in Literature, Language, Education and IST. From Innovation to Canon* (març, 2020). L'autor desitja agrair la col·laboració en especial de Charles B. Faulhaber (UC Berkely), i també la d'Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) i Vicent Martines Peres (Universitat d'Alacant).

⁸ Catedràtic d'Universitat / Full Professor, Universidad Complutense de Madrid (UCM). E-mail: agomezmo@ucm.es.



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Des de la llunyana Xina, el coronavirus va arribar a Europa d’una manera impossible d’especificar (la traçabilitat n’és complexa, com sabem). L’única certesa és que aquest minúscul i temible invasor, de l’existència del qual les autoritats xineses van informar a l’OMS el 31 de desembre del 2019, havia mostrat la seua cara a Europa almenys a finals de gener. Va ser el 31 de gener quan dos turistes xinesos a Roma van ser hospitalitzats amb símptomes clínics sospitosos i preocupants. En qüestió de dies, el virus s’havia estès per tota Llombardia, Vènet, Emília Romanya i, efectivament, per tot el nord d’Itàlia, i hi havia infectant molts milers de persones.

En aquesta regió, el coronavirus es va colpir profundament, en cap cas comparable amb el que va passar en altres llocs, inclòs el sud d’Itàlia. El mapa italià del coronavirus va adquirir un perfil des del primer moment i s’ha mantingut gairebé inalterat: la pandèmia flueix de manera diferent a mesura que avancem per la península apenina, amb la seua freqüència més baixa (en nombre d’infeccions i morts) a Calàbria i Sicília. (La geografia i la intensitat del coronavirus, actualitzades regularment per experts de la Johns Hopkins University [Baltimore, MD, EUA], són de domini públic. Els nombres que fem servir aquí són els del 19 d’abril de 2020.)

Per als familiaritzats amb la Genètica de poblacions, el mapa del coronavirus ens mostra que la malaltia que causa, COVID-19, té una incidència més alta en zones on predomina l’haplogroup R1b. Per a aquells que no estiguen familiaritzats amb la genètica, hauria d’aclarir que un “haplogrop” es defineix per les variacions d’ADN que els individus comparteixen amb altres membres de la comunitat humana a la qual pertanyen ells mateixos en l’actualitat i/o a la qual van pertànyer els seus avantpassats en el passat. Afegiré que els al·lells, formes alternatives d’un gen que sorgeixen per mutació, determinen l’ADN i que moltes malalties i síndromes hereditàries són causades per alteracions d’al·lel.

Si bé el genetista sol ser un metge més dedicat a la recerca o un biòleg molecular, l’expert en Genètica de poblacions pot ser un lingüista (per exemple, algú dedicat a l’estudi de l’indoeuropeu) o un arqueòleg o un historiador (algú interessat en la prehistòria o en períodes posteriors, els instruments dels quals no es troben en un laboratori sinó en una biblioteca) que normalment treballa amb estadístiques. La genètica de poblacions s'utilitza per a la investigació de l'edat mitjana o també per a períodes més recents.

En aquests casos, la Genètica de poblacions ens permet reconstruir el passat d’una manera que ningú no podia preveure ni tan sols fa uns anys. Així, la genètica actual de



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

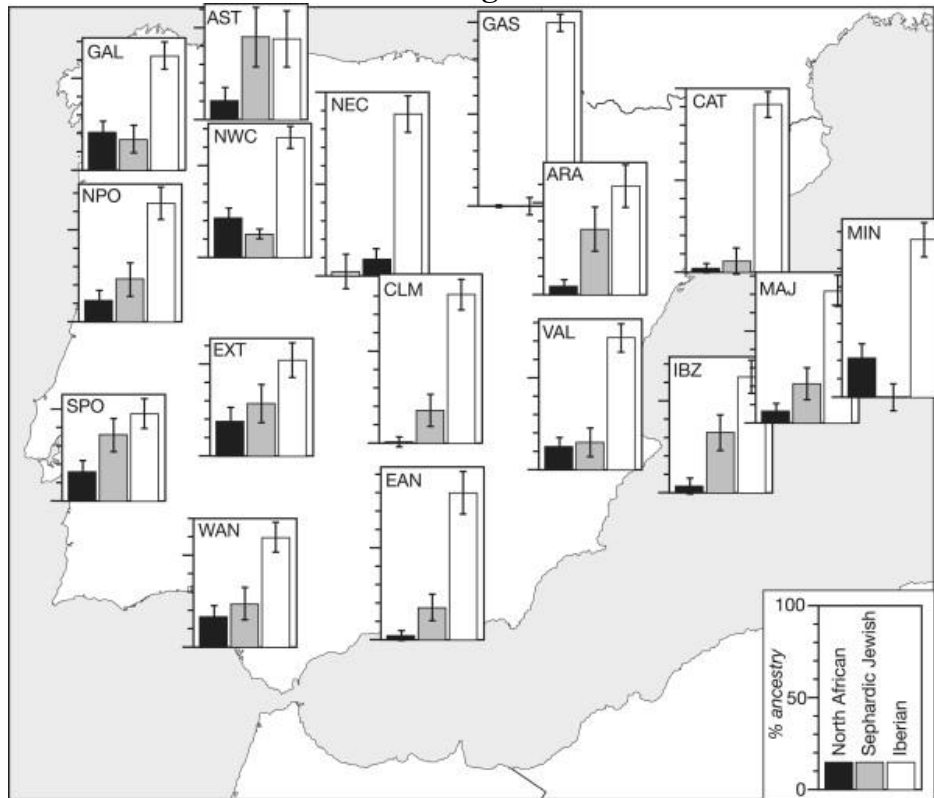
la regió de la Mancha (centre sud d'Espanya) ens permet aprofundir en mil anys d'història, en la campanya de Toledo del 1085, quan el rei Alfons VI va conquerir la ciutat de Toledo amb milers de soldats gascons i bascos (vaig dedicar atenció a aquest fet en un llibre recent sobre topònims bascos en aqueixa regió). De la mateixa manera, la Genètica de poblacions confirma els orígens (Empordà, Pirineus i Lleugadoc) dels que van repoblar les Illes Balears després de la seua conquesta per Jaume I (1229-1235).

Susan 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), 725-36 es basa també en Genètica de poblacions. Els autors assenyalen que a la península ibèrica, juntament amb una majoria europea (diferents branques de l'haplogrup R1b i, concretament, amb el potent R1b1b2a1b*, també conegut com R1b1b2a1a2, P312 o S-116), hi ha dues importants minories genètiques no europees: nord-africà (10,6%) i sefardita (19,8%). Per a aquest grup internacional, la genètica espanyola moderna reflecteix segles de processos de contacte i conversió.

Aquest estudi es va basar en un total de 1.140 individus. En el mapa resultant, cal destacar la correspondència total dels haplogrups amb grups ètnics o races, sobretot perquè la identificació automàtica dels haplogrups amb grups etnicoculturals no és poc sospitosa. Per exemple, és excessiu identificar com a jueus tots aquells individus que porten haplogrups J o K; de la mateixa manera, també cal tenir en compte que la R1b oscil·la entre el 7% i el 8% a la comunitat asquenazita de l'Europa de l'est, mentre que en el cas dels sefardites o jueus d'origen hispànic, el percentatge oscil·la entre el 13% i el 14% [vegeu els resultats de l'estudi al mapa de gràfics de la imatge 2.]

Ara examinarem amb detall que la fórmula "a una freqüència més gran de R1b correspon una major incidència de COVID-19 provada o provable (o, si es prefereix, real o potencial)" en gairebé tots els casos. En aquest sentit, la seua abundància és tan eloqüent com la seua baixa freqüència o fins i tot absència total. Comencem per Itàlia. Primer, hem de tenir en compte que els percentatges més alts de R1b es troben entre els Alps i la Toscana; en algunes zones està present en més del 60% de la població masculina. Per contra, al sud, on la incidència de COVID-19 és molt inferior, la R1b arriba com a màxim al 25% a Calàbria i al voltant d'un 20% a altres llocs (Sicília).

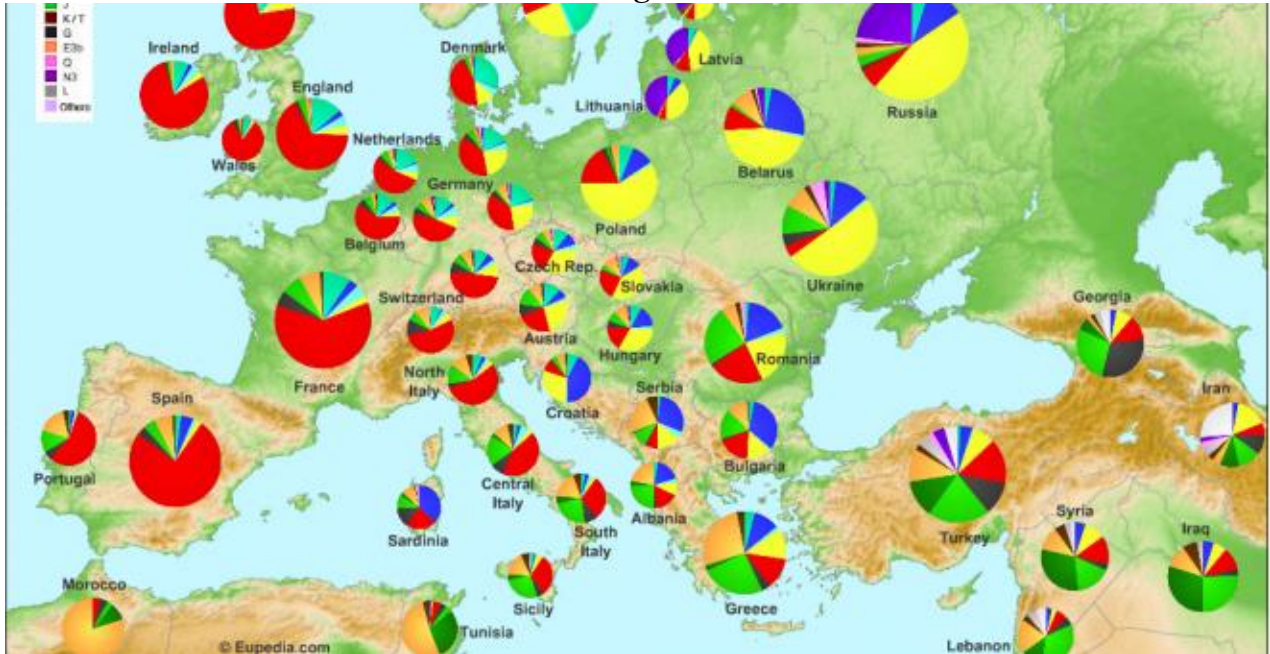
Imatge 2



[Eupedia](#) ens permet comprovar que al sud d’Itàlia R1b deixa pas a altres dos haplogrups combinats: J1 i J2n de la Mediterrània oriental (23%) i E1b1b nord-africà (20,5%). Aquesta diversitat explica xifres tan extremes com els 5.551 casos per milió d’habitants a la Llombardia en contraposició als 457 a Sicília. Mirem altres països o regions, a Europa o a altres continents, on les xifres són més il·lustratives.

El cas de Grècia, on el coronavirus ha mostrat la seua cara més amable, és una revelació absoluta: ha causat només 187 infeccions SARS-CoV-2 per milió d’habitants (en comparació amb els 6.882 casos per milió a Madrid). Com podem explicar això? Tot i que no podem descartar l’explicació que ofereixen els mitjans de comunicació (per exemple, Cristina Losada fa referència a “El ‘milagro’ griego frente al coronavirus”, *Libertad Digital*, 6 d’abril de 2020), aquest fet coincideix amb una realitat indiscutible: la genètica de la població grega difereix completament de la de les poblacions d’altres països de l’Europa occidental. Concretament, a Grècia, els haplogrups dominants són de procedència nord-africana (E1B1B) i mediterrània oriental (J1 i J2); mentre que, d’altra banda, l’haplogrup R1b apareix aproximadament en el 15% de la població grega. [Vegeu el mapa genètic del *Proyecto Eupedia* a la imatge 3.]

Imatge 3

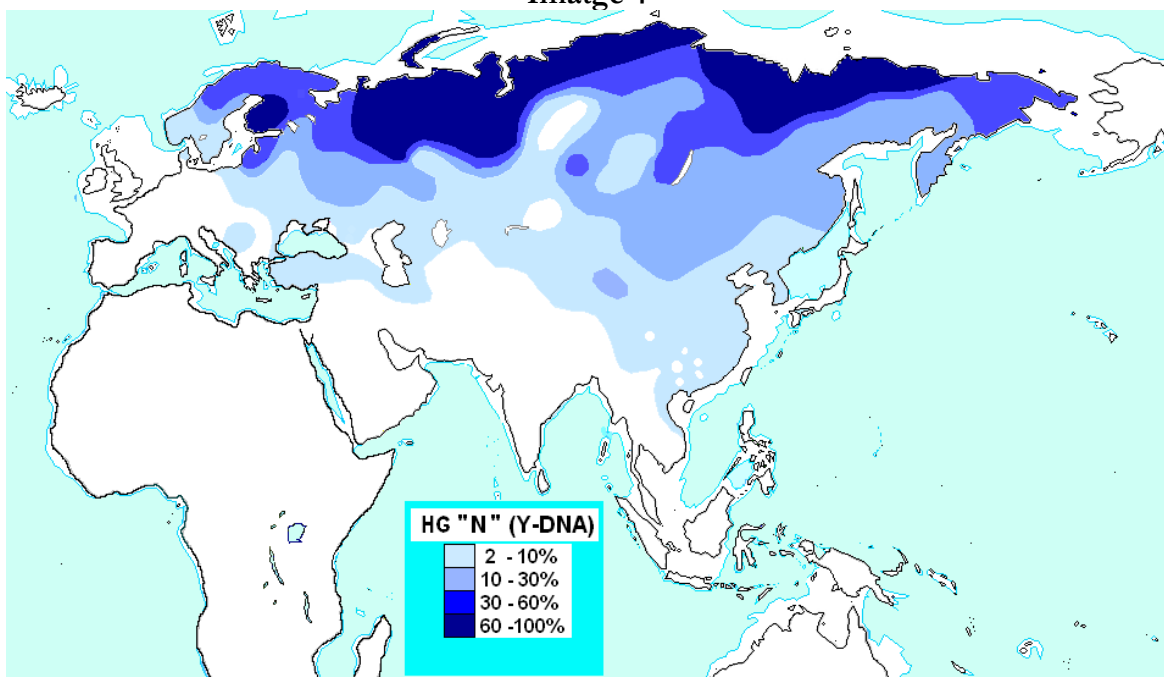


Parem atenció en Alemanya, els impressionants resultats fins ara es deuen —i aquesta opinió és gairebé unànime— als recursos econòmics del país, la seua entusiasta inversió en investigació en Ciències de la salut i una xarxa única de laboratoris en Medicina i a la indústria farmacèutica. A aquests mitjans gairebé inigualables hauríem d’afegir l’eficàcia i la rapidesa de la reacció política d’Alemanya contra el virus. Tot i això, al meu parer, i sense menystenir el sistema sanitari alemany, la genètica de la població alemanya també hi pot tenir una funció important. És probable que les xifres SARS-CoV-2 i COVID-19 a Alemanya, tan envejades per als espanyols, tinguen a veure amb el fet que Alemanya és una zona de transició genètica.

Es dona el cas que la disminució de la freqüència de l’haplogrup R1b (44%) i l’augment de R1a (16%), característica dels pobles eslaus, es desplaça cap a l’est d’Alemanya; l’haplogrup escandinau I1 està present aproximadament en la mateixa proporció, seguit d’un batibull d’haplogrups de baixa freqüència. Aquesta proporció és idèntica a Àustria, tot i que hi destaquen dos fets: la diversitat genètica d’Àustria i, la freqüència relativament baixa de R1b (32%), superada per la suma d’I1 escandinau (12%), R1 eslau (19%), i els haplogrups eslavobalcànics I2a-b (9%); i, en segon lloc, la presència poc considerable de l’haplogrup africà E1b1b (8%). Per cert, irònicament, segons algunes anàlisis, sembla que és l’haplogrup d’Adolf Hitler.

Finalment, a Rússia, l’haplogroup R1a és dominant, amb un 46% del total, molt per davant de N (23%), segon en freqüència, d’origen euroasiàtic, i també d’I2 (11%), tercer en freqüència i també d’origen euroasiàtic. Aquesta barreja genètica, on R1b (no superior al 6%) està gairebé absent, correspon perfectament al nombre d’infeccions SARS CoV-2: només 92 casos per milió d’habitants. [Vegeu la distribució de l’haplogroup N, comú a Rússia i, sobretot, a la Xina, en la imatge 4.]

Imatge 4



Com hem vist, a Europa l’haplogrup R1b abasta des del nord d’Itàlia fins al Finisterre al nord-oest d’Espanya, amb una freqüència molt alta al País Basc (90%), Irlanda (81%) i en dues regions franceses: Bretanya (80%) i Normandia (76%). Després d’Irlanda, les majors concentracions de R1b per país són, per orde, Espanya (69%), Gran Bretanya (67%), Bèlgica (61%) i França (58,5%). Itàlia ve a continuació, tot i que la incidència de R1b varia molt per regió. Per l’Europa del R1b, COVID-19 ha tingut efectes devastadors.

Durant un temps, es va pensar que Gran Bretanya i França estaven, almenys relativament, segures quant al que passava a Itàlia i a Espanya; tanmateix, en la primera setmana d’abril, quant a les xifres de morts es van registrar màxims. El mateix dia que vaig acabar la primera versió d’aquest article (15 d’abril) els mitjans de comunicació van començar a difondre notícies terribles: una vegada més un augment del nombre de morts a França (1.427) i Gran Bretanya (761). Les autoritats d’aquests



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

països, així com les d’altres en què predomina l’R1b, han d’adonar-se que la clau d’aquestes xifres rau en la genètica.

[*Addenda 1*: Les magnituds diàries mostren un augment i un descens, ja que només un dia després (16 d’abril) el nombre de morts va caure a 753 a França.]

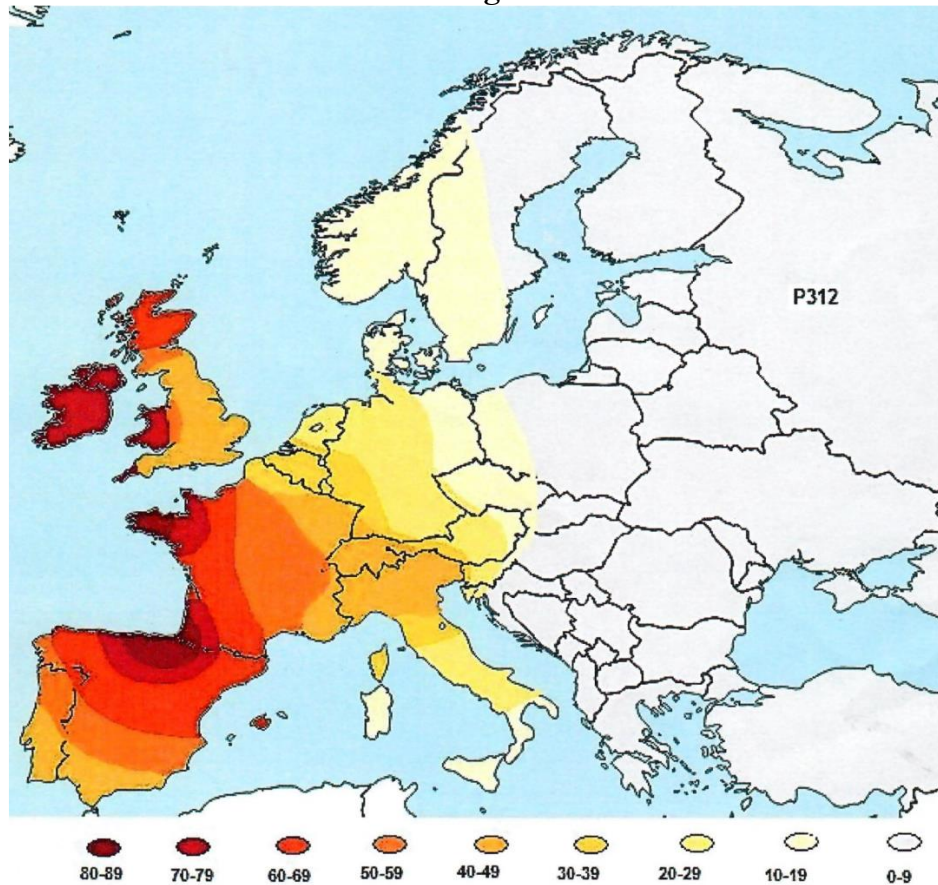
Continuem el nostre viatge. Pel que fa a Bèlgica, la seua incidència de COVID-19 correspon a les dades de l’haplogroup, ja que el R1b es troba en el 61% de la seua població. Així, el nombre d’infeccions (3.226 per milió, per sobre d’Itàlia, amb 2.920) és el que s’esperaria. Sorpren que els números siguen pràcticament els mateixos per als valons, la població francòfona (3.078), com per als flamencs (3.288).

Tot i que les proporcions no són exactes, dels Països Baixos, amb un 49% de R1b i 1.324 casos per milió d’habitants, es pot dir que s’allunya de la fórmula mínimament. Tanmateix hem d’afrontar algunes excepcions parcials a la regla: una és Suïssa, la incidència de la qual (3.168 casos per milió) és superior a la que podríem esperar, atès que el 50% de la població es troba en R1b; i l’altra és Irlanda, que lidera la llista en R1b (81%) i només 2.998 casos per milió. A desgrat d’això, la darrera setmana la situació irlandesa ha empitjorat considerablement, amb un sorprenent impuls des dels 1.814 del 16 d’abril fins a la xifra actual.

Tard o d’hora, en tots els països o regions on R1b és dominant, la incidència i la mort de COVID-19 assoleixen una intensitat desconeguda en altres països on la RB1 és baixa o pràcticament inexistent: gairebé tot Àfrica i bona part d’Àsia, però també els països europeus de l’antic Teló d’acer (R1) o del sud, dels quals Grècia és emblemàtica, on R1b gairebé no existeix.

Com que és tan freqüent als països més desenvolupats, R1b ha estat intensament estudiat pels genetistes de la població, que han segmentat aquest haplogrup en branques o clades (un grup d’organismes descendents d’un avantpassat comú). Entre ells, el més freqüent i estès és P312, S116 o R1b1b2a1b (el meu propi haplogrup). L’etiqueta *italocèltica* s’ha adjuntat a aquesta subclada perquè, en el passat, el centre de la seua radiació es pensava que es trobava als Alps italians. En els darrers anys, han aparegut noves teories sobre la gènesi i l’expansió d’aquests subhaplogrups i subclades. S’ha parat una atenció especial al País Basc i a la seua funció com a centre de radiació. En qualsevol cas, torne a insistir en la importància de la P312 per a aquesta anàlisi, ja que és present a totes les grans comunitats R1b [Vegeu la distribució de P312 a la imatge 5.]

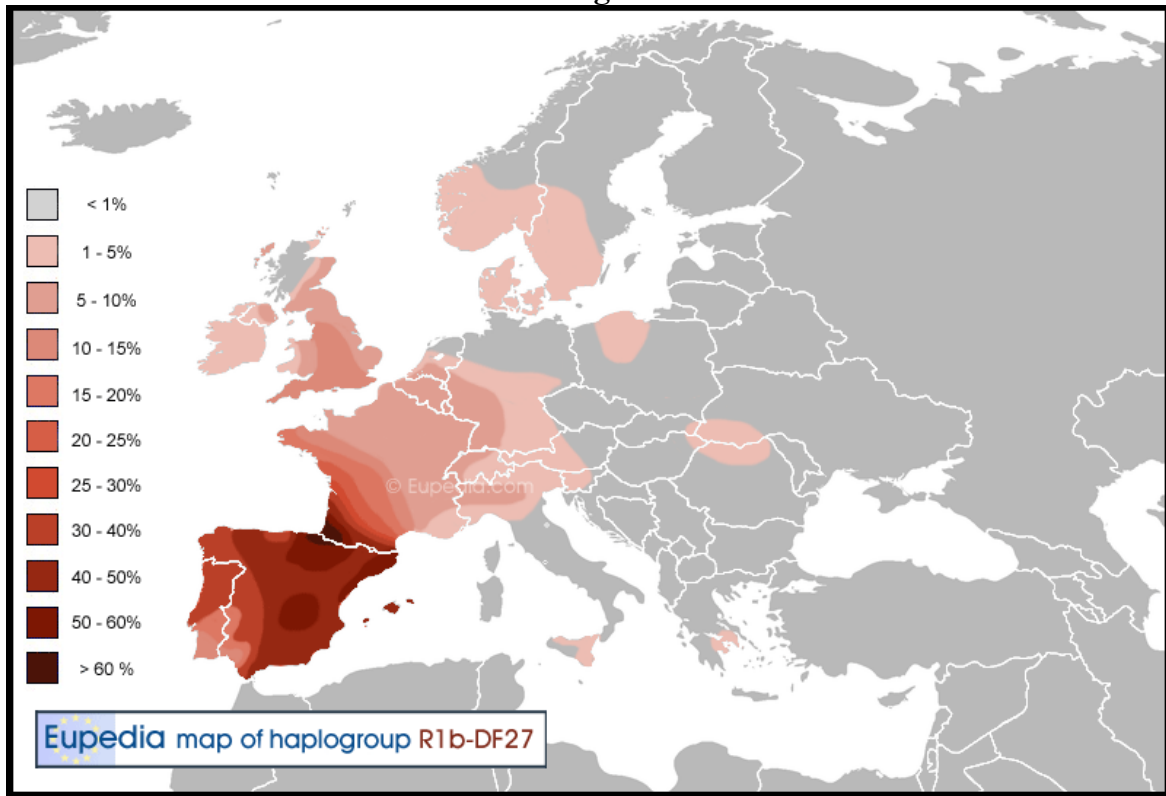
Imatge 5



D'altra banda, algunes branques o subclades de R1b estan vinculades gairebé exclusivament a un determinat país o regió. Per exemple, DF27, característica de la península ibèrica, assoleix la densitat més alta al País Basc i als Pirineus. Això ajuda a explicar per què el percentatge més elevat de casos de COVID-19 a Espanya (el 19 d'abril), 11.556 per milió d'habitants, es troba precisament a La Rioja, una regió fronterera amb el País Basc amb vins de renom universal.

A més, DF27 presenta xifres molt altes a la Mancha (centre d'Espanya) i a les Illes Balears. Aquesta distribució està estretament relacionada amb la història d'Espanya, com he assenyalat al començament d'aquest treball [Vegeu la distribució de DF27, segons el *Projecte Eupedia* el 2017, en la imatge 6.]

Imatge 6

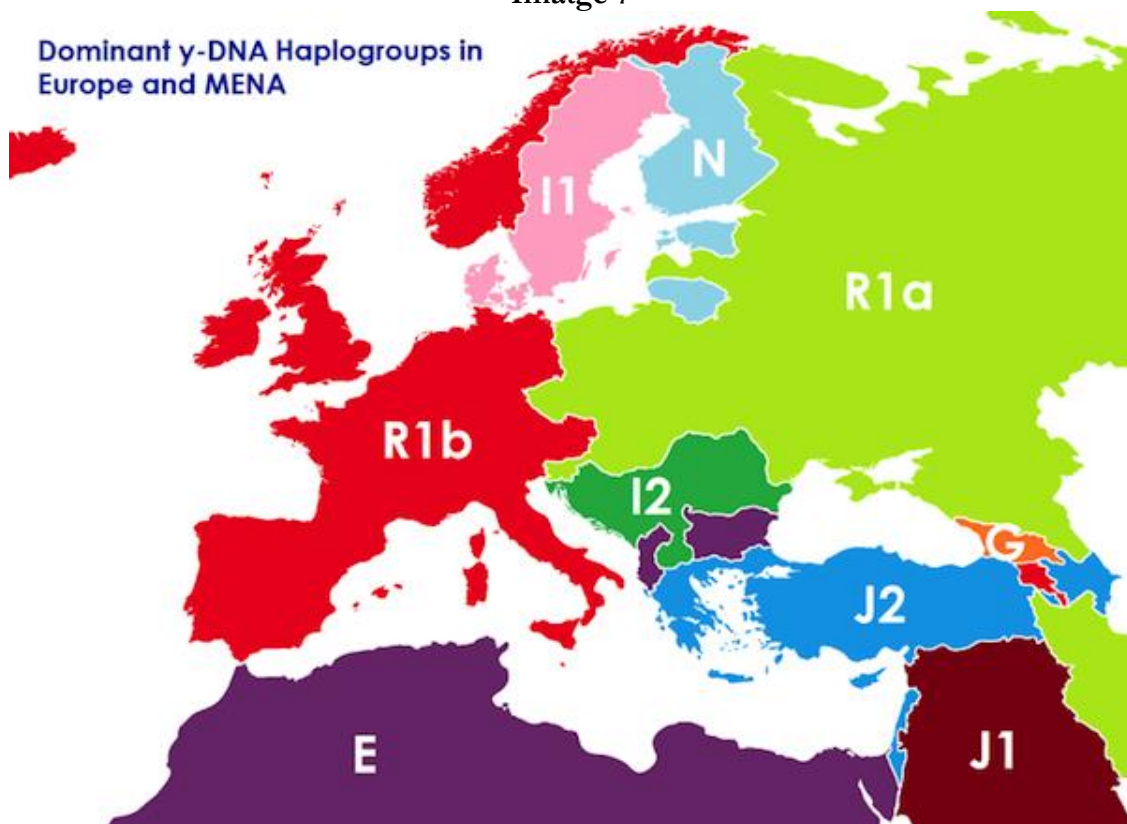


La frontera genètica de l'estret de Gibraltar és pràcticament absoluta; tot i que només té 10 km d'amplada, separa completament l'haplogroup europeu R1b i l'haplogroup nord-africà E1b1b. Si la informació disponible és fiable, la població indígena del nord d'Àfrica sembla ser molt més resistent al virus, ja que el Marroc només té 42 casos per milió. En aquest sentit, és important tenir informació fiable sobre COVID-19 a Ceuta i Melilla, els enclavaments espanyols al Marroc. Només he pogut recopilar informació sobre el primer (malauradament, no el vaig poder actualitzar després de l'11 d'abril), Ceuta, on prop del 87% dels infectats són europeus caucàsics, mentre que el 13% són nord-africans. Cal tenir en compte, però, que els europeus representen el 52% de la població total de la ciutat i els nord-africans el 48%. No obstant això, els números oficials no coincideixen amb els reals, que parlen d'una població nord-africana del 70-75% a Ceuta. Això apropa les proporcions de persones infectades al 90-95% dels europeus caucàsics i del 5-10% als nord-africans. Completar i actualitzar la informació sobre aquests enclavaments espanyols a Àfrica és fonamental.

Calcular i precisar els percentatges són tasques fonamentals necessàries per confirmar, revisar o refutar la meua hipòtesi sobre la relació entre el coronavirus i l'haplogrup R1b que defense aquí. Aquesta anàlisi (o qualsevol altra basada en la genètica) pot ser

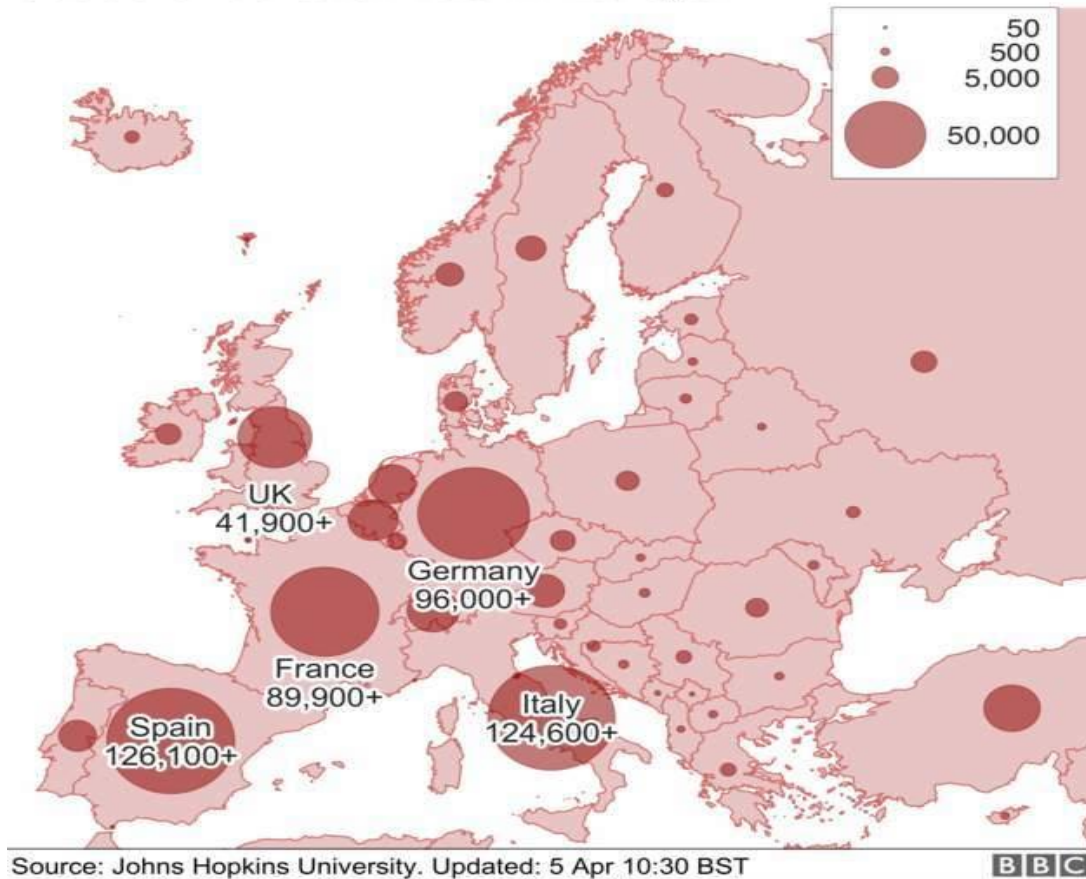
capaç de fer llum sobre la incidència diversa de COVID-19 a Europa i la resta del món, així com suggerir estratègies per a la seua contenció. [Vegeu la imatge 7, un mapa dels haplogrups prevalents a Europa i zones veïnes d'Àfrica i Àsia, i la imatge 8, sobre la incidència de COVID-19 a Europa, tal com es reflecteix en un mapa del 5 d'abril]

Imatge 7



S’ha de parar especial atenció a Austràlia, on l’haplogrup R1b és el que domina amb molta diferència. El percentatge de R1b en comparació amb altres haplogrups i el nombre de casos per milió també són rellevants, però aquestes dades també han de tenir en compte les circumstàncies especials d’Austràlia: el seu aïllament geogràfic reforçat pel tancament de les fronteres i el control rigorós establert per les autoritats del que és un continent-nació.

Imatge 8
Cases of coronavirus in Europe



Tornem ara a la incidència extremadament baixa de COVID-19 al Marroc. En canvi, en la veïna Espanya, que es compta entre les nacions amb una qualitat de vida més alta i gairebé igual al Japó en l’esperança de vida, viu un drama: el drama actual d’Europa occidental. El Marroc no és una excepció en la seua relativa immunitat: la majoria dels països d’Àfrica i Àsia comparteixen aquesta immunitat i també com a simples testimonis d’aquest drama. Fins i tot als països amb una gran població, un sistema sanitari que no en mereix el nom, i amb una renda per càpita extremadament baixa, SARS CoV-2 no es tem tant com les mesures adoptades per derrotar-lo. Em referesc a l’Índia, amb 1.352 milions de persones i una taxa de contagi d’11,5 per milió; Nigèria, amb una població de 196 milions i poc més de 2,5 casos per milió. De la mateixa manera, és sorprenent que Egipte (amb 98 milions d’habitants i 30 casos) i Indonèsia (264 milions d’habitants i 23 casos) estiguen a anys llum de les xifres d’Europa o Amèrica.



Ángel GÓMEZ MORENO, "Coronavirus, Population Genetics, and Humanities". In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Especialment revelador és el cas de Zàmbia, un país en què la meitat de la població es va infectar amb el VIH durant els pitjors anys de la SIDA. Però ara, amb només 3 casos per milió, sembla que COVID-19 gairebé no l'afecta, en línia amb la resta de l'Àfrica negra. Aquest fet només es pot qualificar d'"increïble", però és una realitat que d'alguna manera hem d'explicar. La meua hipòtesi ho explica. Els pobles africans, des de la frontera mediterrània fins a les aigües fredes de Cap Point, tenen el mateix escut: els seus gens i l'absència de R1b

Una simple mirada al mapa de la Johns Hopkins University confirma que poc ha canviat des que els mitjans van notar l'arribada del virus. Fins i tot en aquells primers moments alguns comentaristes van afirmar que els africans eren d'alguna manera immunes al virus. El 27 de febrer, *Le Monde* va destacar que Àfrica va resistir millor l'amenaça que cap altre continent. Un mes després (24 de març), BBC Àfrica va dir: «L'épidémie de coronavirus n'est plus une menace pour l'Afrique»; o aquest: «le nombre relativement faible de cas en Afrique a déconcerté les experts».

Els periodistes tenen una font fiable a les pàgines electròniques de la Johns Hopkins University. La població desinformada, a ciutats o aldees, a la sabana o al bosc tropical, diu: "La malaltia del coronavirus és la malaltia de l'home blanc"; o "El coronavirus està triomfant a l'Àfrica per culpa de la gent blanca". Les veus autoritzades, però, adverteixen que ningú té una garantia 100% d'evitar la COVID-19. A Sud-Àfrica, on el risc d'infectar-se és molt més gran que a l'Àfrica més profunda, Landon Myer, responsable de la School of Public Health de la University of Cape Town, diu: "No hi ha proves que indiquen que cap grup particular de persones són immunes al virus SARS CoV-2 causant de l'epidèmia de Covid-19". Estic d'acord amb aquest expert tant com no estic d'acord amb aquelles persones mal informades que es consideren protegides per la melanina a la seua pell o per algunes condicions climàtiques especials, suposadament enemigues del SARS CoV-2.

Com ja hem vist, l'haplogroup R1b ofereix el millor allotjament per a SARS CoV-2 i ofereix una bona llar per al desenvolupament de la malaltia associada. I com que R1b està present a tot arreu dels EUA, podem entendre per què el nombre d'infeccions i morts va créixer exponencialment abans que s'hi posaren en pràctica mesures adequades de distanciament social. Repetim, l'haplogrup R1b és el més freqüent entre els nord-americans, amb un total de 87 milions de persones d'origen irlandès, britànic i escocès. Tot i que no és més que una enquesta basada "en dades sorprenentment poc fiables", Richard Morrill adjudica, en "Race, Ancestry, and Genetic Composition of the US" (*Newgeography*, 22/09/2015), R1b a 188 milions de persones en un total de



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30* (2020/1). *War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

328 milions al país. I hem de recordar que l’autosòmic R1b també és freqüent en els afroamericans i més encara en els d’ascendència hispànica. Com que tant els africans com els afroamericans, comparteixen Mt-DNA U6, que és dominant al nord d’Àfrica on el COVID-19 ha tingut poca penetració, arribem a la conclusió que la facilitat amb què aquest virus entra al cos no és determinada per aquest haplogrup.

A Amèrica central i del sud, R1b és present en moltes persones que semblen ameríndies. Un estudi coordinat pel Centro de Investigación Genética y Genómica of the Universidad Tecnológica Equinoccial de l’Equador va concloure que, en comparació amb la puresa ameríndia de l’ADN Mt (mitocondrial o ADN matern), l’ADN Y (paternal), reflecteix una barreja del 60%. ADN europeu, 30% ADN amerindi i 10% DNE africà. Com que els avantpassats europeus eren espanyols, l’haplogrup més freqüent és, amb molt, R1b.

Conclusions

Per concloure: la Genètica de les poblacions demostra que l’enemic invisible, silenciós i terrible amb què ens enfrontem avui causa més danys en alguns països que en altres i es mostra més cruel amb alguns grups o individus que amb altres. Per això, Espanya i altres països occidentals, on la freqüència de R1b és molt elevada, s’han convertit en l’objectiu principal de COVID-19.

Més que una sola batalla: necessitem una campanya de llarga durada de proporcions èpiques contra un enemic tan poderós (“poc més que una grip”, segons alguns polítics). En compte de la lluita solitària d’un únic heroi èpic –un Rotlà o un Cid Campeador—, necessitem milers d’homes i dones sense por que estiguen disposats a arriscar la vida tractant directament amb pacients amb COVID-19, tot i que es poden millorar les condicions. Al meu parer, era impossible preveure el que ha passat a Europa occidental. A més, en aquesta primera etapa del nostre coneixement, encara ens falten eines, principis i estratègies fonamentals per comprendre, controlar i neutralitzar el virus. Una d’aquestes, potser la principal, pot ser que siga la genètica, que s’ha d’utilitzar d’una manera nova, hàbil i fructífera, per entendre la relació entre SARS-CoV-2 i haplogrup R1b: és hora de seguir aquest camí fins que haja aportat el coneixement que puga ser capaç de salvar-nos, o almenys posar-nos en el camí cap a la seguretat.

R1b està indefens contra SARS-CoV-2. Aquest fet pot oferir informació vital o pistes senzilles però valuoses per apropar-nos al virus i de quina manera destruir-lo. Si

icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l'Antiguitat i l'Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

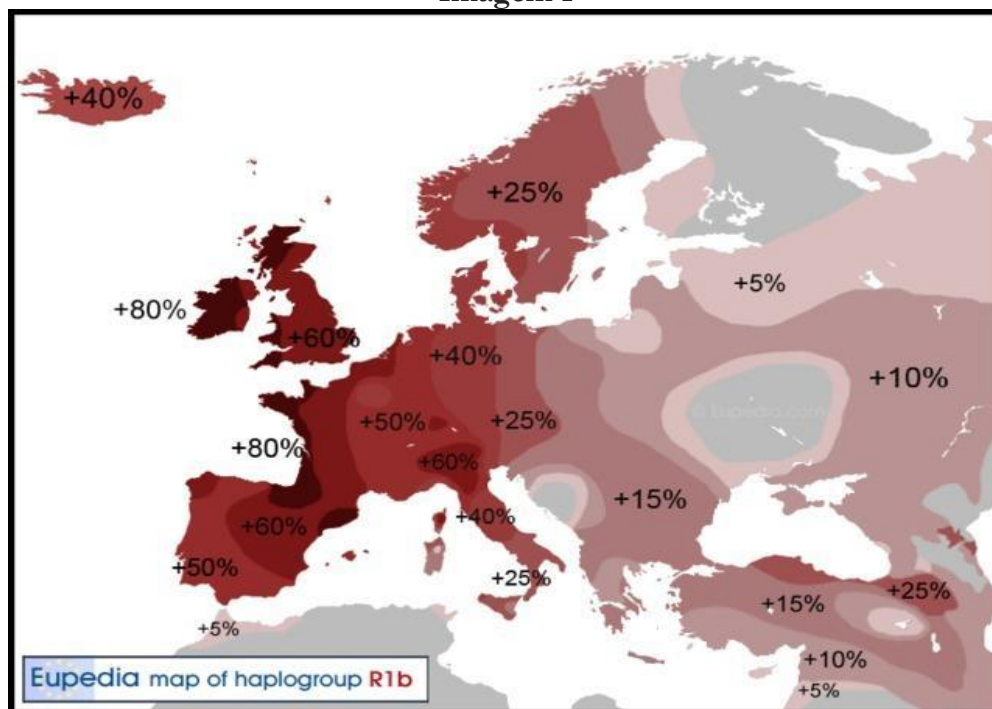
coneixem el nostre haplogrup (el meu grup haplogrup) podrem centrar-nos en el tipus d'investigació que podria arribar a dissenyar la tan desitjada vacuna. S'ha de parar especial atenció a la manera en què es relacionen els SARS-CoV-2 i la subclada P312, el més freqüent i generalitzat de totes les clades R1b.

Coronavírus, *Genética das Populações* e Ciências Humanas⁹

Ángel GÓMEZ MORENO¹⁰

Neste estudo, enfatizo a relação entre a geografia do coronavírus e a genética europeia. Certamente, impressiona que a epidemia (não vale a pena chamá-la de pandemia) derivada do coronavírus (SARS CoV-2) tenha iniciado nas comunidades humanas em que prevalece o haplogrupo R1b, característico da Europa Ocidental. No entanto, é mais surpreendente que esse fato tenha escapado à atenção da comunidade acadêmica, que deve trabalhar com a hipótese atual devido a suas implicações [a esse respeito, veja a imagem 1, que adiciona porcentagens do referido haplogrupo R1b a uma gradação de intensidade da mesma cor.]

Imagem 1



⁹ Estudo que desenvolve a *Aula de Encerramento* do Curso Acadêmico 2019-20 no seio do [Institut Superior de Investigació Cooperativa IVITRA \[ISIC-IVITRA\]](#) da Universitat d’Alacant / Universidad de Alicante, no marco do *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 / 15th International Symposium New Trends in R+D+I in Literature, Language, Education and IST. From Innovation to Canon* (março, 2020). O autor agradece a colaboração especial de Charles B. Faulhaber (UC Berkely), Antonio Cortijo Ocaña (UC Santa Barbara), Hernán Sánchez Martínez de Pinillos (University of Maryland) e Vicent Martines Peres (Universitat d’Alacant).

¹⁰ Catedrático de Universidad / *Full Professor*, Universidad Complutense de Madrid (UCM). *E-mail:* agomezmo@ucm.es



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

De seu foco difusor na distante China, o coronavírus deu um salto para a Europa de uma maneira impossível de identificar (sua rastreabilidade é complexa, como sabemos). A única certeza é que esse invasor minúsculo e temível, cuja existência as autoridades chinesas informaram à OMS em 31 de dezembro de 2019, virou a cabeça na Europa um mês depois. Foi no dia 31 de janeiro quando dois turistas chineses que estavam em Roma foram hospitalizados por apresentarem um quadro clínico suspeito e preocupante. Em questão de dias, o vírus se espalhou por toda a Lombardia, Vêneto, Emília Romanha e todo o norte da Itália, infectando milhares e milhares de pessoas.

Nessa região, o coronavírus se enraizou com força incomum, de modo incomparável ao que aconteceu em outras partes, incluindo o sul da Itália. O mapa italiano do coronavírus foi imediatamente esboçado e permaneceu praticamente inalterado: a epidemia vai aproximadamente quando descemos a Península dos Apeninos e tem a menor frequência (em número de infecções e mortes) na Calábria e na Sicília. A geografia e as magnitudes do coronavírus, atualizadas conforme especialistas da Universidade Johns Hopkins (Baltimore, MD, EUA), são de domínio público [Os números correspondem aos do banco de dados em 19 de abril de 2020].

Para os iniciados em *Genética de Populações*, o mapa do coronavírus mostra que a sua doença causadora (COVID-19) tem uma incidência mais alta nas áreas onde o haplogrupo R1b predomina. Esclareço que o haplogrupo é definido pelas variações no DNA de um indivíduo, compartilhadas com membros da mesma comunidade humana. Alelos determinam o DNA e existem muitas doenças e síndromes hereditárias devidas à alteração de alguns alelos.

O especialista em genética – geneticista – é um cientista no campo da Medicina ou da Biologia Molecular. Por outro lado, a *Genética da População* diz respeito, entre outros, ao linguista (indo-europeu, por exemplo) e ao especialista em Pré-História ou História Antiga. Da mesma forma, suas ferramentas de trabalho não estão em laboratório, mas fundamentalmente em uma boa biblioteca, e são continuamente baseadas em estatísticas. Às vezes, a *Genética de População* é usada para pesquisas mais detalhadas no tempo (na Idade Média e até posteriormente). Nestes casos, é possível reconstruir o passado de uma maneira inimaginável até recentemente.

Assim, o DNA atual de La Mancha (que carrega algumas variedades de R1b) remonta aos gascões e vascos que acompanharam o rei Afonso VI (c. 1040-1109) de Leão em sua campanha em Toledo em 1085 (trato disso em um livro de 2018 que enfoca a



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

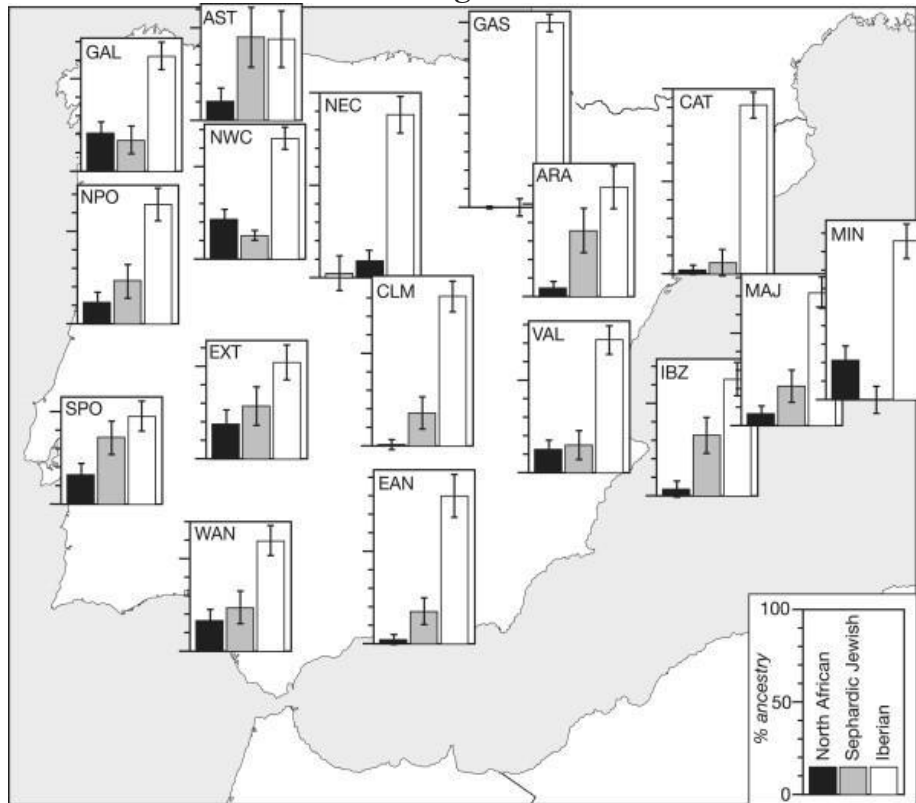
localidades da Mesa de Ocaña, apoiadas pela toponímia). Do mesmo modo, a genética dos maiorquinos de hoje confirma que sua origem se encontra no Ampurdán, nos Pirineus e no Languedoc, já que eles repovoaram as Ilhas Baleares após a campanha de Jaime I (1208-1276).

Vale a pena revisar 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](#). Neste estudo, vê-se como na Península Ibérica, assim com na maioria europeia (com os diferentes ramos do haplogrupo R1b e, especificamente, com um poderoso R1b1b2a1b*, também conhecido como R1b1b2a1a2, P-312 ou S-116), existem duas importantes minorias genéticas não europeias: uma norte-africana (10,6%) e outra sefardita (19,8%), o que reflete séculos de contato e processos de conversão voluntária ou forçada.

Esse estudo foi realizado em um total de 1.140 indivíduos. No mapa resultante, impressiona a correspondência total de haplogrupos com grupos étnicos ou raças, operação que não deixa dúvidas quando se identifica automaticamente haplogrupos e grupos étnico-culturais. Por exemplo, não deixa de ser um excesso fazer judeus de todos os indivíduos que portam haplogrupos J ou K. Da mesma forma, deve-se ter em mente que, na comunidade ashkenazi, R1b varia entre 8 e 9%. Por outro lado, no caso dos sefarditas, esse número varia entre 13 e 15% [os resultados de Adams *et al.* se encontram no mapa de diagrama na imagem 2].

Vejamos de modo pormenorizado. A maior frequência de R1b, a maior incidência, comprovada ou provável (ou, se você preferir, real ou potencial) do COVID-19 é validada em praticamente todos os casos. De fato, sua abundância é tão eloquente quanto sua baixa frequência ou total ausência. Em relação à Itália, deve-se notar que, entre os Alpes Cisalpinos e a Toscana, o R1b atinge porcentagens muito altas, pois está presente em mais de 60% da população masculina. Pelo contrário, no sul, onde a incidência de COVID-19 é menor, o R1b atinge 25% (Calábria) ou permanece em 20% (Sicília).

Imagem 2



Em [Enpedia](#), podemos comprovar que, no meridiano italiano, R1b cede para haplogrupos do Mediterrâneo oriental e o norte da África. Essa diversidade dá sentido a dois números tão extremos quanto os 5.561 casos por milhão de habitantes da Lombardia, em comparação aos 457 da Sicília. Vamos revisar os países e regiões, na Europa ou em outros continentes, cujos números são mais ilustrativos. Revelador é o caso da Grécia, onde o coronavírus mostra sua face mais amigável, uma vez que adiciona 200 infecções por SARS-CoV-2 por milhão de habitantes (para se ter uma ideia das magnitudes, basta comparar esse número com os 6.882 casos em Madri).

Qual é o motivo dessa diferença? Acredito que não se trata apenas do que os jornalistas proclamam (como Cristina Losada, que se refere ao “milagre grego” contra o coronavírus, *Digital Freedom*, 4/6/2020). Na minha opinião, esse fato concorda com uma realidade incontestável: a genética dos gregos difere completamente da dos habitantes da Europa Ocidental. Especificamente na Grécia, os haplogrupos hegemônicos são E1B1B, típico do norte da África, com outros dois, J2 e I2, típicos do Mediterrâneo oriental. Por sua vez, o haplogrupo R1b aparece em

aproximadamente 15% da sua população [Verifique-se em um dos mapas genéticos do *Projeto Eupedia* na imagem 3].

Vejam os alemães, cujos bons resultados no combate à epidemia são devidos – opinião quase unânime – aos meios que possui, especialmente empresas e laboratórios médico-farmacêuticos. Além disso, devemos acrescentar à sua eficiência e sua velocidade de reação contra o vírus outros possíveis fatores exclusivos. Na minha opinião, e sem que isso implique subestimar a qualidade do sistema de saúde naquele país, a genética dos alemães é mais eficaz nesse caso do que a dos espanhóis (ou britânicos). Os números de SARS-CoV-2 e COVID-19 na Alemanha, tão invejados pelos espanhóis, têm a ver com o fato de a Alemanha ser uma zona de trânsito genético.

Imagem 3



Certamente, nela começa a diminuição da frequência do haplogrupo R1b (44%) e o aumento do R1a (16%), característica dos povos eslavos. O I1 escandinavo é sentido na mesma medida, acompanhado por um *medley* genético de baixa frequência. A proporção da Áustria é idêntica, embora se destaquem dois fatos: a diversidade genética do país e, comparativamente, a baixa frequência de R1b (32%), superada pela soma do I1 escandinavo (12%), o R1 eslavo (19%), o eslavo-balcânico I2a-b (9%) e,

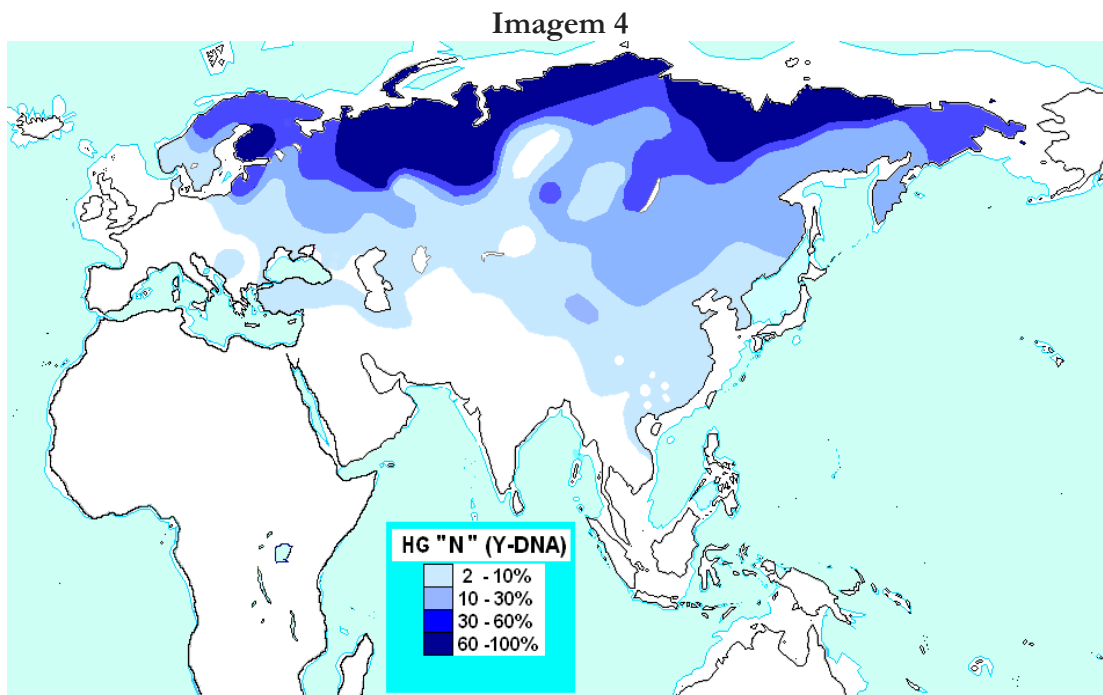
1033

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

segundo, a presença nada desprezível do haplogrupo africano E1b1b (8%) – curiosamente, o mesmo haplogrupo de Adolf Hitler.

Enfim, a Rússia, onde o haplogrupo R1a é hegemônico — pois alcança 46% do total, muito à frente do N (23%), de origem euroasiática e segundo em frequência, e do I2 (11%), também euroasiático e terceiro em frequência—, o vírus tem uma cifra insignificante caso comparado com as de seus vizinhos da Europa Central e Ocidental: apenas 92 casos para cada milhão [*a distribuição do haplogrupo N, comum na Rússia e sobretudo na China, pode ser vista na imagem 4*].



Como vimos, o haplogrupo R1b abarca desde o norte da Itália à Finisterra (Corunha, Espanha) e tem uma frequência muito alta no País Basco (85%), na Irlanda (81%) e em duas regiões francesas: Bretanha (80%) e Normandia (76%). Após a Irlanda, os grandes reservatórios do R1b por países correspondem, nessa mesma ordem, à Espanha (69%), Grã-Bretanha (67%), Bélgica (61%) e França (58,5%). Logo a seguir, a Itália, com uma frequência muito distinta no norte ou ao sul. Na Europa do R1b, a COVID-19 tem efeitos devastadores.

Por algum tempo, as cifras e a informação pareciam, de modo geral, tirar-me a razão, pelo menos nos casos da Grã-Bretanha e da França, dois dos grandes reservatórios de R1b. No entanto, na primeira semana de abril, os contágios e as cifras de mortos

dispararam até atingir máximas. No dia 15 de abril, a França teve 1.427 mortos e a Grã-Bretanha 761. As mudanças das tendências são contínuas e parecem ser a norma. Desse modo, no dia 16 de abril a cifra caiu à metade: 753 óbitos. As autoridades sanitárias devem saber, antes de tudo, que a chave deste ainda tremendo dilema se encontra na *Genética das Populações*. Na realidade, as cifras sobem e baixam de um dia para o outro, como na França, que no dia 16 de abril viu sua cifra de mortos reduzida a 753.

Da Bélgica deve ser dito que lhe corresponde o lugar que ocupa, pois seu R1b representa 61% do R1b e os contágios por milhão de habitantes são 3.226, o que supera a cifra da Itália (2.920). Também surpreende que sejam tão semelhantes as cifras de suas duas regiões principais: a dos valões (3.078) e a dos flamencos (3.288). Embora as proporções não sejam exatas, a respeito da Holanda, com 49% de R1b e 1.860 casos por milhão de habitantes, devemos dizer que apenas se afasta da fórmula aqui aplicada.

Em nossos cálculos, só resiste — e convém precisar que de forma igualmente relativa — a Irlanda, embora seu número de casos, que ontem alcançou os 3.000 casos por milhão de habitantes, não é uma cifra baixa em termos absolutos. No entanto, empatar em contágios com a Suíça, que também anda pelos 3.000 casos aproximados, deve considerar-se um logro, já que o R1b suíço fica a mais de trinta pontos do irlandês: 50% em relação a 81%. Deve-se comparar magnitudes sabendo o que se faz. Portanto, ou é mais necessário que os parâmetros sejam idênticos ou muito semelhantes. Nesse sentido, chama muito a atenção que o aumento de casos na Irlanda seja considerado um fracasso absoluto comparado às cifras de países semelhantes por sua população (“*Coronavirus news: Data shows Ireland has high amount of Covid-19 deaths compared to similar nations*”). Contudo, o que importa — já dissemos — não é o número absoluto ou relativo de habitantes, tampouco a renda *per capita*, mas a porcentagem de R1b de cada país.

Caso comparemos o R1b das cinco *similar nations*, percebemos que a operação é equivocada em sua origem. Pois o que temos aos 81% da Irlanda, já que vemos as respectivas porcentagens em ordem decrescente da Dinamarca (33%), Noruega (32%), Eslováquia (14,5%), Croácia (5%) e Finlândia (3,5)? À luz desse dado, a operação é aberrante. Algo que deve ser levado em conta é a divisão dos haplogrupos em ramos ou n ramas o en subgrupos. A esse respeito, há um dado da maior importância: nos países ou regiões da Europa nas quais impera o R1b, seu ramo mais poderoso, tanto por sua frequência quanto extensão, é P316, S112 ou R1b1b2a1b.

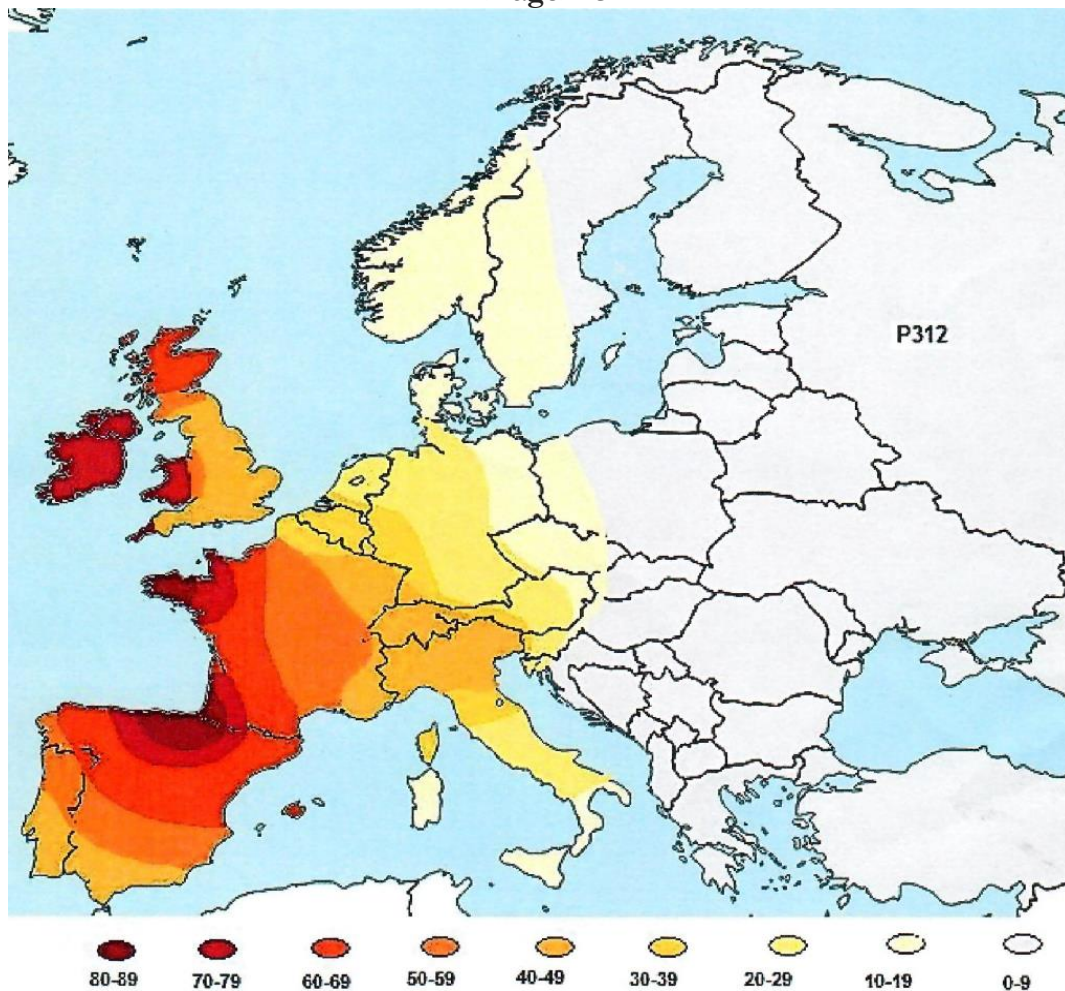
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Com frequência aderem uma etiqueta, *italo-celta* ou *italo-céltico*, pelo fato de que, no passado, seu foco irradiador se situava ao redor dos Alpes italianos. Nos últimos anos, foram propostas novas teorias sobre a gênese e a expansão deste e de outras evoluções do R1b e, em especial, prestou-se especial atenção ao País Basco como possível foco irradiador. Em todo caso, ressaltarei novamente a importância que o P312 pode ter no caso presente, já que seria o alvo ideal no caso de um possível conflito NBQ. Em um desenvolvimento teórico conviria ter este fator em conta [distribuição de P312 na imagem 5].

Imagem 5



Em contrapartida, outras ramificações do R1b são quase exclusivas de um país ou região, como é o caso do DF27, característico da Península Ibérica e concentrado no País Basco e nos Pireneus. Da primeira zona, a basca, iríamos aos bascos extramontanos e aos manchegos; do extremo oriental dessa mesma cadeia

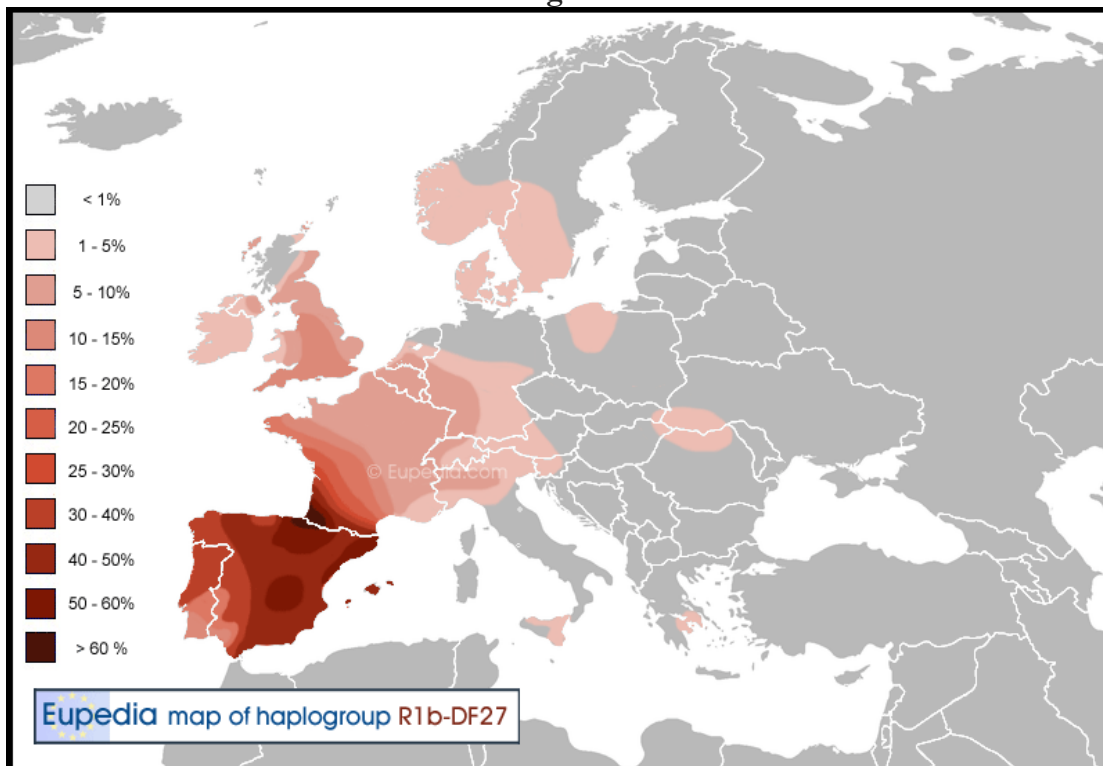
icm

Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

montanhosa, vamos às Ilhas Baleares, graças igualmente ao fenômeno do repovoamento [o ramo DF27, de acordo com o banco de dados da Eupedia em 2017, na imagem 6].

Imagem 6



O corte genético do Estreito de Gibraltar é o mais significativo, já que em 10 km se passa do haplogrupo europeu R1b ao norteafricano E1b1b. Aparentemente, caso a informação que dispomos está correta, a povoação autóctone do norte da África seria resistente ao vírus, já que Marrocos só contabiliza 42 casos por milhão de habitantes. A esse respeito, é importante dispor da totalidade das cifras do COVID-19 em Ceuta e em Melilha (cidade autônoma espanhola no norte da África), embora no momento só dispomos dos relacionados à primeira cidade.

Provavelmente esses dados respaldariam minha hipótese: 87% dos contagiados são europeus caucasiânicos, em relação a 13% de origem magrebina. Tenhamos em conta, por outro lado, que os europeus representam 52% do total e os segundos 48%. Contudo, os números oficiais se distanciam dos verdadeiros, que dizem respeito a uma população de origem magrebina muito superior em porcentagem (70-75%), o que deixa as proporções do COVID-19 em 90-95% frente a 5-10%, respectivamente.

icm

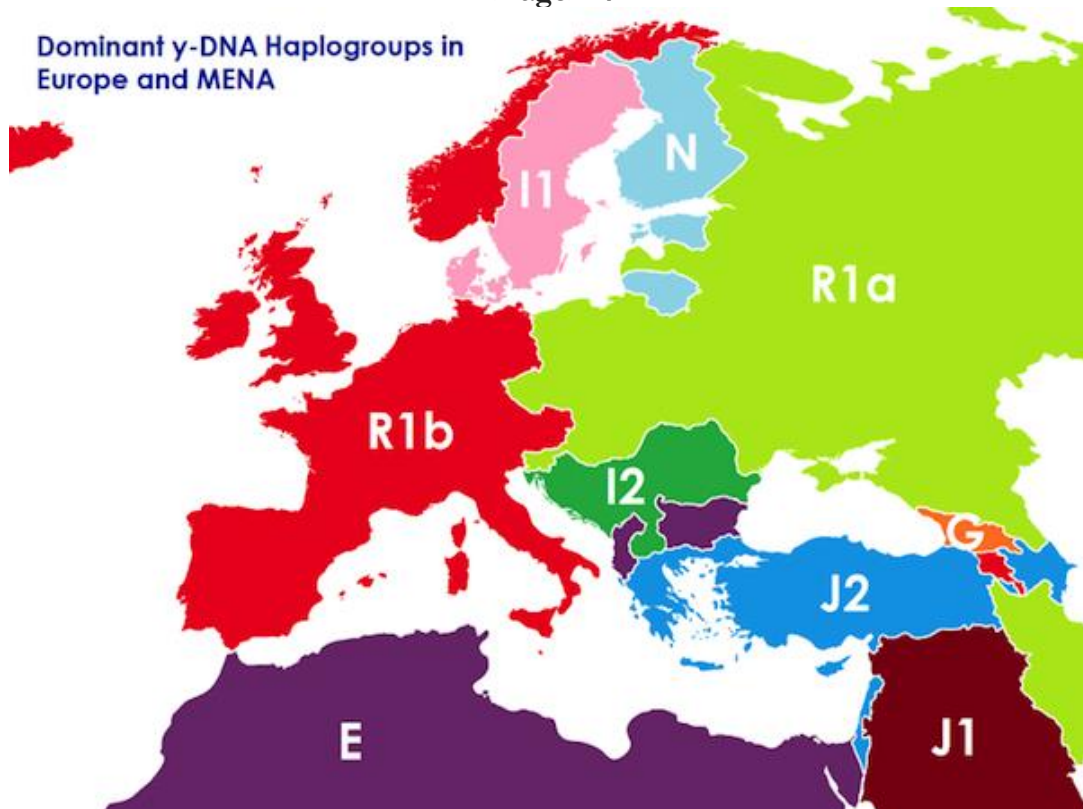
Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

Quem puder, que complete e atualize a informação relativa a estas cidades espanholas na África.

A recontagem e fixação de porcentagens são determinantes para validar, revisar ou refutar a relação entre o coronavírus e o haplogrupo R1b que aqui defendo. Da continuação e cotejamento dos dados resultará que minha hipótese seja desestimada ou considerada com maior atenção. Essa análise (ou qualquer outra com base na Genética) pode explicar o porquê da distinta incidência do COVID-19, tanto na Europa quanto no resto do mundo [veja a imagem 7, mapa dos haplogrupos predominantes na Europa e nas zonas próximas da África e da Ásia].

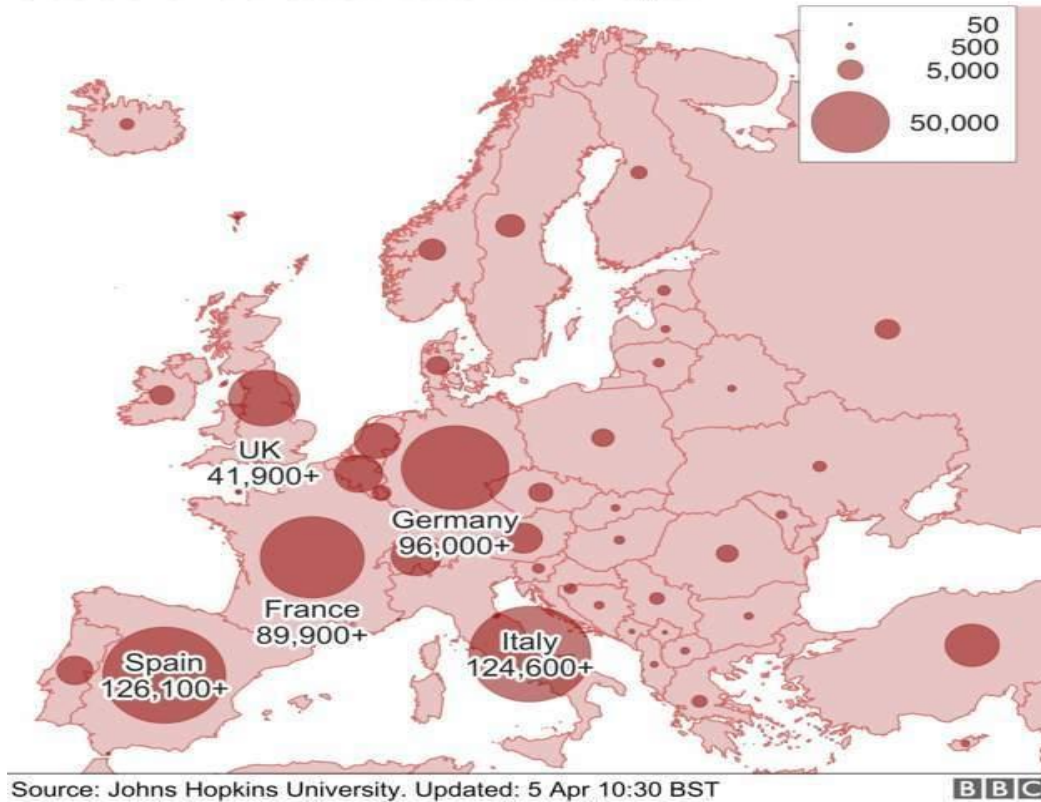
Imagem 7



Interessantíssimo é o que pode ocorrer na Austrália, onde o haplogrupo R1b é o mais frequente. Este dado deve ser cruzado com outros como o isolamento geográfico e o adicional, resultante do fechamento das fronteiras e o controle estabelecido pelas autoridades nessa nação-continente [a incidência do COVID-19 na Europa está refletida no mapa de 5 de abril na imagem 8].

Imagem 8

Cases of coronavirus in Europe



Caso não partamos do fato assinalado, não se explica a baixa incidência do COVID-19 nos países mais povoados da Ásia e da África, que não contam com uma saúde pública desenvolvida como a ocidental e têm uma renda muito baixa. Refiro-me à Índia, com uma população de 1.352 milhões e uma taxa de contágios de 5,5 por milhão de habitantes, ou a Nigéria, com uma população de 196 milhões e pouco mais de 1 caso por milhão. Do mesmo modo, é chocante que o Egito (com 98 milhões de habitantes e 18 casos) e também a Indonésia (com 264 milhões de habitantes e 14 casos) fiquem a anos-luz das cifras da Europa ou da América.

Enfim, interessa destacar um caso especialmente revelador: o da Zâmbia, país no qual a metade da população chegou a estar infectada pelo VIH (e não nos preocupamos com as cifras atuais, pois não preciso delas no momento) e que, na linha com o restante da África Negra, apenas afeta o COVID-19. São somente 3 casos por milhão de habitantes. Para colocar ordem nas cifras do COVID-19 e antecipar sua evolução, não se pode distanciar de seus principais reservatórios, que convidam a formular uma



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antigüidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

série de perguntas, a primeira de todas: o que ocorrerá a partir de agora nos Estados Unidos?

Caso a razão me caiba, devemos esperar uma explosão no número de novos casos. De fato, a mudança da tendência começou dias antes de que procedêssemos à seleção de dados para esse artigo. A causa, como se supõe, radica no fato de que o haplogrupo R1b está no ADN primário de muitos norte-americanos, com um grupo especialmente nutrido como é o dos descendentes de irlandeses, britânicos e escoceses, que somam 87 milhões de pessoas. A esse respeito, indico os mapas e tabelas do trabalho de Richard Morrill, “[Race, Ancestry, and Genetic Composition of the U.S.](#)”, *newgeography*, 22-IX-2015, que adjudica o haplogrupo R1b a 188 milhões dos 328 milhões de habitantes dos Estados Unidos.

Neste cômputo, há um procedimento viciado em sua origem: suas cifras partem de uma operação falsa, pois estabelece uma correspondência absoluta entre um grupo social e um haplogrupo genético. O mesmo fazem Adams *et al.* (2008) no trabalho que acabamos de abordar. A impressionante cifra que chega Morrill deveria ser acrescentado os casos de carga autossômica R1b, de não pouca frequência no conjunto da população afroamericana e hispanoamericana. Da escassa incidência do COVID-19 na África se deduz que o coronavírus não se associa ao Mt-ADN U6, presente na maioria dos africanos e afroamericanos.

Nos outros países da hispanoamérica, ocorre outro tanto, sem que seja determinante o aspecto marcadamente ameríndio de grande parte da população. Penso concretamente no Equador, onde um recente estudo coordenado pelo *Centro de Investigación Genética y Genómica de la Universidad* (UTE) concluiu que, frente à linhagem ameríndia do Mt-ADN (isto é, o ADN mitocondrial ou materno), o Y-ADN (isto é, o ADN paterno) revela uma mestiçagem de 60%; 30% é ameríndio e 10% africano). Como muitos dos ancestrais são espanhóis, o haplogrupo mais frequente é o R1b.

Conclusões

Concluamos. A *Genética das Populações* mostra que o inimigo invisível, silencioso e terrível que hoje enfrentamos causa mais estragos em alguns países que em outros e se mostra mais cruel com determinados grupos ou indivíduos. Por isso, a Espanha e alguns dos países mais dinâmicos do Ocidente, no qual o R1b se encontra na maioria da população masculina, constituem o principal objetivo do coronavírus. A luta contra um inimigo tão poderoso (pouco mais que uma gripe, diziam para que nos



Ángel GÓMEZ MORENO, “Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”. In: Antonio CORTIJO, Vicent MARTINES, Armando Alexandre dos SANTOS (orgs.). *Mirabilia 30 (2020/1). War and Disease in Antiquity and Middle Ages – Guerra y enfermedad en la Antigüedad y la Edad Media – Guerra i malaltia en l’Antiguitat i l’Edat Mitjana – Guerra e doenças na Antiguidade e Idade Média*

Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

tranquilizássemos) tem hoje dimensões de uma epopéia, embora não haja um único herói, mas milhões de pessoas que arriscam suas vidas no trato direto com os enfermos e em condições perfeitamente insuficientes.

Era impossível antecipar o ocorrido no Ocidente europeu. Mais: ainda carecemos de chaves básicas para controlar e neutralizar o vírus. Só o fato dele atender preferencialmente um haplogrupo, o R1b, em relação ao acesso do SARS-CoV-2 ao corpo humano e o desenvolvimento do COVID-19, pode derivar um uso inteligente das armas com as quais combatemos. Narrei tudo o que sei. Oxalá que sirva para apontar algumas linhas de investigação e induzir uma série de atuações.

Dentre as principais ideias que nos ocorrem, uma é a busca de um remédio (sobretudo de uma vacina) para o entorno do haplogrupo R1b. Particularmente dever-se-á prestar atenção ao modo com o qual se interrelacionam o SARS-CoV-2 e o P312, forma mais frequente e extendida do R1b. Para concluir, proponho um jogo que diríamos infantil por sua simplicidade e que, ao mesmo tempo, não pode ser mais revelador de que vamos por um bom caminho.