



Coronavirus and Genetics: in no way a miracle
Coronavirus y Genética: no hay milagro que valga
Coronavírus e Genética: não há milagre

Ángel GÓMEZ MORENO¹

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



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

Coronavirus and Genetics: in no way a miracle²

Ángel GÓMEZ MORENO³

To Steven G. Symmes (1952-2016), beloved friend

May 1, 2020

[Remarks on my article: [“Coronavirus, Population Genetics, and Humanities”](#), *Mirabilia 30* (2020/1), Special issue on “*War and Disease in Middle Ages and Antiquity*”.]

Lacking confirmatory tests, I present the result of my analysis of some public domain data that reveals the relationship between SARS-CoV-2 (coronavirus) and the male haplogroup (Y-DNA) R1b. Current statistics of COVID-19 (coronavirus-associated disease) prove that its incidence is much higher in areas where R1b reaches higher percentages. In my previous article, I developed a formula: *the higher the frequency of R1b, the greater the incidence, proven or probable (real or potential), of COVID-19*. The distribution of this haplogroup is almost exclusively European. More precisely, R1b is known to be the quintessential haplogroup of the peoples of Western Europe.

While Genetics deals with the study of DNA, Population Genetics uses data provided by geneticists to study human migrations from Prehistory onwards; thus, new light is shed on processes such as the evolution of cultures, or the formation and expansion of languages, either extinct or alive. While Population Genetics has slowly but inexorably gained proselytes among experts in the social sciences, Genetics is a fundamental discipline for all fields of life and health sciences, playing a primary role in the fight against diseases.

Given the fact that Genetics will be more and more prevalent in our lives, it is important to become acquainted with its basic metalanguage: words as *mitochondrial*, *autosome*, *allele*, *haplotype*, and particularly *haplogroup*, which refers to a genetic pattern characteristic of members of a human society with centuries, if not millennia, of

² Only friendship helps to understand the involvement of both Prof. Charles B. Faulhaber (University of California, Berkeley) and Prof. Elena del Río (University of Georgia, Atlanta) in the present essay. Their remarks were so valuable that almost all of them have been introduced in the final version.

³ Catedrático de Universidad / Full Professor, Universidad Complutense de Madrid (UCM). E-mail: agomezmo@ucm.es.



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

common life. The haplogroup derives from the haplotypes, i. e. the genetic configuration inherited from our parents.

For the record, while I have absolute confidence in geneticists, I would only suggest – with the prudence and humility with which the novice addresses the expert – that they pay attention to the role played by the haplogroup R1b in a process that begins with the advent of the coronavirus, continues with the development of the disease, and ends with the cure or death of the patient. The most important issue is to determine whether there is an objective reason for the coronavirus to have caused the greatest havoc in “R1b Europe”, as crucial lessons may be drawn from the demonstration that it affects males carrying the R1b haplogroup more than individuals of other haplogroups.

In the aforementioned process, the mass-media, given its ability to modulate and shape public opinion, has a mission of utmost importance. The genetic factor has not been considered in the comparison and assessment of the results obtained by the political and health authorities of each nation in the struggle against coronavirus. When the figures are positive, a phrase is used in which the word *miracle* is linked to a name *Greek miracle*, *Portuguese miracle*, or *German miracle*. Although here I will deal with these three cases, in the last few days (April 28-29), the *Austrian miracle*, which I dealt with in my previous article, has again come up. Let's start with the *Greek miracle*.

The *New York Times* of April 28 included an article by Iliana Magra (“Greece has defied the odds in the Pandemic”) that showed Greek society interpreting the proclaimed victory against the coronavirus in an epic-patriotic sense. Rather than merely celebrating their achievements in confronting the coronavirus, Greeks have activated a will for national regeneration that – they hope – will act as a powerful spur for the future. Since the genetic factor has not been taken into account by the specialists, the only possible assumption is that the Greek people have managed to defeat the coronavirus against all odds.

In the case of Greece, the low incidence of the disease corresponds – simply inverting the formula expressed at the beginning – to the low frequency of R1b, whose average in the country is 11.5%, even more so when we consider there are areas in Greece where this haplogroup does not even reach 10%. Also, to be taken into account is the high frequency of other haplogroups characteristic of Eastern Europe and the Middle East: J2 (21%), I2 (9.5%) and G (6.5%); Slavic R1a (11.5%); and



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

North Africa, as E1b1b (21%). The variety of haplogroups, their high frequency as well as Greece's remoteness from "R1b Europe" are reason enough for COVID-19 to be less harmful in Greece.

In relation to these data, let me note, again, that "R1b Europe" is initially made up of four nations: Ireland (81%), Spain (69%), Great Britain (67%) and Belgium (61%). To these two more nations should be added, pinpointing certain regions: The first is France, thanks to the extremely high frequency of R1b in the long strip that runs along the Atlantic coast, from the Pyrenees, through Brittany, and reaching up to Normandy (ranging 80%-90%). The second is Italy, specifically Lombardy and the North (where R1b is above 60%). Portugal does not fall into this group because its R1b only reaches 56%, 13 points below neighboring Spain.

Following the formula laid out at the beginning, Portugal, with 2,450 infections per million (all figures as of May 1) maps at some distance from the countries and regions most affected by the coronavirus, Spain being the first. The explanation of the fact, however, differs depending on who interprets the data and the part of Portugal to which we refer: Northern or Southern (in the South, between Lisbon and Faro, COVID-19 has fewer infections). In any case, in Portugal or elsewhere in the world, the genetic factor matters as much as the management of the pandemic itself, and even more so if we take into account the high frequency of the haplogroup E1b1b, which seems to be refractory to COVID-19 and reaches 14% in Portugal. Other apparently virus-resistant haplogroups present in Portugal are J2 (9.5%) and G (6%), both of Eurasian origin. We have already considered the strength of these very haplogroups in Southern Italy and Greece, reflected in the low incidence of COVID-19 there.

Now, let us look at the *German miracle*. The map of COVID-19 in Germany coincides point by point with that of R1b in Eupedia: 36% in the North and the East; 47% in the West, and 48.5% in the South (Wikipedia states that, in Bavaria, R1b reaches 50%). How should we interpret these percentages in contrast to the incidence of the pandemic? In my opinion, they show how unfair it is to confront the efficient and diligent Germans with the clumsy and lazy Spaniards, an injustice to all those courageous people fighting this virus in Spain whose symptoms, according to some unofficial voices, could only be compared to those of a mild flu. In this regard, I would like to invite all of you to notice the results of an experiment that shifts the focus to the German-Polish border.



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

With its 1,960 infections per million and 6,623 deaths, Germany gives an inferiority complex to those nations where R1b is more prevalent. However, if we compare its figures with those of Poland (with 335 infections per million and 644 deaths) everything changes. We should keep in mind that Poland's population is 38.5 million, while Germany's is 81 million. Hence, if the genetic factor were to be excluded, the death toll in Germany should be 1,355, which means that there are actually 5,268 more deaths than a simple calculation of proportionality would expect. That is the result of the sudden decline of R1b in Poland, which cannot surpass 12% R1b. Should we work, then, on a "Polish miracle" or rather stop using the expression?

As we see, the analysis of the incidence of COVID-19 must start from the simple fact that the criteria adopted by each nation are so diverse and unstable as to lose any comparative value. The worst thing is that Genetics is ignored in these and other cases, when it can shed light on the problem and provide a definite solution. Genetics offers an explanation for the difference between Lombardy and Croatia. Although the distance between Milan and Zagreb is 520 km, less than that from Madrid to Seville, between the Italian region and the new country, as well as between both Spanish cities, a true genetic abyss opens up. Both are indeed European, but while the former is properly Western, the other is identified by its own inhabitants as a Slavix country (the white, red and blue colors of the Pan-Slavic flag say it all). It is enough to see that in northern Italy, between Tuscany and the Alps, R1b exceeds 60% in many places. The contrast with Croatia, where R1b reaches only 8.5%, explains the 7,506 new infections in Lombardy versus the 509 cases in Croatia.

Sometimes the thaumaturgy is not expressed by means of one of the so-called "miracles" pointed out, but rather as a feeling of amazement (the root of the word is the same of the classical Greek verb θαυμάζειν, 'to be amazed' or 'to marvel at'). A couple of weeks ago, Irish experts were amazed at the high incidence of COVID-19 in Ireland, "when compared to similar nations." The similarity with other countries – Denmark, Norway, Finland, Slovakia and Croatia – refers only to the number of inhabitants, because in fact that are not similar at all genetically, as shown by the 81% of Rb1 in Ireland and 3.5% in Finland. On the other hand, Ireland, which has shifted between optimism and pessimism, is now facing reality with increasing numbers reaching 4,233 infections per million inhabitants.

Need we elaborate further? We could indeed multiply the number of "miracles" to

icm

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

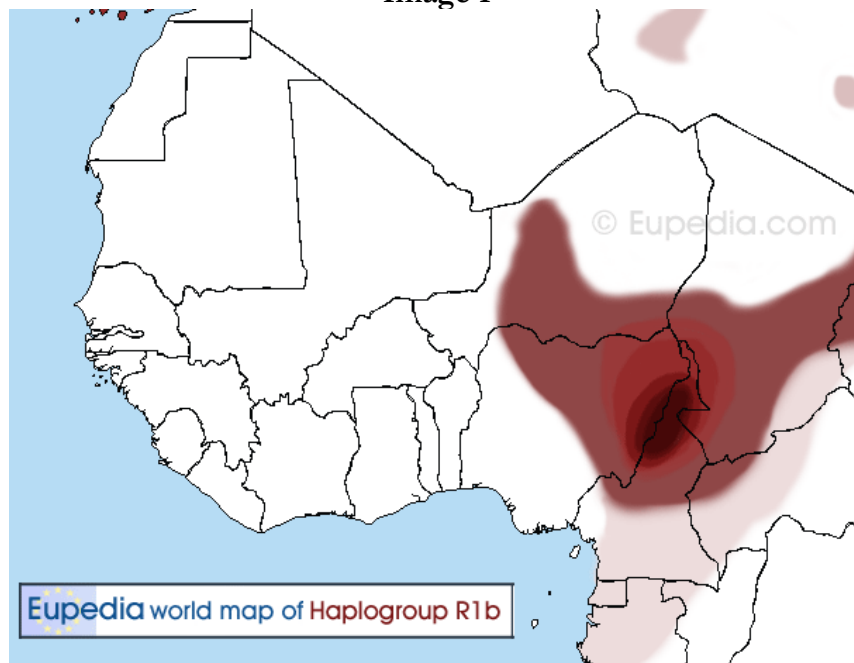
Jan-Jun 2020/ISSN 1676-5818

accommodate cases such as that of Syria, a country that, in a state of complete destruction and in the absence of medicines, food, and drinking water, has only 2.4 infections per million; or that of Mongolia, with 11.5 cases per million (will it account for the effectiveness of Asia, so many times proclaimed in relation to the evolution of the pandemic in South Korea?). In short, overcrowding or lack of prophylaxis has not caused the figures to soar, not even in India, which is at 25.5 cases per million, or Indonesia, which has reached 38 cases per million.

In the very heart of Africa, we can focus on two countries: Nigeria, with almost 200 million inhabitants with a land mass the equivalent to one and a half times Spain's, has only 9 infections per million; and, undoubtedly the most striking case, Zambia, where HIV spread to half of the population, but currently presents only 6 cases per million of COVID-19. There are many more examples that prove the initial formula right, but these will suffice. Finally, to expose the contrast once again, let me recall the terrifying numbers of infections in La Rioja (12,411 per million), Madrid (9,182), and Castilla-La Mancha (7,754). If this review causes a re-assessment of some *idées reçues*, I shall be satisfied.

Addendum (May 5 2020)

Image 1





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

Hausa tribes, distributed throughout Northeastern Nigeria on the shores of the Lake Chad, have very high percentages of R1b. This fact is remarked in [all surveys on Hausa culture](#) and shows up in any Y-DNA R1b haplogroup world map.

In the last weeks, the mass-media have pointed out a sudden and unexpected increase in the mortality rates among Hausas, but nobody risked a reasonable explanation to the tragedy (as sample, we may see a [BBC report](#) on the issue. Yesterday, however, the agencies informed that COVID-19 seems responsible for most deaths, again showing its predilection for R1b haplogroup. In this regard, I call your attention to one of the main headlines in TV News Channel (May 4-2020): “Mass deaths in Kano linked to COVID-19”. We must keep in mind that Kano is the main city in Northern Nigeria and, due to the Chadian war, houses most of the former inhabitants of the Lake Chad area.



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

Coronavirus y Genética: no hay milagro que valga⁴

Ángel GÓMEZ MORENO⁵

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

28 de abril de 2020

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

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

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

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

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

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



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

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

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

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

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



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

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

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

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

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



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

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

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

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



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

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

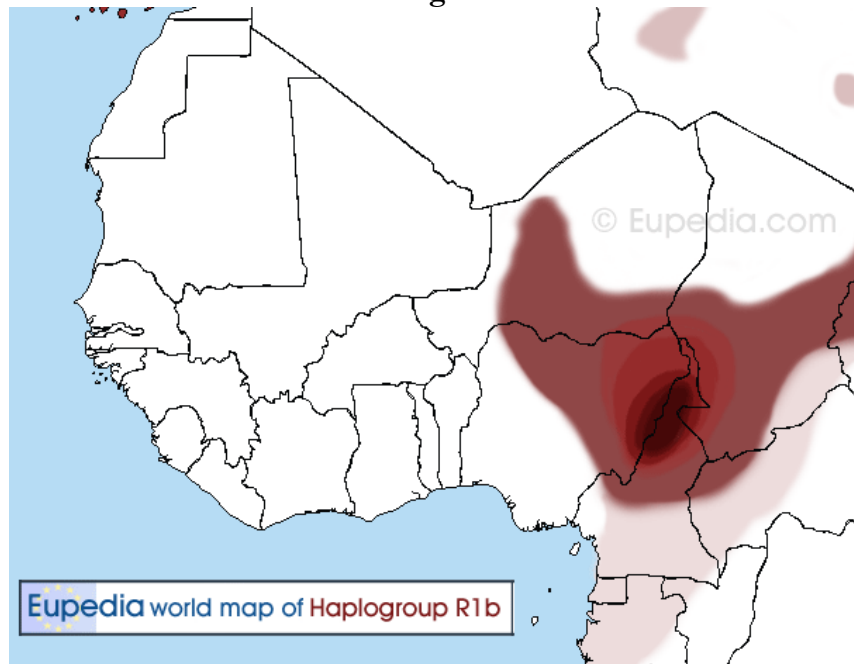
A veces, la taumaturgia no se expresa en forma de milagro sino de puro asombro (hay que recordar que la raíz de la palabra es la misma que encontramos en el verbo griego clásico θαυμάζειν, ‘asombrarse’ o ‘maravillarse’). Pues bien, asombro es lo que causaban en periodistas y expertos de Irlanda las magnitudes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

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

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

Addendum (5 de abril de 2020)

Imagen 1



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

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